

## SEQUENCE LISTING

## SEQ ID NO. 1301: SAG0466 FROM THE 2603V/R GBS STRAIN

CTCCTGCCCCGCAATGGCAGTTAGACCCATAGGTTTATTTTTATATTTTAAATGCCTGCATAAGATGAAGGATATTAATAATTCCT  
 GAGCAGGCATAAGGGTGTCCGTAAAGCTAATGTCCCTCCAAAAATATTTGAATTTTCTCTCTCTCAGGATAATAATGATTAAATAG  
 AGCATCAATCGCTGCAATGGTTCATTCCATTCAATTGCATCATAATCCGATATTTAGTATGAGTTTCTGTTAATAGTTTTTCCG  
 TAGCCGTGTGAACCAATTCTGGACTAAGCTTGGGATCTCCTGCTACTTCTACAAATGTGAACAATCCGGAATTCCTGTTTTCTGACTC  
 TGAAGCGTTAGAAATGCAGCAGCATCGTGCATTAAACAAACATTTCCAATAGTGAGCAAAGGTGAATTTTCCATCAATCTTGGTAA  
 TTTTGA AAAAATGTTtCTTTTaGTTTTCTAACGCCCTTGATCTCGCATCCCTTCCATTGGTAAGATTACyTCTTCTAAATAGCCAC  
 CTTGTTTAGCTGTTAAGGCGCGTTTATGGCTCAAGAATGCCAATTTATCTAACATTTCTCTTCTAAAaCCATATTTTGGACAGACT  
 CTCTGGGCCCCCTTCTAACATTACAGTTTTCAGCATAAGAGTCAGGAGAAAACCTGAGCAACTGTATATTCTCCGTTACGATTATCTTC  
 TTTAGCATAACGTCCTCATAGGTTGAAGAGAACTACTTTCAATCCCCCAACAAGAACTTTTTCATTAATACCGGTACTGATTTTTTA  
 GATAACCAAAAAACAAGGCAGAACTTGATGAAGCACACTGCATATCAATCGTTTGTACTGGAATATAGGATTCAATCAGAAAAA  
 AGAGTCATCAACCGACCAATATTGCCCCAGTACCAACTGTGTGCCCAAAATAATACTATCAATGTTAGATTCTGATTCTATTTT  
 TTTTATTTGATTTAAAGGTGTGCTCCTAAAGTTCTGGACGGTAAGTTTAAATTGCTT

## SEQ ID NO. 1302: SAG0466 FROM THE M732 GBS TYPE III STRAIN

TCGGTATAAAAGGGAAGCAATTTAAACATTACCGTCCAGAACTTTAGGAGCACACCTCTTAAATCAAATAAAAAAATAGAATCA  
 GAATCTAATATTGATAGTATTATTGTGGGAACACAGTTGGTACTGGGGGCAATATTGGTCGTTTGATGACTCTTTTTCTGATTA  
 TGAATCCTATATTTCCAGTACAAACGATTGATATGCAGTGTGCTTCATCAAGTTCTGCCTTGTTTTTGGTTATCTAAAAATCAGTG  
 CCGGTATTAATGAAAAAGTTCTTGTGGGGGGATTGAAAGTAGTTCTCTTCAACCTATGAGACGTTACGCTAAAGAAGATAATCGT  
 AACGGAGAATATACCGTTGCTCAGTTTTCTCCTGACTCTTATGCTGAAACTGTAATGTTAGAAGGGGCACAAAGAGTCTGTCAAAA  
 ATATGGTTTTTAGAAGAGAAATGTTAGATAAATTGGCATTCTTGAGCCATAAACGCGCCTTAACAGCTAAACAAGGTGGCTATTTAG  
 AAGAGGTAATCTTACCAATGGAAGGGATGCGAGATCAAGGCGTTAGAAAACATAAAGAAGCATTTTTTCAAAAATTACCAAGATTG  
 ATGGAAAATTCACCTTTGCTCACTATTGGAAATGTTTGTTTAATGCAGATGCTGCTGCATTTCTAACGCTTCAGAGTCAGAAAAC  
 AGAATTCGGGATTGTTTACATTGTAGAAGTAGCAGGAGATCCCAAGCTTAGTCCAGAATTGGTTTACACGGCTACGGAAAAACTAT  
 TAACAGAACTCATACTAAAATATCGGATTATGATGCAATTGAATGGAATGAACCATTTGCAGCGATTGATGCTTTATTTAATCAT  
 TATTATCCTGAAGAGAGAGAAAAATTCAATATTTTGGAGGGGCATTAGCTTACGGACACCCCTTATGCCTGCTCAGGAATTA

## SEQ ID NO. 1303: SAG0466 FROM THE 090 GBS TYPE Ia STRAIN

TTGTGGGAACACAGTTGGTACTGGGGGCAATATTGGTCGTTTGATGACTCTTTTTCTGATTATGAATCCTATATTTCCAGTACAAA  
 CGATTGATATGCGATGTGCTTCATCAAGTTCTGCCTTGTTTTTGGTTATCTAAAAATCAGTGCCGGTATTAATGAAAAAGTTCTT  
 GTTGGGGGGATTGAAAGTAGTTCTCTTCAACCTATGAGACGTTACGCTAAAGAAGATAATCGTAACGGAGAATATACCGTTGCTCA  
 GTTTTCTCCTGACTCTTAKGCTGAACTGTAATGtTAGAAGGGGCACAAAGAGTCTGTCAAAAATATGGTTTTAGAAGAGAAATGT  
 TAGATAAATTGGCATTCTTGAGCCATAAACGCGCCTTAACAGCTAAACAAGGTGGCTATTTAGAAGAGGTAATCTTACCAATGGAA  
 GGGATCGGAGATCAAGGCGTTAGAAAACATAAAGAAGCATTTTTTCAAAAATTACCAAGATTGATGGrAAATTACCTTTGCTCAC  
 TATTGGAAATGTTTTGTTAATGCACGATGCTGCTGCATTTCTWACGCTTCAGAGTCAGAAAACAGAATTCCGGATTGTTTACATTG  
 TAGAAGTAGCAGGAGATCCCAAGCTTAGTCCAGAATTGGTTTACACGGCTACGGAAAAACTATTAACAGAACTCATACTAAAATA  
 TCGGATTATGATGCAATTGAATGGAATGAACCATTTGCAGCGATTGATGCTTTATTTAATCATTATTATCCTGAAGAGAGAGAAAA  
 ATTCATATTTTTTGGAGGGGCATTAGCTTACGGACACCCCTTATGCCTGCTCAGG

## SEQ ID NO. 1304: SAG0466 FROM THE COH1 GBS TYPE Ia STRAIN

ATCGGTATAAAAGGGAAGCAATTTAAACATTACCGTCCAGAACTTTAGGAGCACACCTCTTAAATCAAATAAAAAAATAGAATCA  
 GAATCTAATATTGATAGTATTATTTGTGGGAACACAGTTGGTACTGGGGGCAATATTGGTCGTTTGATGACTCTTTTTCTGATTA  
 TGAATCCTATATTTCCAGTACAAACGATTGATATGCAGTGTGCTTCATCAAGTTCTGCCTTGTTTTTGGGTATCTAAAA

## SEQ ID NO. 1305 : SAG0466 FROM THE CJB GBS NONTYPEABLE STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)

TTTTCAAAAATTACCAAGATTGATGGAAATTCACCTTTGCTCACTATTGGAAATGTTTGTTTAATGCACGATGCTGCTGCATTTT  
 TAACGCTTCAGAGTCAGAAAACAGAATTCGGGATTGTTTACATTGTAGAAGTAGCAGGAGATCCCAAGCTTAGTCCAGAATTGGTT  
 CACACGGCTACGGAAAACTATTACAGAACTCATACTAAAATATCGGATTATGATGCAATTGAATGGAATGAACCATTTGCAGC  
 GATTGATGCTTTATTTAATCATTATTATCCTGAAGAGAGAGAAAAATTCAATATTTTTTGGAGGGGCATTAGCTTACGGACACCCCT  
 AATGCCTGCTCAGGAATTATTAATATCC

## SEQ ID NO. 1306: sag0466 FROM THE CJB110 GBS NONTYPEABLE STRAIN

GGTATAAAAGGGAAGCAATTTAAACATTACCGTCCAGAACTTTAGGAGCACACCTCTTAAATCAAATAAAAAAATATAACCAGA  
 ATCTAACATTGATAGTATTATTTGTGGGAACACAGTTGGTACTGGGGGCAATATTGGTCGTTTGATGACTCTTTTTCTGATTATG  
 AATCCTATATTC

## SEQ ID NO. 1307: SAG0466 FROM THE 1169NT1 GBS TYPE V STRAIN REVERSE COMPLEMENT

CAAGATTGATGGAAATTCACCTTTGCTCACTATTGGAAATGTTTGTTTAATGCACGATGCTGCTGCATTTCTAACGCTTCAGAGT  
 CAGAAAACAGAATTCGGGATTGTTTACATTGTAGAAGTAGCAGGAGATCCCAAGCTTAGTCCAGAATTGGTTTACACGGCTACGGA  
 AAACTATTACAGAACTCATACTAAAATATCGGATTATGATGCAATTGAATGGAATGAACCATTTGCAGCGATTGATGCTTTAT  
 TTAATCATTATTATCCTGAAGAGAGAGAAAAATTCAATATTTTTTGGAGGGGCATTAGCTTACGGACACCCCTTATGCCTGCTCAGGA  
 ATTATTAATATCCTTCATCTTATGCAGGCATTAAAATATAAAAAATAAACCTATGGGCCTAACTGCCATTGCAGGGGCA

## SEQ ID NO. 1308: SAG0466 FROM THE 18RS21 GBS TYPE II STRAIN

## SEQUENCE LISTING

CCTTAACAGTTAAACAAGGTGGCTATTTAGAAGAGGTAATCTTACCAATGGAAGGGATGCGAGATCAAGGCGTTAGAAAACATAAA  
GAAACATTTTTTCAAAAATTACCAAGATTGATGGAAAATTCACCTTTGCTCACTATTGGAAATGTTTGTAAATGCACGATGCTGC  
TGCATTTCTAACGCTTCAGAGTCAGAAAACAGAATTCGGGATTGTTACATTGTAGAAGTAGCAGGAGATCCCAAGCTTAGTCCAG  
AATTGGTTCACACGGCTACGGAACAACTATTAACAGAACTCATACTAAAATATCGGATTATGATGCAATTGAATGGAATGAACCA  
TTTGACGCGATTGATGCTCTATTTAATCATTATTATCCTGAAGAGAGAGAAAAATTCATATTTTGGAGGGACATTAGCTTACCG  
ACACCTTATGCCTGCTCAGGAATTATTAATATCCTTCATCTTATGCAGGCATTAAAATATAAAAATAAACCTATGGGTCTAACTG  
CCATTGCAGGGGCAG

## SEQ ID NO. 1309: SAG0466 FROM THE 18RS21 GBS TYPE II STRAIN

TCCGTATAAAAGGGAAGCAATTTAAACATTACCGTCCAGAACTTTTAGGAGCACACCTTTTAAATCAAATAAAAAAATAGAATCA  
GAATCTAACATTGATAGTATTATTTGTGGGAACACAGTTGGTACTGGGGGCAATATTGGTCGTTTGATGACTCTTTTTCTGATT  
TGAATCCTATATTCCAGTACAAACGATTGATATGCAGTGTGCTTCATCAAGTTCTGCCTTGTTTTTGGTTATCTAAAAATCAGTA  
CCGGTATTAATGAAAAGTTCTTGTGGGGGATTGAAAGTAGTTCTCTTCAACCTATGAGACGTTATGCTAAAGAAGATAATCGT  
AACGGAAGATATACAGTTGCTCAGTTTCTCCTGACTCTTATGCTGAAACTGTAATGTTAGAAGGGGCCAGAGAGTCTGTCAAAA  
ATATGGTTTTAGAAGAGAAATGTTAGATAAATTGGCATTCTTGAGCCATAAACGCGCCTTAACAGCTAAACA

## SEQ ID NO. 1310: SAG0466 FROM THE H36b GBS TYPE Ib STRAIN

TTTGGGCTACGAACACCTATCGGTATAAAAGGGAAGCAATTTAAACATTACCGTCCAGAACTTTTAGGAGCACACCTTTTAAATCA  
AATAAAAAAATAGAATCAGAATCTAACATTGATAGTATTATTTGTGGGAACACAGTTGGTACTGGGGGCAATATTGGTCGTTTGA  
TGACTCTTTTTCTGATTATGAATCCTATATTTCCAGTACAAACGATTGATATGCAGTGTGCTTCATCAAGTTCTGCCTTGTTTTT  
GGTTATCTAAAAATCAGTACCGGTATTAATGAAAAGTTCTTGTGGGGGATTGAAAGTAGTTCTCTTCAACCTATGAGACGTTA  
TGCTAAAGAAGATAATCGTAACGGAGAATATACAGTTGCTCAGTTTCTCCTGACTCTTATGCTGAAACTGTAATGTTAGAAGGG  
CCC

## SEQ ID NO. 1311: SAG0466 FROM THE H36b GBS TYPE Ib STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)

GAAATTCACCTTTGCTCACTATTGGAAATGTTTGTAAATGCACGATGCTGCTGCATTTCTAACGCTTCAGAGTCAGAAAACAGA  
ATTCGGGATTGTTACATTGTAGAAGTAGCAGGAGATCCCAAGCTTAGTCCAGAATTGGTTCACACGGCTACGGAACAACTATTA  
CAGAACTCATACTAAATATCGGATTATGATGCAATTGAATGGAATGAACCATTTGCAGCGATTGATGCTCTATTTAATCATTAT  
TATCCTGAAGAGAGAGAAAAATTCATATTTTTGGAGGGACATTAGCTTACGGACACCTTATGCCTGCTCAGGAATTATTAATAT  
CCTTCATCTTATGCAGGCATTAAATATAAAAATAAACCTATGGGTCTAACTGCCATTGCAGGGGCAGGA

## SEQ ID NO. 1312: SAG0466 FROM THE M781 GBS TYPE III STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)

CCTTTGCTCACTATTGGAAATGTTTGTAAATGCACGATGCTGCTGCATTTCTAACGCTTCAGAGTCAGAAAACAGAATTCCGGAT  
TGTTACATTGTAGAAGTAGCAGGAGATCCCAAGCTTAGTCCAGAATTGGTTCACACGGCTACGGAACAACTATTAACAGAACTC  
ATACTAAATATCGGATTATGATGCAATTGAATGGAATGAACCATTTGCAGCGATTGATGCTTTATTTAATCATTATTATCCTGAA  
GAGAGAGAAAAATTCATATTTTTGGAGGGGCATTAGCTTACGGACACCTTATGCCTGCTCAGGAATTATTAATATCCTTCATCT  
TATGCAGGCATTAAATATAAAAATAAACCTATGGGTCTAACTGC

## SEQ ID NO. 1313: SAG0466 FROM THE M781 GBS TYPE III STRAIN

GCAATTTAAACATTACCGTCCAGAACTTTTAGGAGCACACCTCTTAAATCAAATAAAAAAATAGAATCAGAATCTAATATTGATA  
GTATTATTTGTGGGAACACAGTTGGTACTGGGGGCAATATTGGTCGTTTGATGACTCTTTTTCTGATTATGAATCCTATATTCCA  
GTACAAACGATTGATATGCAGTGTGCTTCATCAAGTTCTGCCTTGTTTTTGGTTATCTAAAAATCAGTGCCGGTATTAATGAAAA  
AGTTCTTGTGGGGGATTGAAAGTAGTTCTCTTCAACCTATGAGACGTTACGCTAAAGAAGATAATCGTAACGGAGAATATACCG  
TTGCTCAGTTTTCTCCTGACTCTTATGCTGAAACTGTAATGTTAGA

## SEQ ID NO 1314: SAG0466 FROM THE A909 GBS TYPE Ia STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)

CCTTTGCTCACTATTGGAAATGTTTGTAAATGCACGATGCTGCTGCATTTCTAACGCTTCAGAGTCAGAAAACAGAATTCCGGAT  
TGTTACATTGTAGAAGTAGCAGGAGATCCCAAGCTTAGTCCAGAATTGGTTCACACGGCTACGGAACAACTATTAACAGAACTC  
ATACTAAATATCGGATTATGATGCAATTGAATGGAATGAACCATTTGCAGCGATTGATGCTCTATTTAATCATTATTATCCTGAA  
GAGAGAGAAAAATTCATATTTTTGGAGGGACATTAGCTTACGGACACCTTATGCCTGCTCAGGAATTATTAATATCCTTCATCT  
TATGCAGGCATTAAATATAAAAATAAACCTATGGGTCTAACTGCCATTGCAGGGGC

## SEQ ID NO. 1315: SAG0466 FROM THE JM9130013 GBS TYPE VIII STRAIN REVERSE COMPLEMENT

GCTCACTATTGGAAATGTTTGTAAATGCACGATGCTGCTGCATTTCTAACGCTTCAGAGTCAGAAAACAGAATTCCGGATTGTT  
ACATTGTAGAAGTAGCAGGAGATCCCAAGCTTAGTCCAGAATTGGTTCACACGGCTACGGAACAACTATTAACAGAACTCATACT  
AAAATATCGGATTATGATGCAATTGAATGGAATGAACCATTTGCAGCGATTGATGCTCTATTTAATCATTATTATCCTGAAGAGAG  
AGAAAATTCATATTTTTGGAGGGCATTAGCTTACGGACACCTTATGCCTGCTCAGGAATTATTAATATCCTTCATCTTATGC  
AGGCATTAAATATAAAAATAAACCTATGGGTCTAACTGCCATTGCAGGGGCAGGA

## SEQ ID NO. 1316: SAG0466 FROM THE JM9130013 GBS TYPE VIII STRAIN

TTTGGGCTACGAACACCTATCGGTATAAAAGGGAAGCAATTTAAACATTACCGTCCAGAACTTTTAGGAGCACACCTTTTAAATCA  
AATAAAAAAATAGAATCAGAATCTAACATTGATGATTATTTGTGGGAACACAGTTGGTACTGGGGGCAATATTGGTCGTTTGA  
TGACTCTTTTTCTGATTATGAATCCTATATTCCAGTACAAACGATTGATATGCAGTGTGCTTCATCAAGTTCTGCCTTGTTTTT



## SEQUENCE LISTING

GGTTATCTAAAAATCAGTACCGGTATTAATGAAAAAGTTCTTGTGGGGGATTGAAAGTAGTTCTCTTCAACCTATGAGACGTTA  
TGCTAAAGAAGATAATCGTAACGGAGAATATA

## SEQ ID NO. 1401: SAG0471 FROM THE 18RS21 GBS TYPE II STRAIN

TTAAATTTGGTATCTTGACGCTTGAGGGAGAAGTACAAGAAAAATGGGCAATTGAGACCAATACTTTAGAAAAACGGAAGACATATC  
GTTTCTGATATCGTTGAATCTCTCAAACATCGTTTGAGCCTCTATGGATTAACAAAAGATGACTTTCTCGGTATCGGTATGGGTTT  
TCCAGGAGCTGTTGATAGAACTAGTAAAACAGTAACAGGTGCTTTTAATCTAAATTTGGGCTGATACTCAAGAAGTAGGTTCAAGTTA  
TTGAAAAAGAAGTTGGAATTCATTTTATTGATAACGATGCTAATGTTGCAGCACTTGGTGAACGCTGGGTAGGTGCTGGTGCC  
AATAATCCGACGTTGTTTTCGTAACCTCGGAACAGGAGTAGGTGGAGGTGTTATCGCAGATGGTAACCTCATCCATGGTGTTC  
AGGAGCAGGTGGAGAAATTGGGCATATGATTGTTGATCCAGAAAATGGATTTACGTGCACATGTGGTAACAAAGGCTGCCTTGAGA  
CAGTTGCATCAGCGACAGGTGTTGTTAGAGTAGCAGTCAACTCGCAGAACAAATATGAGGGTTCGTCTGCCATTAAAGCAGCGATT  
GACACCGGTGATACTGTTACAAGTAAAGATATTTTTATAGCAGCAGAAGATGGGGATAAATTTGCTAATTTCTGTTGTTGAACGTGT  
ATCACGTTACCTTGGACTGGCAGCAGCTAATATTTCAAATATTTTAAACCCTGATTCTGTGGTTATTGGTGGCGGTGTCTCAGCAG  
CAGGTGAATTTTTACGTAGTCGCGTTGAGAAATACTTTGTACATTGCTTTCCACAAGTTAAAAAGTCAACTAAAATTAAGAT

## SEQ ID NO. 1402: SAG0471 FROM THE 090 GBS TYPE Ia STRAIN

CGTTTCTGATATCGTTGAATCTCTCAAACATCGTTTGAGCCTCTATGGATTAACAAAAGATGACTTTCTCGGTATCGGTATGGGTT  
CTCCAGGAGCTGTTGATAGAACTAGTAAAACAGTAACAGGTGCTTTTAATCTAAATTTGGGCTGATACTCAAGAAGTAGGTTTCGGTT  
ATTGAAAAAGAAGTTGGAATTCATTTTATTGATAACGATGCTAATGTTGCAGCACTTGGTGAACGCTGGGTAGGTGCTGGTGCC  
CAATAATCCCGATGTTGTTTTCGTAACCTCGGAACAGGAGTAGGTGGAGGTGTTATCGCAGATGGTAACCTCATCCATGGTGTTC  
CAGGAGCAGGTGGAGAAATTGGGCATATGATTGTTGATCCAGAAATGGATTTACGTGCACATGTGGTAACAAAGGCTGTCTTGAG  
ACAGTTGCATCAGCGACAGGTGTTGTTAGAGTAGCAGTCAACTCGCAGAACAAATATGAAGGTTTCGTCTGCCATTAAAGCAGCGAT  
TGACAACCGGTGATACTGTTACAAGTAAAGATATTTTTATAGCAGCAGAAGATGGGGATAAATTTGCTAATTTCTGTTGTTGAACGTG  
TATCACGTTACCTTGGACTGGCAGCAGCTAATATTTCAAATATTTTAAACCCTGATTCTGTGGTTATTGGTGGCGGTGTCTCAGCA  
GCAGGTGAATTTTTACGTAGTCGCGTTGAGAAATACTTTGTACATTG

## SEQ ID NO. 1403: SAG0471 FROM THE COH1 GBS TYPE Ia STRAIN

ACAAGAAAAATGGGCAATTGAGACCAATACTTTAGAAAACGGAAGACATATCGTTTCTGATATCGTTGAATCTCTCAAACATCGTT  
TGAGCCTCTATGGATTAACAAAAGATGACTTTCTCGGTATCGGTATGGGTTCTCCAGGAGCTGTTGATAGAACTAGTAAAACAGTA  
ACAGGTGCTTTAATCTAAATTTGGGCTGATACTCAAGA

## SEQ ID NO. 1404: SAG0471 FROM THE CJB110 GBS NONTYPEABLE STRAIN

TTGGTATCTTGACGCTTGAGGAGAAGTACAAGAAAAATGGGCAATTGAGACCAATACTTTAGAAAACGGAAGACATATCGTTTCTG  
ATATCGTTGAATCTCTCAAACATCGTTTGAGCCTCTATGGATTAACAAAAGATGACTTTCTCGGTATCGGTATGGGGTCTCCAGGA  
GCTGTTGATAGAACTAGTAAAC

## SEQ ID NO. 1405: SAG0471 FROM THE CJB110 GBS NONTYPEABLE STRAIN

CACCAGCTAATATTTCAAATATTTTAAACCCTGATTCTGTGGTTATTGGTGGCGGTGTCTCAGCAGCAGGTGAATTTTTACGTAGT  
CGCGTTGAGAAATACTTTGTACATTGCTTTCCACAAGTTAAAAAGTCAACTA

## SEQ ID NO. 1406: SAG0471 FROM THE 2603V/R GBS TYPE V STRAIN

GGGCAATTGAGACCAATACTTTAGAAAACGGAAGACATATCGTTTCTGATATCGTTGAATCTCTCAAACATCGTTTGAGCCTCTAT  
GGATTAACAAAAGATGACTTTCTCGGTATCGGTATGGGTTCTCCAGGAGCTG

## SEQ ID NO. 1407: SAG0471 FROM THE H36b GBS TYPE Ib STRAIN

GGCAATTGAGACCAATACTTTAGAAAACGGAAGACATATCGTTTCTGATATCGTTGAATCTCTCAAACATCGTTTGAGCCTCTATG  
GATTAACAAAAGATGACTTTCTCGGTATCGGTATGGGTTCTCCAGGAGCTGTTGATAGAACTAGTAAAACAGTAACAGGTGCTTTT  
AATCTAAATTTGGGCTGATACTCAAGAAGTAGGTTCAAGTTATTTAGCAGCAGAAGATGGGGATAAATTTGCTAATTTCTGTTGTTGAAC  
TGTTGCAGCACTTGGTGAACGCTGGGTAGGTGCTGGTGCCAATAATCCGACGTTGTTTTCGTAACC

## SEQ ID NO. 1408: SAG0471 FROM THE H36 GBS TYPE Ib STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)

GAGACAGTTGCATCAGCGACAGGTGTTGTTAGAGTAGCAGTCAACTCGCAGAACAAATATGAGGGTTCGTCTGCCATTAAAGCAGC  
GATTGACAACGGTGATACTGTTACAAGTAAAGATATTTTTATAGCAGCAGAAGATGGGGATAAATTTGCTAATTTCTGTTGTTGAAC  
GTGTATCACGTTACCTTGGACTGGCAGCAGCTAATATTTCAAATATTTTAAACCCTGATTCTGTGGTTATTGGTGGCGGTGTCTCA  
GCAGCAGGTGAATTTTTACGTAGTCGCGTTGAGAAATACTTTGTACATTGCTTTCCACA

## SEQ ID NO. 1409: SAG0471 FROM THE M732 GBS TYPE III STRAIN

ACAAGAAAAATGGGCAATTGAGACCAATACTTTAGAAAACGGAAGACATATCGTTTCTGATATCGTTGAATCTCTCAAACATCGTTT  
AGCCTCTATGGATTAACAAAAGATGACTTTCTCGGTATCGGTATGGGTTCTCCAGGAGCTGTTGATAGAACTAGTAAAACAGTAAC  
AGGTGCTTTTAAATCTAAATTTGGGCTGATACTCAAGAAGTAGGTTGCGTTATTTGAAAAAGAAGTTGGAATTCATTTTTTATTGATA  
ACGATGCTAATGTTGCAGCACTTGGTGAACGCTGGGTAGGTGCTGGTGCCAATAATCCCGATGTTGTTTTCGTAACCTCGGAACA  
GGAGTAGGTGGAGGTGTTATCGCAGATGGTAACCTCATCCATGGTGTGCAAGAGCAGGTGGAGAAATTGGGCATATGATT

## SEQ ID NO. 1410: SAG0471 FROM THE M732 GBS TYPE III STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)

## SEQUENCE LISTING

CAGCAGCAGGTGAATTTTTACGTAGTCGCGTTGAGAAATACTTTGTCACATTTGCTTTCCACAAGTTAAAAAGTCAACTAAAATT  
AAGATTGCTGAAC TAGGTAATGAT

**SEQ ID NO. 1411: SAG0471 FROM THE M781 GBS TYPE III STRAIN**

AGAAGTACAAGAAAATGGGCAATTGAGACCATACTTAGAAAACGGAAGACATATCGTTTCTGATATCGTTGAATCTCTCAAACATC  
GTTTGAGCCTCTATGGATTAACAAAAGATGACTTTCTCGGTATCGGTATGGGTTCTCCAGGAGCTGTTGATAGAAGTAAACAA  
GTAACAGGTGCTTTTAACTAAATTTGGGCTGATACTCAAGAAGTAGGTTCTGGTTATTGAAAAAGAAGTTGGAATCCATTTTTAT  
TGATAACGATGCTAATGTTGCAGCACTTGGTGAACGCTGGGTAGGTGCTGGTGCCAAATATCCCGATGTTGTTTTCGTAACCCCTCG  
GAACAGGAGTA

**SEQ ID NO. 1412: SAG0471 FROM THE M781 GBS TYPE III STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)**

GATACTGTTACAAGTAAAGATATTTTTATAGCAGCAGAAGATGGGGATAAATTTGCTAATTTCTGTTGTTGAACGTGTATCACGTTA  
CCTTGGACTGGCAGCAGCTAATATTTCAAATATTTTAAACCCGTATTCTGTGGTTATTGGTGGCGGTGTCTCAGCAGCAGGTGAAT  
TTTTACGTAGTCGCGTTGAGAAATACTTTGTCACATTTGCTTTCCACAAGTTAAAA

**SEQ ID NO. 1413: SAG0471 FROM THE 090 GBS TYPE Ia STRAIN**

AAATTTGGTATCTTGACGCTTGAGGGAGAAGTACAAGAAAATGGGCATTGAGACCATACTTAGAAAACGGAAGACATATCGTTTC  
TGATATCGTTGAATCTCTCAAACATCGTTTGAGCCTCTATGGATTAACAAAAGATGACTTTCTCGGTATCGGTATGGGTTCTCCAG  
GAGCTGTTGATAGAAGTAAACAGTAACAGGTGCTTTTAACTAAATTTGGGCTGATACTCAAGAAGTAGGTTCAAGTTATTGAA  
AAAGAAGTTGGAATCCATTTTTATTGATAACGATGCTAATGTTGCAGCACTTGGTGAACGCTGGGTAGGTGCTGGTGCCAAATA  
TCCCAGCGTTGTTTTCGTAACCCCTCGGAACAGGAGTAGGTGGAGG

**SEQ ID NO. 1414: SAG0471 FROM THE 090 GBS TYPE Ia STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)**

GTGATACTGTTACAAGTAAAGATATTTTTATAGCAGCAGAAGATGGGGATAAATTTGCTAATTTCTGTTGTTGAACGTGTATCACGT  
TACCTTGGACTGGCAGCAGCTAATATTTCAAATATTTTAAACCCGTATTCTGTGGTTATTGGTGGCGGTGTCTCAGCAGCAGGTGA  
ATTTTACGTAGTCGCGTTGAGAAATACTTTATCACATTTGCTTTCCACAAGTTAAAAAGTCAACTAAAATTAAGATTG

**SEQ ID NO. 1415: SAG0471 FROM THE JM9130013 GBS TYPE VIII STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)**

GTTATCGCAGATGGTAACCTCATCCATGGTGTGTCAGGAGCAGGTGGAGAAATGGGCATATGATTGTTGATCCAGAAAATGGATT  
TACGTGCACATGTGGTAACAAAAGGCTGCCTTGAGACAGTTGCATCAGCGACAGGTGTTGTTAGAGTAGCACGTCAACTCGCAGAAC  
AATATGAGGGTTCGTCTGCCATTAAAGCAGCGATTGACCACGGTGATACTGTTACAAGTAAAGATATTTTTATAGCAGCAGAAGAT  
GGGGATAAATTTGCTAATTTCTGTTGTTGAACGTGTATCACGTTACCTTGGACTGGCAGCAGCTAATATTTCAAATATTTTAAACCC  
TGATTCTGTGGTTATTGGTGGCGGTGTCTCAGCAGCAGGTGAATTTTACGTAGTCGCGTTGAGAAATACTTTGTCACATTTGCTT  
TCCCACAAGTTAAAAAGTCAACTAA

**SEQ ID NO. 1416: SAG0471 FROM THE JM9130013 GBS TYPE VIII STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)**

TGGTATCTTGACGCTTGAGGGAGAAGTACAAGAAAATGGGCAATTGAGACCATACTTAGAAAACGGAAGACATATCGTTTCTGAT  
ATCGTTGAATCTCTCAAACATCGTTTGAGCCTCTATGGATTAACAAAAGATGACTTTCTCGGTATCGGTATGGGTTCTCCAGGAGC  
TGTTGATAGAAGTAAACAGTCACAGGTGCTTTTAACTAAATTTGGGCTGATACTCAAGAAGTAGGTTCAAGTTATTGAAAAAG  
AAGCTGGAATTCATTTTTTATTG

**SEQ ID NO. 1417: SAG0471 FROM THE 2603V/R TYPE V GBS STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)**

AGCAGCTAATATTTCAAATATTTTAAACCCGTATTCTGTGGTTATTGGTGGCGGTGTCTCAGCAGCAGGTGAATTTTTACGTAGTC  
GCGTTGAGAAATACTTTGTCACATTTGTTTTCCACAAGGT

**SEQ ID NO. 1501: SAG0492 FROM THE 1169NT1 GBS NONTYPEABLE STRAIN**

TGACTTGGATATTCATCAAGGAGAAGTGGTGGTTATTATTGGCCCTTCTGGCTCTGGTAAAGTCAACATTTTAAAGAACAATGAATC  
TCTTGGAAAGTACCAACAAAGGGAACAGTGACTTTTGAAGGAATTGATATAACAGACAAAAAATGATATTTTTAAATGCGCGAA  
AAAATGGGCGATGGTTTTTCAACAGTTCAATCTATTTCCTAATATGACTGTACTAGAAAATATTACTTTATCACCTATTAAGACAAA  
GGGACTTTTCTAAGCTTGATGCTCAGACAAAAGCATACGAGCTACTTGAAAAGTTGGACTCAAAGAGAAGGCTAATGCTTATCCAG  
CTAGCTTATCTGGAGGACAACAACAGGATTGCTATTGCAAGAGGTCTTGCAATGAATCCTGATGTCCTTCTTTTGGATGAACCT  
ACTTCAGCTCTTGATCCTGAAATGGTAGGTGAAGTCTTGACTGTTATGCAAGATTTAGCTAAATCTGGTATGACGATGGTTATTGT  
CACTCATGAATGGGTTTTGCACGTGAAGTAGCGGATCGTGTCATTTTTATGGATGCAGGCATTATTGTGAGCAAGGGACCCCTAA  
GGAAGTAT

**SEQ ID NO. 1502: SAG0492 FROM THE 18RS21 GBS TYPE II STRAIN**

TTGGGAAAAATGAGGTTTTTAAAGGCATTGACTTGGATATTCATCAAGGAGAAGTAGTGGTTATTATTGGCCCTTCTGGCTCTGGT  
AAGTCAACATTTTAAAGAACAATGAATCTCTTGGAAGTACCAACAAAGGGAACAGTGACTTTTGAAGGGATTGATATAACAGACAA  
AAAGAATGATATTTTTAAATGCGCGAAAAAATGGGCATGGTTTTTCAACAGTTCAATCTATTTCCTAATATGACTGTACTAGAAA  
ATATTACTTTATCACCTATTAAGACAAAGGGGCTTTCTAATCTTGATGCTCAGACAAAAGCATATGAGCTACTTGAAAAAGTTGGA  
CTCAAAGAGAAGGCTAATACTTATCCAGCTAGCTTATCTGGAGGACAACAACGAATTGCTATTGCAAGAGGTCTTGCAATGAA  
TCCTCATGTCCTTCTTTTGGATGAACCTACTCTGGATGAAATGGTAGGTGAAGTCTTGACTGTTATGCAAGATTTAG  
CTAAATCTGGTATGACGATGGTTATTGTCACTCATGAAATGGGTTTTGCACGTGAAGTAGCGGATCGTGTCATTTTTATGGACGCA  
GAAATTAT

## SEQUENCE LISTING

## SEQ ID NO. 1503: SAG0492 FROM THE 2603V/R GBS TYPE V STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)

AAAAATGAGGTTTTAAAGGCATTGACTTGGATATTCATCAAGGAGAAGTAGTGGTTATTATTGGCCCTTCTGGCTCTGGTAAGTC  
AACATTTTTTAAGAACAATGAATCTCTTGAAGTACCAACAAAGGGAACAGTGACTTTTGAAGGGATTGATATAACAGACAAAAGA  
ATGATATTTTTTAAATGCGCGAAAAAATGGGCATGGTTTTTCAACAGTTCAATCTATTTCCCAATATGACTGTACTAGAAAATATT  
ACTTTATCACCTATTAAGACAAAGGGGCTTTCTAATCTTGATGCTCAGACAAAAGCATATGAGCTACTTGAAAAAGTTGGACTCAA  
AGAGAAGGCTAATACTTATCCAGCTAGCTTATCTGGAGGACAACAACGAATTGCTATTGCAAGAGGCTTGCAATGAATCCTG  
ATGTCCTTCTTTTGATGAACCTACTTCAGCTCTTGATCCTGAAATGGTAGGTGAAGTCTTGACTGTTATGCAAGATTTAGCTAAA  
TCTGGTATGACGATGGTTATTGTCACTCATGAAATGGGTTTTGCACGTGAAGTAGCGGATCGTGTCATTTTTATGGATGCAGGAAT  
TATTGTTGAGCAAGGGGCC

## SEQ ID NO. 1504: SAG0492 FROM THE M781 GBS TYPE III STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)

GAGGTTTTAAAGGCATTGACTTGGATATTCATCAAGGAGAAGTGGTGGTTATTATTGGCCCTTCTGGCTCTGGTAAGTCAACATT  
TTTAAGAACAATGAATCTCTTGAAGTACCAACAAAGGGAACAGTGACTTTTGAAGGGATTGATATAACAGACAAAAGAATGATA  
TTTTTAAATGCGCGAAAAAATGGGCATGGTTTTTCAACAGTTCAATCTATTTCCCAATATGACTGTACTAGAAAATATTACTTTA  
TCACCTATTAAGACAAAGGGACTTTCTAAGCTTGATGCTCAGACAAAAGCATACGAGCTACTTGAAAAAGTTGGACTCAAAGAGAA  
GGCTAATGCTTATCCAGCAAGCTTATCTGGAGGACAACAACGAGATTGCTATTGCAAGAGGCTTGCAATGAATCCTGATGTCC  
TTCTTTTGTATGAACCTACTTCAGCTCTTGATCCTGAAATGGTAGGTGAAGTCTTGACTGTTATGCAAGATTTAGCTAAATCTGGT  
ATGACGATGGTTATTGTCACTCATGAAATGGGTTTTGCACGTGAAGTAGCGGATCGTGTCATTTTTATGGATGCAGGATTATTGT  
TGAGCAAGGGACCCCTAAGAAAGTAT

## SEQ ID NO. 1505: SAG0492 FROM THE 090 GBS TYPE Ia STRAIN

TGGTGGTTATTATTGGCCCTTCTGGCTCTGGTAAGTCAACATTTTTAAGAACAATGAATCTCTTGAAGTACCAACAAAGGGAACA  
GTGACTTTTGAAGGGATTGATATAACAGACAAAAGAATGATATTTTTAATGCGCGAAAAAATGGGCATGGTTTTTCAACAGTT  
CAATCTATTTCCCAATATGACTGTACTAGAAAATATTACTTTATCACCTATTAAGACAAAGGGACTTTCTAAGCTTGATGCTCAGA  
CAAAAGCATACGAGCTACTTGAAAAAGTTGGACTCAAAGAGAAGGCTAATGCTTATCCAGCTAGCTTATCTGGAGGGCAACAACA  
CGAATTGCTATTGCAAGAGGCTTGCAATGAATCCTGATGTCTTCTTTTGTATGAACCTACTTCAGCTCTTGATCCTGAAATGGT  
AGGTGAAGTCTTGACTGTTATGCAAGATTTAGCTAAATCTGGTATGACGATGGTTATTGTCACTCATGAAATGGGTTTTGCACGTG  
AAGTAGCGGATCGTGTCATTTTTATGGATGCAGGATTATTGTTgAsCAAGGGACCCCTAAGGAAGTA

## SEQ ID NO. 1506: SAG0492 FROM THE A909 GBS TYPE Ia STRAIN

CAATACAAGGACTTCATAAAAGTTTTGGGAAAAATGAGGTTTTAAAGGCATTGACTTGGATATTCATCAAGGAGAAGTAGTGGTT  
ATTATTGGCCCTTCTGGCTCTGGTAAGTCAACATTTTTAAGAACAATGAATCTCTTGAAGTACCAACAAAGGGAACAGTGACTTT  
TGAAGGGATTGATATAACAGACAAAAGAATGATATTTTTAATGCGCGAAAAAATGGGCATGGTTTTTCAACAGTTCAATCTAT  
TTCCCAATATGACTGTACTAGAAAATATTACTTTATCACCTATTAAGACAAAGGGGCTTTCTAAGCTTGATGCTCAGACAAAAGCA  
TATGAGCTACTTGAAAAAGTTGGACTCAAAGAGAAGGCTAATACTTATCCAGCTAGCTTATCTGGAGGACAACAACAACGAATTGC  
TATTGCAAGAGGCTTGCAATGAATCCTGATGTCTTCTTTTGTATGAACCTACTTCAGCTCTTGATCCTGAAATGGTAGGTGAAG  
TCTTGACTGTTATGCAAGATTTAGCTAAATCTGGTATGACGATGGTTATTGTCACTCATGAAATGGGTTTTGCACGTGAAGTAGCG  
GATCGTGTCATTTTTATGGATGCAGGAATTATTGTgAGCAAGGGGCCCTAAGGAAGTATTTGAGCAGACAAAAGAATCCGCACA  
AGAGATTTCTT

## SEQ ID NO. 1507: SAG0492 FROM THE CJB110 GBS NONTYPEABLE STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)

GACTTGGATATTCATCAAGGAGAAGTGGTGGTTATTATTGGCCCTTCTGGCTCTGGTAAGTCAACATTTTTAAGAACAATGAATCT  
CTTGGAAGTACCAACAAAGGGAACAGTGACTTTTGAAGGGATTGATATAACAGACAAAAGAATGATATTTTTAATGCGCGAAA  
AAATGGGCATGGTTTTTCAACAGTTCAATCTATTTCCCAATATGACTGTACTAGAAAATATTACTTTATCACCTATTAAGACAAAG  
GGACTTTCTAAGCTTGATGCTCAGACAAAAGCATACGAGCTACTTGAAAAAGTTGGACTCAAAGAGAAGGCTAATGCTTATCCAGC  
TAGCTTATCTGGAGGACAACAACAACGAATTGCTATTGCAAGAGGCTTGCAATGAATCCTGATGTCTTCTTTTGTATGAACCTA  
CTTCAGCTCTTGATCCTGAAATGGTAGGTGAAGTCTTGACTGTTATGCAAGATTTAGCTAAATCTGGTATGACGATGGTTATTGTG  
ACTCATGAAATGGGTTTTGCACGTGAAGTAGCGGATCGTGCTTTTTATGGATGCGGGAATTATTGTGAGCAAGGGACC

## SEQ ID NO. 1508: SAG0492 FROM THE H36b GBS TYPE Ib STRAIN

ATGAGGTTTTAAAGGCATTGACTTGGATATTCATCAAGGAGAAGTAGTGGTTATTATTGGCCCTTCTGGCTCTGGTAAGTCAACA  
TTTTTAAGAACAAATGAATCTCTTGAAGTACCAACAAAGGGAACAGTGACTTTTGAAGGGATTGATATAACAGACAAAAGAATGA  
TATTTTTTAAATGCGCGAAAAAATGGGCATGGTTTTTCAACAGTTCAATCTATTTCCCAATATGACTGTACTAGAAAATATTACTT  
TATCACCTATTAAGACAAAGGGGCTTTCTAAGCTTGATGCTCAGACAAAAGCATATGAGCTACTTGAAAAAGTTGGACTCAAAGAG  
AAGGCTAATACTTATCCAGCTAGCTTATCTGGAGGACAACAACAACGAATTGCTATTGCAAGAGGCTTGCAATGAATCCTGATGT  
CCTTCTTTTGTATGAACCTACTTCAGCTCTTGATCCTGAAATGGTAGGTGAAGTCTTGACTGTTATGCAAGATTTAGCTAAATCTG  
GTATGACGATGGTTATTGTCACTCATGAAATGGGTTTTGCACGTGAAGTAGCGGATCGTGTCATTTTTATGGATGCASGAATTATT  
GTTGAGCAAGGGGCCCTAAGGAAGTAT

## SEQ ID NO. 1509: SAG0492 FROM THE JM9130013 GBS TYPE VIII STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)

GGTTTTAAAGGCATTGACTTGGATATTCATCAAGGAGAAGTAGTGGTTATTATTGGCCCTTCTGGCTCTGGTAAGTCAACATTTT  
TAAGAACAATGAATCTCTTGAAGTACCAACAAAGGGAACAGTGACTTTTGAAGGGATTGATATAACAGACAAAAGAATGATATT  
TTTTAATGCGCGAAAAAATGGGCATGGTTTTTCAACAGTTCAATCTATTTCCCAATATGACTGTACTAGAAAATATTACTTTATC

## SEQUENCE LISTING

ACCTATTAAGACAAAGGGGCTTTCTAAGCTTGATGCTCAGACAAAAGCATATGAGCTACTTGAAAAAGTTGGAAGTCAAAGAGAAGG  
CTAATACTTATCCAGCTAGCTTATCTGGAGGACAACAACGAATTGCTATTGCAAGAGGTCTTGCAATGAATCCTGATGTCCTT  
CTTTTTGATGAACCTACTTCAGCTCTTGATCCTGAAATGGTAGGTGAAGTCTTGACTGTTATGCAAGATTTAGCTAAATCTGGTAT  
GACGATGGTATTGTCACTCATGAAATGGGTTTTGCACGTGAAGTAGCGGATCGTGTCAATTTTTATGGATGCAGGAATTATTGTTG  
AGCAAGGGGCCCTAAGGAAGTATTTAGCAAAAACAAAGAAAT

## SEQ ID NO. 1510: SAG0492 FROM THE M732 GBS TYPE III STRAIN

GGTGGTTATTATTGGCCCTTCTGGCTCTGGTAAGTCAACATTTTTAAGAACAATGAATCTCTTGGAAGTACCAACAAAGGGAAACAG  
TGACTTTTGAAGGGATTGATATAACAGACAAAAGAATGATATTTTTAAATGCGCGAAAAATGGGCATGGTTTTTCAACAGTTC  
AATCTATTTCCCAATATGACTGTACTAGAAAATATTACTTTATCACCTATTAAGACAAAGGGACTTTCTAAGCTTGATGCTCAGAC  
AAAAGCATACGAGCTACTTGAAAAAGTTGGACTCAAAGAGAAGGCTAATGCTTATCCAGCAAGCTTATCTGG

## SEQ ID NO. 1511: SAG0492 FROM THE COH1 GBS TYPE Ia STRAIN

ATTGACTTGGATATTCATCAAGGAGAAGTGGTGGTTATTATTGGCCCTTCTGGCTCTGGTAAGTCAACATTTTTAAGAACAATGAA  
TCTCTTGGAAGTACCAACAAAGGGAAACAGTGACTTTTGAAGGGATTGATATAACAGACAAAAGAATGATATTTTTAAATGCGCG  
AAAAAATGGGCATGGTTTTTCAACAGTTCATCTATTTCCCAATATGACTGTACTAGAAAATATTACTTTATCACCTATTAAGACA  
AAGGGACTTTCTAAGCTTGATGCTCAGACAAAAGCATACGAGCTACTTGAAAAAGTTGGACTCAAAGAGAAGGCTAATGCTTATCC  
AGCAAGCTTATCTGG

## SEQ ID NO. 1601: SAG0767 FROM THE M781 GBS TYPE III STRAIN

TGGTCGCTCTGTCGGAACGTGAAGTATCTGTACTGTCTGCAGAAAGCGTCATGCGTGCCTATTAATTATGATAAATTTTTGTAA  
ACTTATTTTATCACGCAAGTAGGTCAATTTATTAACACAAGAATTTGATGAAATGCCATCTTCAGATGAAAAGTTAATGACAAA  
CCAACTGTTGATTTAGACAAAATGGTTCGTCGAAGTGATATCTATGATGATAATGCAATTGTTTTCCCGTTTTACATGGACCAA  
TGGGGGAAGATGGTCTATCCAAGGATTTTGAAGTTTAAAGGATGCCTTATGTTGGGACTAATATTCTATCTTCAAGCGTGGCT  
ATGGATAAAATTACAACAAAACAAGTCCTTGCAACAGTAGGTGTACCTCAGGTTGCATATCAAACCTATTTTGAAGGTGATGATT  
GGAACATGCGATTAACTCTCTTTAGAACTTTAAGTTTCCCAATTTTGTAAAACCGGCTAATATGGGGTCATCAGTAGGTATTT  
CAAAAGCGACAGATGAATCCTCACTTCGCTCTGCAATTGACTTAGCTCTCAAGTATGATAGCCGATTTTTGATTGAACAAGGCGTG  
ACAGCTCGTGAATTTGAAGTAGGTATTTTAGGCAATAATGATGTTAAGACAACCTTTTCCGCGGAAGTTGTTAAAGACGTCGATTT  
CTATGACTATGACGCCAAATATATTGATAATAAAATTACTATGGATATTCAGCTAAAGTTGATGAAGCAACTATGGAAGCAATGC  
GTCAATATGCAAGTAAAGCTTTTAAAGCAATCGGGGCTTGGTTTATCACGCTGTGATTCTTTTTGACGAAAGATGGACAAATC  
TTCTTAAACGAACTGAATACAATGCCCGGTTTTACTCAGTGGTCAATGTATCCTCTGCTTTGGGAAAATATGGGGCTAACTTATAG  
TGATTTGATTG

## SEQ ID NO. 1602: SAG0767 FROM THE 090 GBS TYPE Ia STRAIN

AAACCGGGCATTGTATTCAAGTTCGTTTAAAGAGACTTGTCATCTTTTCGTCAAAAAGAAATCACAGCGTGATAAACACAAAGCCCC  
GATTGCTTTAAAGCTTTACTTGCATATTGACGCATTGCTTCCATAGTTGCTTCATCAACTTTAGCTGGAATATCCATAGTAATTT  
TATTATCAATATATTTGGCGTCATAGTCATAGAAATCGACGCTCTTTAACGACTTCGCCAGGAAAAGTTGCTTAACATCATATTG  
CCTAAATACCTACTTCAATTTACGAGCTGTCACGCCTTGTTCATCAAAATACGGCTATCATACTTGAGAGCTAAGTCAATksC  
AGAGCGAAGTGAGGATTCATCTGTGCTTTTGAATACCTACTGATGACCCCATATTAGCCGGTTTTACAAAATTGGGAACTTA  
AAGTTTCTAAAGAGAGTTTAAATCGCATGTTCCAAATCATCACCCCTCAAAATAAGTTTGATATGCAACCTGAGGTACACCTACTGT  
GCAAGGACTTGTGTTTGTGTAATTTTATCCATAGCCACGCTGAAGATAGAATATTAGTCCCAACATAAGGCATCCTTAAACTTC  
TAAAAATCCTTGGATAGAACCATCTTCCCCCATTTGGTCCATGTAAACGGGGAAAACAATTGCATTATCATCATAGATATCACTTG  
GACGAACCATTTTGTCTAAATCAACAGTTTGGTTTGTCTTAATCTTTTCACTCTGAAGATGGCATTTCATCAAATTTCTGTGTTTTA  
ATAAATTGACCTACTTGCGTG

## SEQ ID NO. 1603: SAG0767 FROM THE COH1 TYPE Ia STRAIN

TCGCTCTGCGGAACGTGAAGTATCTGTACTGTCTGCAGAAAGCGTCATGCGTGCTATTAATTATGATAAATTTTTGTAAAACTT  
ATTTTATCAGCAAGTAGGTCAATTTATTAACACAAGAATTTGATGAAATGCCATCTTCAGATGAAAAGTTAATGACAAACCAA  
ACTGTTGATTAGACAAAATGGTTCGTCGAAGTGATATCTATGATGATAATGCAATTGTTTTCCCGTTTTACATGGACCAATGGG  
GGAAGATGTTCTATCCAAGATTTTTAGAAAGTTTAAAGGATGCCTTATGTTGGGACTAATATTCTATCTTCAAGCGTGGCTAT

## SEQ ID NO. 1604: SAG0767 FROM THE CJB110 GBS NONTYPEABLE STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)

CGTCGATTTCTATGACTATGACGCCAAATATATTGATAATAAAATTACTATGGATATTCCAGCTAAAGTTGATGAAGCAACTATGG  
AAGCAATGCGTCAATATGCAAGTAAAGCTTTTAAAGCAATCGGGGCTTGTGGTTTATCACGCTGTGATTTCTTTTTGACGAAAGAT  
GGACAAATCTTCTTAAACGAACTGAATACAATGCC

## SEQ ID NO. 1605: SAG0767 FROM THE CJB110 GBS NONTYPEABLE STRAIN

AACGTGAAGTATCTGTACTGCTCTGCAGAAAAGCGTCATGCGTGCTATTAATTATGATAAATTTTTGTAAAACTTATTTTATCA  
CGCAAGTAGGTCAATTTATTAACACAAGAATTTGATGAAATGCCATCTTCAGATGAAAA

## SEQ ID NO. 1606: SAG0767 FROM THE 1169NT1 GBS TYPE V STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)

CTAATATGGGTCATCAGTAGGTATTTCAAAAGCGCAGATGAATCCTCACTTCGCTCTGCAATTGACTTAGCTCTCAAGTATGAT  
AGCCGTATTTTATTGAACAAGGCGTGACAGCTCGTGAATTTGAAGTAGGTATTTAGGCAATAATGATGTTAAGACAACCTTTCC  
TGCGGAAGTCGTTAAAGACGTCGATTTCTATGACTATGACGCCAAATATATTGATAATAAAATTACTATGGATATTCCAGCTAAAG

## SEQUENCE LISTING

TTGATGAAGCAACTATGGAAGCAATGCGTCAATATGCAAGTAAAGCTTTTAAAGCAATCGGGGCTTGTGGTTTATCAGCTGTGAT  
TTCTTTTGGACGAAAGATGGACAAATCTTCTTAAACGAACTGAATACAATGCCCGGTTTTACTCAGTGGTCAATGTATCCTCTGCT  
TTGGGAAAAT

**SEQ ID NO. 1607: SAG0767 FROM THE 18RS21 GBS TYPE II STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)**  
TTGACTTAGCTCTCAAGTATGATAGCGTATTTTGATTGAACAAGGCGTGACAGCTCGTGAATTTGAAGTAGGTATTTAGGCAAT  
AATGATGTTAAGACAACCTTTTCTGGCGAAGTCGTTAAAGACGTCGATTTCTATGACTATGACGCCAAATATATTGATAATAAAAT  
TACTATGGATATTCAGCTAAAGTTGATGAAGCAACTATGGAAGCAATGCGTCAATATGCAAGTAAAGCTTTTAAAGCAATCGGGG  
CTTGTGGTTTATCAGCTGTGATTTCTTTTACGAAAGATGGACAAATCTTCTTAAACGAACTGAATACAATGCCCGGTTTTACT  
CAGTGGTCAATGTATCCCCTGCTTTGGGAAAAGTATGGGGCTAACCTT

**SEQ ID NO. 1608: SAG0767 FROM THE 18RS21 GBS TYPE II STRAIN**  
ATCTGTACTGTCTGCAGAAAAGCGTCATGCGTGCTATTAATTATGATAAATTTTTGTTAAACTTATTTTATCAGCAAGTAGGT  
CAATTTATTAAACACAAGAATTTGATGAAATGCCATCTTCAGATGAAAAGTTAATGACAAACCAACTGTTGATTTAGACAAAAT  
GGTTCGTCCAAGTGATATCTATGATGATAATGCAATTGTTTTCCCGTTTTACATGGACCAATGGGGGAAGATGGTTCTATCCAAG  
GATTTTAGAAGTTTAAAGGATGCCTTATGTTGGGACTAATATTCTATCTTCAA

**SEQ ID NO. 1609: SAG0767 FROM THE 2603V/R GBS TYPE V STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)**  
GGCTATGGATAAAATTACAACAAAACAGTCCTTGCAACAGTAGGTGTACCTCAGGTTGCATATCAAACCTTATTTTGAAGGGTGTATG  
ATTTGGAACATGCGATTAAACTCTCTTTAGAACTTTAAGTTTCCCAATTTTTGTAAAACCGGCTAATATGGGGTCATCAGTAGGT  
ATTTCAAAGCGACAGATGAATCCTCACTTCGCTCTGCAATTGACTTAGCTCTCAAGTATGATAGCCGTATTTTGAAGCAACG  
CGTGACAGCTCGTGAATTTGAAGTAGGTATTTAGGCAATAATGATGTTAAGACAACCTTTTCTGGCGAAGTCGTTAAAGACGTCG  
ATTTCTATGACTATGACGCCAAATATATTGATAATAAAATTACTATGGATATTCAGCTAAAGTTGATGAAGCAACTATGGAAGCA  
ATGCGTCAATATGCAAGTAAAGCTTTTAAAGCAATCGGGGCTTGTGGTTTATCAGCTGTGATTTCTTTTACGAAAGAATGGAC  
AAATCTTCTTAAACGAACTGAAATAC

**SEQ ID NO. 1610: SAG0767 FROM THE 2603V/R GBS TYPE V STRAIN**  
TCTGTACTGTCTGCAGAAAGCGTCATGCGTGCTATTAATTATGATAAATTTTTGTTAAACTTATTTTATCAGCAAGTAGGTCA  
ATTTATTAAACACAAGAATTTGATGAAATGCCATCTTCAGATGAAAAGTTAATGACAAACCAACTGTTGATTTAGACAAAATGG  
TTCGTCCAAGTGATATCTATGATGATAAT

**SEQ ID NO. 1611: SAG0767 FROM THE H36b GBS TYPE 1b STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)**  
AAAACCGGCTAATATGGGGTCATCAGTAGGTATTTCAAAGCGACAGATGAATCCTCACTTCGCTCTGCAATTGACTTAGCTCTCA  
AGTATGATAGCCGTATTTTGATTGAACAAGGCGTGACAGCTCGTGAATTTGAAGTAGGTATTTTAGGCAATAATGATGTTAAGACA  
ACTTTTCTGGCGAAGTCGTTAAAGACGTCGATTTCTATGACTATGACGCCAAATATATTGATAATAAAATTACTATGGATATTCC  
AGCTAAAGTTGATGAAGCAACTATGGAAGCAATGCGTCAATATGCAAGTAAAGCTTTTAAAGCAATCGGGGCTTGTGGTTTATCAC  
GCTGTGATTTCTTTTACGAAAGATGGACAAATCTTCTTAAACGAACTGAATACAATGCCCGGTTTTACTCAGTGGTCAATGTAT  
CCCCTGCTTTGGGAAAATATGGGGCTAACTTATAG

**SEQ ID NO. 1612: SAG0767 FROM THE H36b TYPE 1b STRAIN**  
CGTGAAGTATCTGTACTGTCTGCAGAAAGCGTCATGCGTGCTATTAATTATGATAAATTTTTGTTAAACTTATTTTATCAGCA  
AGTAGGTCAATTTATTAACACAAGAATTTGATGAAATGCCATCTTCAGATGAAAAGTTAATGACAAACCAACTGTTGATTTAG  
ACAAATGGTTCGTCCAAGTGATATCTATGATGATAATGCAATTGTTTCCCGTTTTACATGGACCAATGGGGGAAGATGGTTCT  
ATCCAAGGATTTTGAAGTTTAAAGGATGCCTTATGTTGGGACTAATATTCTATCTTCAAGCGTGGCTATGGATAAAATTACAAC  
AAAACAAGTCCTTGCAACAGTAG

**SEQ ID NO. 1613: SAG0767 FROM THE M732 GBS TYPE III STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)**  
ATGCGATTAAACTCTCTTAGAACCTTTAAGTTTCCCAATTTTTGTAAACCCGGCTAATATGGGGTCATCAGTAGGTATTTCAAAA  
GCGACAGATGAATCCTCACTTCGCTCTGCAATTGACTTAGCTCTCAAGTATGATAGCCGTATTTTGAAGCAACGCGTGACAGC  
TCGTGAATTTGAAGTAGGTATTTAGGCAATAATGATGTTAAGACAACCTTTTCTGGCGAAGTTGTTAAAGACGTCGATTTCTATG  
ACTATGACGCCAAATATATTGATAATAAAATTACTATGGATATTCAGCTAAAGTTGATGAAGCAACTATGGAAGCAATGCGTCAA  
TATGCAAGTAAAGCTTTTAAAGCAATCGGGGCTTGTGGTTTATCAGCTGTGATTTCTTTTACGAAAGATGGACAAATCTTCTT  
AAACGAACTGAATACAATGCCCGGTTTTACTCAGTGGTCAATGTATCCTCTGCTTTGGGAAAATATGGGGCTAACTT

**SEQ ID NO. 1614: SAG0767 FROM THE M732 GBS TYPE III STRAIN**  
GTCATGCCGTGCTATTAATTATGATAAATTTTTGTTAAACTTATTTTATCAGCAAGTAGGTCAATTTATTAACACAAGAAT  
TTGATGAAATGCCATCTTCAGATGAAAAGTTAATGACAAACCAACTGTTGATTTAGACAAAATGGTTCGTCCAAGTGATATCTAT  
GATGATAATGCAATTGTTTCCCGTTTTACATGGACCAATGGGGGAAGATGGTTCTATCCAAGGATTTTGAAGTTTAAAGGAT  
GCCTTATGTTGGGACTAATATTCTATCTTCAAGCGTGGCTATGGATAAAATTACAACAAAACAAGTCCTTGCAACAGTAGGTGTAC  
CTCAGG

**SEQ ID NO. 1615: SAG0767 FROM THE A909 GBS TYPE Ia STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)**  
TTTTGAGGGTGTATGATTGGAACATGCGATTAACTCTCTTTAGAACTTTAAGTTTCCCAATTTTTGTAAAACCGGCTAATATGG  
GGTCATCAGTAGGTATTTCAAAGCGACAGATGAATCCTCACTTCGCTCTGCAATTGACTTAGCTCTCAAGTATGATAGCCGTATT

## SEQUENCE LISTING

TTGATTGAACAAGGCGTGACAGCTCGTGAAATTGAAGTAGGTATTTTAGGCAATAATGATGTTAAGACAACCTTTCTCGGCGAAGT  
CGTTAAAGACGTCGATTTCTATGACTATGACGCCAAATATATTGATAAATAAAATTACTATGGATATCCAGCTAAAGTTGATGAAG  
CAACTATGGAACCAATGCGTCAATATGCAAGTAAAGCTTTTAAAGCAATCGGGGCTTGTGGTTTATCAGCTGTGATTTCTTTTGTG  
ACGAAAGATGGACAAATCTTCTTAAACGAACTGAATACAATGCCGGTTTTACTCAGTGGTCAATGTATCCCCTGCTTTGGGAAAA  
TATGGGGCTAACTTATAGTGA

## SEQ ID NO. 1616: SAG0767 FROM THE A909 GBS TYPE Ia STRAIN

TGGTCGCTCTGCGGAACGTGAAGTATCTGTACTGTCTGCAGAAAGCGTCATGCGTGCTATTAATTATGATAAATTTTTGTTAAAA  
CTTATTTTATCAGCAAGTAGGTCAATTTATTAAACACAAGAAATTGATGAAATGCCATCTTCAGATGAAAAGTTAATGACAAAC  
CAAAGTGTGATTAGACAAAATGGTTTCGTCCAAGTGATATCTATGATGATAATGCAATTGTTTTCCCGTTTTACATGGACCAAT  
GGGGGAAGATGGTTCTATCCAAGGATTTTGAAGTTTAAAGGATGCCTTATGTTGGGACTAATATCTATCTCAAGCGTGGCTA  
TGGATAAAATTACAACAAAACAGTCCTTGCACAGTAGG

## SEQ ID NO. 1617: SAG0767 FROM THE JM9130013 GBS TYPE VIII STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)

AAGCAGGGGATACATTGACCACTGAGTAAAACCGGCGATTGTATTCAGTTCGTTTAAAGAGATCTGTCCATCTTTCGTCAAAAAGA  
AATCAGCAGCGTGATAAACCAAGCCCGATTGCTTTAAAGCTTACTTGCATATTGACGCATTGCTTCCATAGATGCTTCATCA  
ACTTTAGCTGGAATATCCATAGCAATTTTATTATCAATATATTTGGCG

## SEQ ID NO. 1701: SAG1086 FROM THE1169NT1 GBS NONTYPEABLE STRAIN

TTTAAAGGTTGATTCCTTTTTGACTCATCAGGTAGATTTTGAAGTAAATGCAGGAAATAGGTAAAGTTTGTCTGATAAATATAAAG  
AAGCCGCGATTACGAAGGTTGTTACGATTGAAGCATCTGGAATTGCGCCAGCAGTGTACGCAGCTCAAGCATTGGGCGTACCAATG  
ATATTTGCTAAAAAGGCTAAGAACATTACTATGACTGAAGGTATCTTAACTGCTGAAGTGTATTCTTTTACAAAGCAAGWTACGAG  
TCAAGTTTCTATTGTGAGTCGCTTTTATCTAACGATGATACTGTACTCATCATTGATGACTTTTTAGCAAACGGTCAAGCGGCTA  
AAGGATTACTTGAATATTGGTCAAGCTGGAGCTAAGGTTGCTGGTATCGGAATCGTTATTGAAAAATCTTCCAGATGGGCGT  
GATTTGTTAGAAAAACAGGTGTTCCAGT

## SEQ ID NO. 1702: SAG0767 FROM THE 18RS21 GBS TYPE II STRAIN

TTTAGGTGAGAACATTTTAAAGGTTGATTCCTTTTTTACTCATCAGGTAGATTTTGAAGTAAATGCAGGAAATAGGTAAAGTTTGTG  
CTGATAAATATAAAGAAGCCGGCATTACGAAGGTTGTTACGATTGAAGCATCTGGAATTGCACCAGCAGTGTACGCAGCTCAAGCA  
TTGGGCGKACCAATGATATTGCTAAAAAAGCTAAGAACATTACTATGACTGAAGGTATCTTAACTGCTGAAGTGTATTCTTTTAC  
AAAGCAAGTTACGAGTCAAGTTTCTATTGTGAGTCGCTTTTATCTAACGATGATACTGTACTCATCATTGATGACTTTTTAGCAA  
ACGGTCAAGCGGCTAAAGGATTACTTGAATATTGGTCAAGCTGGAGCTAAGGTTGCTGGTATCGGAATCGTTATTGAAAAATCT  
TTCCAAGATGGGCGTGATTTGTTAGAAAAAACA

## SEQ ID NO. 1703: SAG0767 FROM THE H36b1 GBS TYPE Ib STRAIN

AAGAACGTATTCTTAAAGATGGTGATGTTTLAGGTGAGAACATTTTAAAGTTGATTCCTTTTTTACTCATCAGGTAGATTTTGAAG  
TTAATGCAGGAAATAGGTAAAGTTTGTCTGATAAATATAAAGAAGCCGGCATTACGAAGGTTGTTACAAATTGAAGCATCTGGAAT  
TGCGCCAGCAGTGTACGCAGCTCAAGCATTGGGCGTACCAATGATATTGCTAAAAAAGCTAAGAACATTACTATGACTGAAGGTA  
TCTTAACTGCTGAAGTGTATTCTTTTACAAAGCAAGTTACGAGTCAAGTTTCTATTGTGAGTCGCTTTTATCTAACGATGATACT  
GTACTCATCATTGATGACTTTTTAGCAAACGGTCAAGCGGCTAAGGATTACTTGAATATTGGTCAAGCTGGAGCTAAGGTTGCT  
TGGTATCGGAATCYTTATTGAAAAATCTTCCAAGATGGGCGTGATT

## SEQ ID NO. 1704: SAG0767 FROM THE M732 GBS TYPE III STRAIN

ATTCTTTTTTACTATCAGGTAAATTTTGAAGTAAATGCAGGAAATAGGTAAAGTTTGTCTGATAAATATAAAGAAGCCGGCATT  
CGAAGGTTGTTACAATTGAAGCATCTGGAATTGCGCCAGCAGTGTACGCAGCTCAAGCATTGGGCGTACCAATGATATTGCTAAA  
AAAGCTAAGAACATTACTATGACTGAAGGTATCTTAACTGCTGAAGTGTATTCTTTTACAAAGCAAGTTACGAGTCAAGTTTCTAT  
TGTGAGTCGCTTTTATCTAACGATGATACTGTACTCATCATTGATGACTTTTTAGCAAACGGTCAAGCGGCTAAGGATTACTTG  
AAATTATTGGTCAAGCTGAAGCTAAGGTTGCTGGTATCGGAATCGTTATTGAAAAATCTTCCAAGATGGGCGTGATTTGTTAGAA  
AAAACAGGTGTTCCGGTTACTTCTCTTGGTCTCGT

## SEQ ID NO. 1705: SAG0767 FROM THE M781 GBS TYPE III STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)

GAACGTATTCTTAAAGATGGTGATGTTTLAGGTGAGAACATTTTAAAGTTGATTCCTTTTTTACTCATCAGGTAAATTTTGAAGT  
AATGCAGGAAATAGGTAAAGTTTGTCTGATAAATATAAAGAAGCCGGCATTACGAAGGTTGTTACAATTGAAGCATCTGGAATTG  
CGCCAGCAGTGTACGCAGCTCAAGCATTGGGCGTACCAATGATATTGCTAAAAAAGCTAAGAACATTACTATGACTGAAGGTATR  
TTAACTGCTGAAGTGTATTCTTTTACAAAGCAAGTTACGAGTCAAGTTTCTATTGTGAGTCGCTTTTTATCTAACGATGATACTGT  
ACTCATCATTGATGACTTTTTTAAACAAACGGTCAAGC

## SEQ ID NO. 1706: SAG0767 FROM THE 090 GBS TYPE Ia STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)

ACATTTTAAAGGTTGATTCCTTTTTTACTCATCAGGTAGATTTTGAAGTAAATGCAGGAAATAGGTAAAGTTTGTCTGATAAATAT  
AAAGAAGCCGGCATTACGAAGGTTGTTACGATTGAAGCATCTGGAATTGCACCAGCAGTGTACGCAGCTCAAGCATTGGGCGTACC  
AATGATATTGCTAAAAAAGCTAAGAACATTACTATGACTGAAGGTATCTTAACTGCTGAAGTGTATTCTTTTACAAAGCAAGTTA  
CGAGTCAAGTTTCTATTGTGAGTCGCTTTTTATCTAACGATGATACTGTACTCATCATTGATGACTTTTTTAGCAAACMGTCYAGCG  
GCTAAAGGATTACTTGAATATTGGTCAAGCTGGAGCTAAGGTTGCTGGTATCGGAATCGTTATTGAAAAATCTTCCAAGATGG  
CGGTGATTTGTTAGAAAA

## SEQUENCE LISTING

**SEQ ID NO. 1707: SAG0767 FROM THE A909 GBS TYPE Ia STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)**

ACGTATTCTTAAAGATGGTGATGTTTTAGGTGAGAACATTTTAAAGTTGATTCTTTTTTGACTCATCAGGTAGATTTTGAGTTAA  
TGCAGGAAATAGGTAAAGTTTTGCTGATAAATATAAAGAAGCCGGCATTACGAAGGTTGTTACAATTGAAGCATCTGGAATTGCG  
CCAGCAGTGTACGCAGCTCAAGCATTGGGCGTACCAATGATATTTGCTAAAAAAGCTAAGAACATTACTATGACTGAAGGTATCTT  
AACTGCTGAAGTGTATTCTTTTACAAAGCAAGTTACGAGTCAAGTTTCTATTGTGAGTCGCTTTTTATCTAACGATGATACTGTAC  
TCATCATTGATGACTTTTTAGCAAACGGKCAAGCGGSTAAAGGATTACTTGAAATTATTGGTCAAGCTGGAGCTA

**SEQ ID NO. 1708: SAG0767 FROM THE COH1 GBS TYPE Ia STRAIN**

TTTAAAGTTGATTCTTTTTTGACTCATCAGGTAAATTTGAGTTAATGCAGGAAATAGGTAAAGTTTTGCTGATAAATATAAAG  
AAGCCGGCATTACGAAGGTTGTTACAATTGAAGCATCTGGAATTGCGCCAGCAGTGTACGCAGCTCAAGCATTGGGCGTACCAATG  
ATATTTGCTAAAAAAGCTAAGAACATTACTATGACTGAAGGTATCTTAAGTGTATTCTTTTACAAAGCAAGTTACGAG  
TCAAGTTTCTATTGTGAGTCGCTTTTTATCTAACGATGATACTGTACTCATCATTGATGACTTTTTAGCAAACGGTCAAGCGGCTA  
AAGGATTACTTGAAATTATTGGTCAAGCTGAAGCTAAGTTGCTGGTATCGGAATCGTTATTGAAAATCTTCCAAGATGGGCGT  
GATTTGTTAGAAAAACAGGTGTTCCGGTTAC

**SEQ ID NO. 1709: SAG0767 FROM THE CJB110 GBS NONTYPEABLE STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)**

GCTGATAAATATAAAGAAGCCGGCATTACGAAGGTTGTTACAATTGAAGCATCTGGAATTGCGCCAGCAGTGTACGCAGCTCAAGC  
ATTGGGCGTACCAATGATATTTGCTAAAAAAGCTAAGAACATTACTATGACTGAAGGTATCTTAAGTGTATTCTTTTACAAAGCAAGTTACGAG  
CAAAGCAAGTTACGAGTCAAGTTTCTATTGTGAGTCGCTTTTTATCTAACGATGATACTGTACTCATCATTGATGACTTTTTAGCA  
AACGGTCAAGCGGCTAAAGGATTACTTGAAATTATTGGTCAAGCTGAAGGTTGCTGGTATCGGAATCGTTATTGAAAATCTTCCAAGATGGGCGT  
CTTTCCAAGATGGGCGTGATTGTTAGAAAAACAGGTGTTCCAGT

**SEQ ID NO. 1710: SAG0767 FROM THE 2603 V/R GBS TYPE V STRAIN**

AACGTATTCTTAAAGATGGTGATGTTTTAGGTGAGAACATTTTAAAGTTGATTCTTTTTTGACTCATCAGGTAGATTTTGAGTTA  
ATGCAGGAAATAGGTAAAGTTTTGCTGATAAATATAAAGAAGCCGGCATTACGAAGGTTGTTACAATTGAAGCATCTGGAATTGCG  
GCCAGCAGTGTACGCAGCTCAAGCATTGGGCGTACCAATGATATTTGCTAAAAAAGCTAAGAACATTACTATGACTGAAGGTATCT  
TAACTGCTGAAGTGTATTCTTTTACAAAGCAAGTTACGAGTCAAGTTTCTATTGTGAGTCGCTTTTTATCTAACGATGATACTGTA  
CTCATCATTGATGACTTTTTAGCAAACGGTCAAGCGGCTAAAGGATTACTTGAAATTATTGGTCAAGCTGGAGCTAAGGTTGCTGG  
TATCGGAATCGTTATTGAAAATCTTCCAAGATGGGCGTGATTGTTAGAAAAACAGGTGTTCCAG

**SEQ ID NO. 1711: SAG0767 FROM THE JM9130013 GBS TYPE VIII STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)**

ACGAAGGTTGTACAATTGAAGCATCTGGAATTGCGCCAGCAGTGTACGCAGCTCAAGCATTGGGCGTACCAATGATATTTGCTAA  
AAAAGCTAAGAACATTACTATGACTGAAGGTATCTTAAGTGTATTCTTTTACAAAGCAAGTTACGAGTCAAGTTTCTA  
TTGTGAGTCGCTTTTTATCTAACGATGATACTGTACTCATCATTGACTTTTTAGCAAACGGTCAAGCGGCTAAAGGATTACTT  
GAAATTATTGGTCAAGCTGGAGCTAAGGTTGCTGGTATCGGA

**SEQ ID NO. 1801: SAG1600 FROM THE H36b GBS TYPE Ib STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)**

AATCTTCATTGGAGATCAGGCTAGAGCTCCGTATGGTCTAGACCTGCTCAACAGATTAGAGAGTTTACCTGGCAGATGGTTAATT  
TCTTATTGACTAAAAATGTTAAGATGATTGTTATAGCTTGTATACAGCAACTGCAGTTGCCTGGCAAGAAATTAAAGAAAACTA  
GACGTGCCTGTTTTAGGCGTTATTTACCAGGAGCTAGCGCAGCTATCAAATCAACTAATTCAAGGAAAGTTGGTATTATAGGTAC  
TCCCATGACTGTTAAATCAGATGCTTATCGTCAAAAAATTCAGCTTTGTCTCAAATACTGCTGTGGTATCCCTTGCTTGTCCGA  
AATTTGTTCCAATTGTGGAATCAAATCAGATGCTTCTAGTTTAGCCAAAAGGTTGGTTATGAAACGTTGTCCCCATTAGTTGGT  
AAATTAGATACTTTAATTTAGGTTGCACGCATTATCCCTTATTACGTCCTTCAATTCAGTCAAAATGTTATGGGGGCTGAGGTTAAATT  
AATTGATAGTGGCGCAGAAACCGTTCTGTATTTCTGTTTTATTGAACTATTTTGAATAAACCATTAATTGGCAAAATAAACACG  
GTGGTCATCACTTTTACACAACCGCCAGCCCAA

**SEQ ID NO. 1802: SAG1600 FROM THE M732 GBS TYPE III STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)**

AAATGTTCCGTCAACTTCCAGAAGAGGAAGTAATCTTCATTGGAGATCAGGCTAGAGCTCCGTATGGTCTAGACCTGCTCAACAG  
ATTAGAGAGTTTACCTGGCAGATGGTTAACTTCTTATTGACTAAAAATGTTAAGATGATTGTTATAGCTTGTAAATACAGCAACTGC  
AGTTGCTGGCAAGAAATTAAAGAAAACTAGACATCCCTGTTTTAGGCGTTATTTTACCAGGAGCTAGCGCAGCTATCAAATCAA  
CTAATTTAGGGAAAGTTGGTATTATAGGTACTCCCATGACTGTTAAATCAGATGCTTATCGTCAAAAAATTCAGCTTTGTCTCCA  
ATACTGCTGTGGTATCCCTTGCTTGTCCGAAATTTGTTCCAATTGTGGAATCAAATCAGATGCTTCTAGTTTAGCCAAAAGGTT  
GGTTTATGAAACGTTGTTCCCATTAAGTTAGTTAAATGATGACTTTAATTTAGGTTGCACGCATTATCCCTTATTACGTCCTTCAATTCAGTCAAAATGTTATGGGGGCTGAGGTTAAATT  
TTCAAATGTTATGGGGCTGAGGTTAAATTAATTGATAGTGGCGCAGAAACCGTTCTGTATTTCTGTTTTATTGAACTATTTT  
GAGATAAACCATTAATTGGCAAAATAAACACGGTGGTCACTTTTACACAACCGCCAGCCCAAAGGTTTTAAAGAAA

**SEQ ID NO. 1803: SAG1600 FROM THE 090 GBS TYPE Ia STRAIN**

AATCTTCATTGGAGACCAGGCTAGAGCTCCGTATGGTCTAGACCTGCTCAACAGATTAGAGAGTTTACCTGGCAGATGGTTAATTT  
CTTATTGACTAAAAATGTTAAGATGATTGTTATAGCTTGTAAATACAGCAACTGCAGTTGCCTGGCAAGAAATTAAAGAAAACTAG  
ACATACCTGTTTTAGGCGTTATTTTACCAGGAGCTAGCGCAGCTATCAAATCAACTAATTCAGGGAAAGTTGGTATTATAGGTACT  
CCCATGACTGTTAAATCAGATGCTTATCGTCAAAAAATTCAGCTTTGTCTCAAATACTGCTGTGGTATCCCTTGCTTGTCCGAA  
ATTTGTTCCAATTTGGAATCAAATCAGATGCTTCTAGTTTAGCCAAAAGGTTGGTTATGAAACGCTGTCCCATTAAGTTAGTTGGA  
AATTAGATACTTTAATTTAGGTTGCACGCATTATCCCTTATTACGTCCTTCAATTCAGTCAAAATGTTATGGGGGCTGAGGTTAAATTA



## SEQUENCE LISTING

ATTGATAGTGGCGCAGAAACCGTTCGTGATATTTCTGTTTTATTGAACTATTTTGAAGATaAmCCATaATTGGsmAAATAAACACGG  
TGGTCATCACTTTTACACAACCGsCAGCCCAAAAGGTTTTTAAGGAAATTGCAGAACAATGGCTTAATCAAGAAATAAAT

## SEQ ID NO. 1804: SAG1600 FROM THE A909 GBS TYPE Ia STRAIN

GCGGTTGTGTAAAGTGATGACCACCGTGTATTTTGGCAATTATGGTTTATCTCAAAATAGTTCAATAAAACAGAAATATCAGC  
AACGGTTTCTGCGCCACTATCAATTAATTTAACCTCAGCCCCCATAACATTTTGAATGATGGGACGTAATAGGGGATAATGCGTGC  
AACCTAAAATTAAAGTATCTAATTTACCAACTAATGGGGACAACGTTTCATAAACCCACCTTTTGGCTAAACTAGAAGACATCTGA  
TTTGATTCCACAATTGGAACAAATTTGCGACAAGCAAGGGATACACAGCAGTATTTGGAGACAAAGCTTGAATTTTTTGACGATA  
AGCATCTGATTTAACAGTCATGGGAGTACCTATAATACCAACTTTCCCTAAATTAGTTGATTGATAGCTGCGCTAGCTCCTGGTA  
AAATAACGCCTAAAACAGGGATGTCTAGTTTTCTTTAATTTCTTGCCAGGCAACTGCAGTTGCTGTATTACAAGCTATAACAATC  
ATCTTAACATTTTGTCAATAAGAAGTTAACCATCTGCCAGGTAAACTCTCTAATCTGTTGAGCAGGTCTAGGACCATACGGAGC  
TCTAGCCTGATCTCAATGAAGATTACTTCTCTCTGGAAGTTGACGGAACATTTCTTAACAACCGTTAAACCACT

## SEQ ID NO. 1805: SAG1600 FROM THE COH1 GBS TYPE Ia STRAIN

TTCCGTCAACTTCCAAAATATGAAGTAATCTTCATTGGAGATCAGGCTAGAGCTCCGTATGGTCTAGACCTGCTCAACAGATTAG  
AGAGTTTACCTGGCAGATGGTTAACTTCTTATTGACTAAAAATGTTAAGATGATTGTTATAGCTTGTAATACAGCAACTGCAGTTG  
CCTGGCAAGAAATTAAAGAAAACTAGACATCCCTGTTTTAGGCGTTATTTTACCAGGAGCTAGCGCAGCTATCAAATCAACTAAT  
TTAGGGAAAGTTGGTATTATAGGTACTCCCATGACTGTTAAATCAGATGCTTATCGTCAAAAAATTCAAGCTTTGTCTCAAATAC  
TGCTGTGGTATCCCTTGCTTGCCGAAAT

## SEQ ID NO. 1806: SAG1600 FROM THE CJB110 GBS NONTYPEABLE STRAIN

GTAATCTTCATTGGAGATCAGGCTAGAGCTCCGTATGGTCTAGACCTGCTCAACAGATTAGAGAGTTTACCTGGCAGATGGTTAA  
TTTCTTATTGACTAAAAATGTTAAGATGATTGTTATAGCTTGTAATACAGCAACTGCAGTTGCCTGGCAAGAAATTAAAGAAAAAC  
TAGACATAC

## SEQ ID NO. 1807: SAG1600 FROM THE 1169NT1 GBS TYPE V STRAIN

CTTTTGGGCTGGCGGTTGTGTAAATTGATGACCACCGTGTATTTTGGCAATTATGGTTTATCTCAAAATAGTTCAATAAAACA  
GAAATATCACGAACGGTTTCTGCGCCACTATCAATTAATTTAACCTCAGCCCCCATAACATTTTGAATAATGGGACGTAATAGGGG  
ATAATGCGTGCAACCTAAAATTAAGTATCTAATTTACCAACTAATGGGGACAATGTTTCATAAACCCACCTTTTGGCTAAACTAG  
AAGACATCTGATTTGATTCCACAATTGGAACAAATTTGCGACAAGCAAGGGATACACAGCAGTATTTGGAGACAAAGCTTGAATT  
TTTTGACGATAAGCATCTGATTTAACAGTCATGGGAGTACCTATAA

## SEQ ID NO. 1808: SAG1600 FROM THE 1169NT1 GBS TYPE V STRAIN

GTAATCTTCATTGGGATCAGGCTAGAGCTCCGTATGGTCTAGACCTGCTCAACAGATTAGAGAGTTTACCTGGCAGATGGTTAA  
TTTCTTATTGACTAAAAATGTTAAGATGATTGTTATAGCTTGTAATACAGCAACTGCAGTT

## SEQ ID NO. 1809: SAG1600 FROM THE 18RS21 GBS TYPE II STRAIN

GAAATGTTCCGTCAACTTCCAGAAGAGGAAGTAATCTTCATTGGAGATCAGGCTAGAGCTCCGTATGGTCTAGACCTGCTCAACA  
GATTAGAGAGTTTACCTGGCAGATGGTTAACTTCTTATTGACTAAAAATGTTAAGATGATTGTTATAGCTTGTAATACAGCAACTG  
CAGTTGCTGGCAAGAAATTAAAGAAAACTAGACATCCCTGTTTTAGGCGTTATTTTACCAGGAGCTAGCGCAGCTATCAAATCA  
ACTAATTTAGGGAAAGTTGGTATTATAGGTACTCCCATGACTGTTAAATCAGATGCTTATCGTCAAAAAATTCAAGC

## SEQ ID NO. 1810: SAG1600 FROM THE 18RS21 TYPE II STRAIN

ATTTCTTTAAAACCTTTTGGGCTGGCGGTTGTGTAATATTGATGACCACCGTGTATTTTGGCAATTATGGTTTATCTCAAAATA  
GTTCAATAAAACAGAAATATCACGAACGGTTTCTGCGCCACTATCAATTAATTTAACCTCAGCCCCCATAACATTTTGAATGATG  
GACGTAATATGGGATAATGCGTGCAACCTAAAATTAAAGTA

## SEQ ID NO. 1811: SAG1600 FROM THE 2603 V/R GBS TYPE V STRAIN

ATTTCTTTAAAACCTTTTGGGCTGGCGGTTGTGTAATAAGTGATGACCACCGTGTATTTTGGCAATTATGGTTTATCTCAAAAT  
AGTTCAATAAAACAGAAATATCACGAACGGTTTCTGCGCCACTATCAATTAATTTAACCTCAGCCCCCATAACATTTTGAATGATG  
GGACGTAATAGGGGATAATGCGTGCAACCTAAAATTAAAGTATCTAATTTACCAACTAATGGGGACAACGTTTCATAAACCCACCTT  
TTTGGCTAAACTAGAAGACATCTGATTTGATTCCACAATTGGAACAA

## SEQ ID NO. 1812: SAG1600 FROM THE M781 GBS TYPE III STRAIN

GGCGGTTGTGTAAAGTGATGACCACCGTGTATTTTGGCAATTATGGTTTATCTCAAAATAGTTCAATAAAACAGAAATATCAC  
GAACGGTTTCTGCGCCACTATCAATTAATTTAACCTCAGCCCCCATAACATTTTGAATGATGGGACGTAATAGGGGATAATGCGTG  
CAACCTAAAATTAAAGTATCTAATTTACCAACTAATGGGGACAACGTTTCATAAACCCACCTTTTGGCTAAACTAGAAGA

## SEQ ID NO. 1813: SAG1600 FROM THE M 781 GBS TYPE III STRAIN

AATCTTCATTGGAGATCAGGCTAGAGCTCCGTATGGTCTAGACCTGCTCAACAGATTAGAGAGTTTACCTGGCAGATGGTTAACT  
TCTTATTGACTAAAAATGTTAAGATGATTGTTATAGCTTGTAATACAGCAACTGC

## SEQ ID NO. 1814: SAG1600 FROM THE JM9130013 GS TYPE VIII STRAIN

## SEQUENCE LISTING

TGGGCTGGCGGTTGTGTAAAGTGATGACCACCGTGTATTTTGGCAATTATGGTTTATCTCAAATAGTTCAATAAAACAGAAA  
TATCAGAACGGTTTCTGCGCCACTATCAATTAATTAACCTCAGCCCCATAACATTTGAATGATGGGACGTAATAAGGGATAA  
TGGCTGCAACCTAAATTAAGTATCTAATTTACCAACTAATGGGGACAACGTTTCATAAACACCTTTTGGCTAAACTAGAAGA  
CATCTGATTTGATTCACAAATTGGAACAAATTTGGACAAGCAAGGGATACCACAGCAGTATTTGGAGACAAAGCTTGAATTTTTT  
GACGATAAGCATCTGATTTAACAGTCATGGGAGTACCTATAATACCAACTTTCCCTGAA

## SEQ ID NO. 1901: SAG1680 FROM THE 2603 V/R GBS TYPE V STRAIN

ATCCCTAGACCATTATAAGCATGTTTCACTCCATTTGTCTAACAAATCGTAACATGCTGTTTCTTTAGGCTTGTAACCAAGTC  
GACAACTACTAAATTCGGTGTAAATTTCTGGATCGTTAATTAACCTATAATTATCTAATGGCCTCATTCTAACTAGTAGCAT  
CAATATAAAATGACTAGTTCTAATAGCGTCTTTAAATGCTGTCTATTTTCTAGATAATCAACGACTACCTTTATTTGAACTGT  
TTTTTAATTTTATCTGATAAGTCAATGACCTTATCGTAATTTGAGCTGTTACGATTAAATAATCTAATTTCCGCAACTCCCTCCAT  
AGCTGCTTGAACCTGCAACTGCTTTACCTGAACCACCAATACCAGCTATTGTAATTTATTTTATTTTGGCACTGAAACCTTGAGCTG  
CTAAAGCTTTAAACAACCAATGCCATCTGTCTATGGCCTACTAAACGTCGGGTCCACCTTGATTAACGATAGTATTTACAGCA  
CCCCTAATTTAGCTTGAGGAGATAAATCATCTAGCAAAGGGATAACACTCTGTTTAAATGGCATTGAAACATTAAACCCACGAAT  
ACCCAATGCCCTGACACCTCGAACAGCTTCTGTTAATTTACCCTCTTCTACTTCAAATGTCAGATAGGCATAATTCATGTTTTTTT  
CTTGAAAAGAGGTATTCCACATTAACGGGGATAGAGAGTGGCGTGCAGG

## SEQ ID NO. 1902: SAG1680 FROM THE H36b GBS TYPE Ib STRAIN

GTTATTAATTGAAATGCTTCTGCTCCTTGATAAATCAGCATCCCTAGACCATTATAAGCATGTTTCACTCCATTTGTCTAACAAA  
TCGTAACAATGCTGTTCTTTAGGCTTGTAACCAAGTCGACAACCTACTAAATTCGGTGTAAATTTCTGGATCGTTAATTAAC  
TATAATTATCTAATGGCCTCATTCTTAACTAGTAGCATCAATATAAAATGACTAGTTCTAATAGCGTCTTTAAATGCTGTCTTA  
TTTTCTAGATAATCAACGACTACCTTTATTTGAACTGTTTTTAAATTTTATCTGATAAGTCAATGACCTTATCTGTAATTTGAGCT  
GTTACGATTAAATAATCTAATTTCCGCAACTCCCTCCATAGCTGCTGAACTGCAACTGCTTTACCTGAACCACCAATACCAGCTA  
TTGTAATTTATTTTATTTTGGCACTGAAACCTTGAGCTGCTAAAGCTTTAAACAACCAATGCCATCTGTCTATGGCTACTAAA  
CGTCCGGTTCACCTTGATTAACGATAGTATTTACAGCAACCACTAATTTAGCTTGAGGAGATAAATCATCTAGCAAAGGGATAAC  
ACTCTGTTTAAATGGCATTGAAACATTAAACACCACGAATACCCAATGCCCTGACACCTCGAACAGCTTCTGTTAATTTACCCTCTT  
CTACTTCAAATGTCAGATAGGCATAATTCATGTTTTTTTCTTGAAAAGAGGTATTCCACATTAACGGGGATAGAGAGTGGCGTGCAG  
GGA

## SEQ ID NO. 1903: SAG1680 FROM THE M732 GBS TYPE III STRAIN

CTGGTCTAATTGCCAATCTGCACGCCACTCTCTATCCCGTTAATGTGGAATACCTCTTTCAAGAAAAAACATGAATTATGCC  
TATCTGACATTTGAAGTAGAAGAGGGTAAATTAACAGAAGCTGTTGAGGTGTCAGGGCATTGAGTATTCGTGGTGTAAATGTTTC  
AATGCCATTTAAACAGAGTGTATCCCTTTGCTAGATGATTTATCTCCTCAAGCTAAATAGTGGGTGCTGTAAATACTATCGTTA  
ATCAAGGTGGAACCGGACGTTTAGTAGGCCATATGACAGATGGCATTGGTTGTTTTAAAGCTTTAGCAGCTCAAGGTTTCAGTGCT  
AAAAATAAATAATTAACAATAGCTGGTATTGGTGGTTGAGTAAAGCAGTTGTCAGTTCAAGCAGCTATGGAGGGAGTTGCGGAAAT  
TAGATTATTTAATCGTAACAGCTCAAATTACGATAAGGTGATTGACTTATCAGATAAAATTAACCAAGCTTTCAAATAAAGGTAG  
TCGTTGATTATCTAGAAAATAAGACAGCATTTAAAGACGCTATTAGAACTAGTCATTTTATATTGATGCTACTAGTTTAGGAATG  
AGGCCATTAGATAATTATAGTTTAATTAACGATCCAGATATTTAACACCGAATTTAGTAGTTGTCGACTT

## SEQ ID NO. 1904: SAG1680 FROM THE M781 GBS TYPE III STRAIN

AAATCAGCATCCCTAGACATTATAAGCATGTTTCACTCCATTTGTCTAACAAATCGTAACATGCTGTTTCTTTAGGCTTGTA  
CCAAGTCGACAACCTACTAAATTCGGTGTAAATTTCTGGATCGTTAATTAACCTATAATTATCTAATGGCCTCATTCTTAACTA  
GTAGCATCAATATAAAATGACTAGTTCTAATAGCGTCTTTAAATGCTGTCTATTTTCTAGATAATCAACGACTACCTTTATTTG  
AACTGTTTTTTAATTTTATCTGATAAGTCAATGACCTTATCGTAATTTGAGCTGTTACGATTAAATAATCTAATTTCCGCAACTC  
CCTCCATAGCTGCTTGAACCTGCAACTGCTTTACCTGAACCACCAATACCAGCTATTGTAATTTATTTTATTTTAGCACTGAAACCT  
TGAGCTGCTAAAGCTTTAAACAACCAATGCCATCTGTCTATGGCCTACTAAACGTCGGTTCACCTTGATTAACGATAGTATT  
TACAGCACCACTAATTTAGCTTGAGGAGATAAATCATCTAGCAAAGGGATAACACTCTGTTTAAATGGCATTGAAACATTAAACAC  
CAGCAATACTCAATGCCCTGACACCTCGAACAGCTTCTGTTAATTTACCCTCTTCTACTTCAAATGTCAGATAGGCATAATTCATG  
TTTTTTTCTTGAAAAGAGGTATTCCACATTAACGGGGATAGAGAGTGGCGTGCA

## SEQ ID NO. 1905: SAG1680 FROM THE 090 GBS TYPE Ia STRAIN

GTTGAGGTGTCAGGGCATTGGGTATTCGTGGTGTAAATGTTTCAATGCCATTTAAACAGAGTGTTATCCCTTTGCTAATGATTT  
ATCTCCTCAAGCTAAATTAGTGGGTGCTGTAATACTACTATCGTTAATCAAGTGGGAACCGsACGTTTAGTAGGCCATATGACAGATG  
GCATTGGTTGTTTTAAAGCTTTAGCAGCTCAAGGTTTCAAGTCTAAAAATAAATAGTTACAATAGCTGGTATTGGTGGTTCAGGT  
AAAGCAGTTGCAAGTTCAAGCAGCTATGGAGGGAGTTGCGGAAATTAGATTATTTAATCGTAATAGCTCAAATTACGATAAGGTGAT  
TGACTTATCAGATAAAATTAACCAAGCTTTCAAATAAAGGTAGTCGTTGATTATCTAGAAAATAAGACAGCATTTAAAGACGCTA  
TTAGAAGTATGCTATTTTATATTGATGCTACTAGTTTAGGAATGAGGCCATTAGATAATTATAGTTTAATTAACGATCCAGAAAT  
TTAACACCAATTTAGTAGTTGTCGACTTGGTTTACAAGCCTTAAAGAACAGCATTGTTACGATTGTTAGACAAAATGGAGTGAA  
ACATGCTTATAATGGTCTAGGGATGCTGATTTATCAAGGAGCAGA

## SEQ ID NO. 1906: SAG1680 FROM THE A909 GBS TYPE Ia STRAIN

CCCTAGACCATTATAATCATGTTTCACTCCATTTGTCTAACAAATCGTAACAAATGCTGTTTCTTTAGGCTTGTAACCAAGTCGA  
CAACTACTAAATTCGGTGTAAATTTCTGGATCGTTAATTAACCTATAATTATCTAATGGCCTCATTCTTAACTAGTAGCATCA  
ATATAAAATGACTAGTTCTAATAGCGTCTTTAAATGCTGTCTATTTTCTAGATAATCAACGACTACCTTTATTTGAACTGTTT

## SEQUENCE LISTING

TTAATTTTATCTGATAAGTCAATGACCTTATCGTAATTTGAGCTGTTACGATTAAATAATCTAATTTCCGCAACTCCCTCCATAG  
CTGCTTGAAGTCAACTGCTTTACCTGAACCACCAATACCAGCTATTGTAATTTATTTTATTTTAGCACTGAAACCTTGAGCTGCT  
AAAGCTTTAAACAACCAATGCCATCTGTCATATGGCCTACTAAACGTCGGTTCACCTTGATTAAACGATAGTATTTACAGCACC  
CACTAATTTAGCTTGAGGAGATAAATCATCTAGCAAAGGGATAACACTCTGTTTAAATGGCATTGAAACATTAACACCACGAATAC  
CCAATGCCCTGACACCTCGAACAGCTTCTGTTAATTTACCCTCTTCTACTTCAAATGTCAGATAGGCATAATTCATGTTTTTTCT  
TGAAAAGAGGTATTCCACATTAACGGGGATAG

SEQ ID NO. 1907: SAG1680 FROM THE COH1 GBS TYPE Ia STRAIN

TGCACGCCACTCTCTATCCCGTTAATGTGGAATACCTCTTTAAGAAAAAACATGAATTATGCCTATCTGACATTTGAAGTAGA  
AGAGGGTAAATTAACAGAAGCTGTTTCGAGGTGTCAGGGCATTGAGTATTCGTGGTGTTAATGTTTCAATGCCATTTAAACAGAGTG  
TTATCCCTTTGCTAGATGATTTATCTCCTCAAGCTAAATTAGTGGGTGCTGTAAATACT

SEQ ID NO. 1908: SAG1680 FROM THE CJB110 GBS NONTYPEABLE STRAIN

ATTGCTTATTAATGAAATGCTTCTGCTCCTTGATAAATCAGCATCCCTAGACCATTATAAGCATGTTTCACTCCATTTTGTCTAA  
CAAATCGTAACAATGCTGTTTCTTTAGGCTTGTAACCAAGTCGACAACCTACTAAATTGGGTGTTAAAATTTCTGGATCGTTAATT  
AACTATAATTATCTAATGGCCTCATTCTTAACTAGTAGCATCAATATAAAATGACTAGTTCTAATAGCGTCTTTAAATGCTGT  
CTTATTTTCTAGATAATCAACGACTACCTTTATTTGAAACTGTTTTTAATTTTATCTGATAAGTCAATGACCTTATCGTAATTTG  
AGCTATTACGATTAAATAATCTAATTTCCGCAACTCCCTCCATAACTGCTTGAAGTCAACTGCTTTACCTGAACCACCAATACCA  
GCTATTGTAACATTTT

SEQ ID NO. 1909: SAG1680 FROM THE CJB110 GBS NONTYPEABLE STRAIN

ACTCTCTATCCCCGTTAATGTGGAATACCTCTTTTCAAGAAAAAACATGAATTATGCCTATCTGACATTTGAAGTAGAAGAGGGT  
AAATTAACAGAAGCTGTTTCGAGGTGTCAGGGCATTGGGTATTCGTGGTGTTAATGTTTCAATGCCATTTAAACAGAGTGTTATCCC  
TTTGCTAGATGATTTATCTCCTCAAGCTAAATTAGTGGGTGCTGTAATACTATCGTTAATCAAGGTGGAACCGGACGTTTAGTAG  
GCCATATGACAGATGGCATTGGTTGTTTTAAAGCTTTAGCAGCTCAAGGTTTCAGTGCTAAAAATAAAATAGTTACAATAGCTGGT  
ATTGGTG

SEQ ID NO. 1910: SAG1680 FROM THE 1169NT1 GBS TYPE V STRAIN

ATTGCTTATTAATGAAATGCTTCTGCTCCTTGATAAATCAGCATCCCTAGACCATTATAAGCATGTTTCACTCCATTTTGTCTAA  
CAAATCGTAACAATGCTGTTTCTTTAGGCTTGTAACCAAGTCGACAACCTACTAAATTCGGTGTTAAAATTTCTGGATCGTTAATT  
AACTATAATTATCTAATGGCCTCATTCTTAACTAGTAGCATCAATATAAAATGACTAGTTCTAATAGCGTCTTTAAATGCTGT  
CTTATTTTCTAGATAATCAACGACTACCTTTATTTGAAACTGTTTTTAATTTTATCTGATAAGTCAATGACCTTATCGTAATTTG  
AGCTGTTACGAT

SEQ ID NO. 1911: SAG1680 FROM THE 1169NT1 GBS TYPE V STRAIN

ACTTCTCTATTCCCCGTTAATGTGGAATACCTCTTTTCAAGAAAAAACATGAATTATGCCTATCTGACATTTGAAGTAGAAGAGG  
GTAAATTAACAGAAGCTGTTTCGAGGTGTCAGGGCATTGGGTATTCGTGGTGTTAATGTTTCAATGCCATTTAAACAGAGTGTTATCC  
CCTTTGCTAGATGATTTATCTCCTCAAGCTAAATTAGTGGGTGCTGTAATACTATCGTTAATCAAGGTGGAACC

SEQ ID NO. 1912: SAG1680 FROM THE 18RS21 GBS TYPE II STRAIN

TCGTTATTAATTGAAATGCTTCTGCTCCTTGATAAATCATCATCCCTAGACCATTATAAGCATGTTTCACTCCATTTTGTCTAACA  
AATCGTAACAATGCTGTTTCTTTAGGCTTGTAACCAAGTCGACAACCTACTAAATTCGGTGTTAAAATTTCTGGATCGTTAATTAA  
ACTATAATTATCTAATGGCCTCATTCTTAACTAGTAGCATCAATATAAAATGACTAGTTCTAATAGCGTCTTTAAATGCTGTCT  
TATTTTCTAGATAATCAACGACTACCTTTATTTGAAACTGTTTTTAATTTTATCTGATAAGTCAATGACCTTATCGTAATTTGAG  
CTGTTACGATTAAATAATCTAATTTCCGCAAC

SEQ ID NO. 1913: SAG1680 FROM THE 18RS21 GBS TYPE II STRAIN

ATGCCATCTGACATTTGAAGTAGAAGAGGGTAAATTAACAGAAGCTGTTTCGAGGTGTCAGGGCATTGGGTATTCGTGGTGTTAAT  
GTTTCAATGCCATTTAAACAGAGTGTTATCCCTTTGCTAGATGATTTATCTCCTCAAGCTAAATTAGTGGGTGCTGTAAATACTAT  
CGTTAATCAAGGTGGAACCGGACGTTTAGTAGGCCATATGACAGATGGCATTGGTTGTTTTAAAGCTTTAGCAGCTCAAGGTTTCA  
GTGCTAAAAATAAAATAATTACAATAGCTGGTATTGGTGTTTCAGGTAAGCAGTTGCAGTTCAAGCAGCTATGGAGGGAGTTGCG  
G

SEQ ID NO. 1914: SAG1680 FROM THE JM9130013 GBS TYPE VIII STRAIN

CCCTAGACCATTATAAGTCATGTTTCACTCCATTTTGTCTAACAAATCGTAACAATGCTGTTTCTTTAGGCTTGTAACCAAGTCG  
ACAACCTACTAAATTTGGGTGTTAAATTTCTGGATCGTTAATTAACTATAATTATCTAATGGCCTCATTCTTAACTAGTAGCATC  
AATATAAAATGACTAGTTCTAATAGCGTCTTTAAATGCTGTCTTATTTTCTAGATAATCAACGACTACCTTTATTTGAACTGTT  
TTTAAATTTTATCTGATAAGTCAATGACCTTATCGTAATTTGAGCTATTACGATTAATAATCTAATTTCCGCAACTCCCTCCATA  
GCTGCTTGAAGTCAACTGCTTTACCTGAACCACCAATACCAGCTATTGTAATTTTATTTTATTTTAGCACTGAAACCTTGAGCTGC  
TAAAGCTTTAAACAACCAATGCCATCTGTCAT

SEQ ID NO. 2001: SAG1723 FROM THE COH1 GBS TYPE Ia STRAIN

ATCGATTGATATTGTAGTGGCTAACGAAGAAGAGCGGCCAAAAGAAAAAATTGTTAAACGTGTCATTGGTATGCCAGGTGAT  
GTCATCAAATATAAAATGACACCTTAACATTAACAATAAAAAACAGAAGAACCTTACCTCAAGGAATATACTAAATTATTTAA

## SEQUENCE LISTING

AAAGGATAAATTACAGGAAAAATATTCGTATAACCCACTTTTCCAAGACCTAGCACAAAGCTCTACCGCTTTCACCACTGACAGCA  
ATGGCAGCAGCGAATTTACTACTGTCGTGCCTAAAGGCCACTACTATCTTGTGGTGATGACCGAATTGTCTCTAAAGATAGTCGT  
GCCGTCGGTTCCTTCAAAA

**SEQ ID NO. 2002: SAG1680 FROM THE CJB110 GBS NONTYPEABLE STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)**  
TAAAGTTGACGGACACTCCATGGATCCAACCTTTAGCTGACAAGGAACAGCTAGTAGTTCTCAAACAAACAAAAATCAATCGATTTCG  
ATATTGTAGTGGCTAACGAAGAAGAAGGCGGCCAAAAGAAAAAATTTGTTAAACGTGTCTATTGGTATGCCAGGTGATGTCATCAAA  
TATAAAAATGACACCTTAACCTATTAACAATAAAAAACAGAAGAACCTTACCTCAAGGAATATACTAAATTATTTAAAAAGGATAA  
ATTACAGGAAAAATATTCGTATAACCCACTTTTCCAAGACCTAGCACAAAGCTCTACCGCTTTCACCTACTGACAGCAATGGCAGCA  
GCGAATTTACTACTGTCGTGCCTAAAGGCCACTATTATCTTGTGGTGATGACCGAATTGTCTCTAAAGATAGTCGTGCCGTCGGT  
CCCTTCAAAAAATCAACAATTGTGGAG

**SEQ ID NO. 2003: SAG1680 FROM THE 18RS21 GBS TYPE II STRAIN**  
TTGACGGACACTCCATGGATCCAACCTTTAGCTGACAAGGAACAGCTAGTAGTTCTCAAACAAACAAAAATCAATCGATTTCGATATT  
GTAGTGGCTAACGAAGAAGAAGGCGGCCAAAAGAAAAAATTTGTTAAACGTGTCTATTGGTATGCCAGGTGATGTCATCAAAATATA  
AAATGACACCTTAACCTATTAACAATAAAAAACAGAAGAACCTTACCTCAAGGAATATACTAAATTATTTAAAAAGGATAAATTAC  
AGGAAAAATATTCGTATAACCCACTTTTCCAAGACCTAGCACAAAGCTCTACCGCTTTCACCACTGACAGCAATGGCAGCAGCGAA  
TTTACTACTGTCGTGCCTAAAGGCCACTACTATCTTGTGGTGATGACCGAATTGTCTCTAAAGATAGTCGTGCCGTCGGTCCCTT  
CAAAAAATCAACGATTGTGGGAGAGGT

**SEQ ID NO. 2004: SAG1680 FROM THE 2603 V/R GBS TYPE V STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)**  
AAGTTGACGGACACTCCATGGATCCAACCTTTAGCTGACAAGGAACAGCTAGTAGTTCTCAAACAAACAAAAATCAATCGATTTCGAT  
ATTGTAGTGGCTAACGAAGAAGAAGGCGGCCAAAAGAAAAAATTTGTTAAACGTGTCTATTGGTATGCCAGGTGATGTCATCAAAATA  
TAAAAATGACACCTTAACCTATTAACAATAAAAAACAGAAGAACCTTACCTCAAGGAATATACTAAATTATTTAAAAAGGATAAATTAC  
TACAGGAAAAATATTCGTATAACCCACTTTTCCAAGACCTAGCACAAAGCTCTACCGCTTTCACCACTGACAGCAATGGCAGCAGC  
GAATTTACTACTGTCGTGCCTAAAGGCCACTACTATCTTGTGGTGATGACCGAATTGTCTCTAAAGATAGTCGTGCCGTCGGT

**SEQ ID NO. 2005: SAG1680 FROM THE M732 GBS TYPE III STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)**  
TTGACGGACACTCCATGGATCCAACCTTTAGCTGACAAGGAACAGCTAGTAGTTCTCAAACAAACAAAAATCAATCGATTTCGATATTGT  
AGTGGCTAACGAAGAAGAAGGCGGCCAAAAGAAAAAATTTGTTAAACGTGTCTATTGGTATGCCAGGTGATGTCATCAAAATATAAA  
ATGACACCTTAACCTATTAACAATAAAAAACAGAAGAACCTTACCTCAAGGAATATACTAAATTATTTAAAAAGGATAAATTACAG  
GAAAAATATTCGTATAACCCACTTTTCCAAGACCTAGCACAAAGCTCTACCGCTTTCACCACTGACAGCAATGGCAGCAGCGAATT  
TACTACTGTCGTGCCTAAAGGCCACTACTATCTTGTGGTGATGACCGA

**SEQ ID NO. 2006: SAG1680 FROM THE M781 GBS TYPE III STRAIN**  
TTGACGGACACTCCATGGATCCAACCTTTAGCTGACAAGGAACAGCTAGTAGTTCTCAAACAAACAAAAATCAATCGATTTCGATATT  
GTAGTGGCTAACGAAGAAGAAGGCGGCCAAAAGAAAAAATTTGTTAAACGTGTCTATTGGTATGCCAGGTGATGTCATCAAAATATAAA  
AAATGACACCTTAACCTATTAACAATAAAAAACAGAAGAACCTTACCTCAAGGAATATACTAAATTATTTAAAAAGGATAAATTACAG  
CAGGAAAAATATTCGTATAACCCACTTTTCCAAGACCTAGCACAAAGCTCTACCGCTTTCACCACTGACAGCAATGGCAGCAGCGA  
ATTTACT

**SEQ ID NO. 2007: SAG1680 FROM THE 1169NT1 GBS TYPE V STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)**  
TTGGTAAAGTTGACGGACACTCCATGGATCCAACCTTTAGCTGACAAGGAACAGCTAGTAGTTCTCAAACAAACAAAAATCAATCGA  
TTTCGATATTGTAGTGGCTAACGAAGAAGAAGGCGGCCAAAAGAAAAAATTTGTTAAACGTGTCTATTGGTATGCCAGGTGATGTCAT  
CAAATATAAAAATGACACCTTAACCTATTAACAATAAAAAACAGAAGAACCTTACCTCAAGGAATATACTAAATTATTTAAAAAGG  
ATAAATTACAGGAAAAATATTCGTATAACCCACTTTTCCAAGACCTAGCACAAAGCTCTACCGCTTTCACCTACTGACAGCAATGGC  
AGCAGCGAATTTACCCTGTCGTGCCTAAAGGCCACTACTATCTTGTGGTGATGACCGAATTGTCTCTAAAGATAGTCGTGCCG  
CGGCCCTTCAAAAAATCAACG

**SEQ ID NO. 2008: SAG1680 FROM THE H36b GBS TYPE Ib STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)**  
TTGACGGACACTCCATGGATCCAACCTTTAGCTGACAAGGAACAGCTAGTAGTTCTCAAACAAACAAAAATCAATCGATTTCGATATT  
GTAGTGGCTAACGAAGAAGAAGGCGGCCAAAAGAAAAAATTTGTTAAACGTGTCTATTGGTATGCCAGGTGATGTCATCAAAATATA  
AAATGACACCTTAACCTATTAACAATAAAAAACAGAAGAACCTTACCTCAAGGAATATACTAAATTATTTAAAAAGGATAAATTAC  
AGGAAAAATATTCGTATAACCCACTTTTCCAAGACCTAGCACAAAGCTCTACCGCTTTCACCACTGACAGCAATGGCAGCAGCGAA  
TTTACTACTGTCGTGCCTAAAGGCCACTACTATCTTGTGGTGATGACCGA

**SEQ ID NO. 2009: SAG1680 FROM THE 090 GBS TYPE Ia STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)**  
TAAAGTTGACGGACACTCCATGGATCCAACCTTTAGCTGACAAGGAACAGCTAGTAGTTCTCAAACAAACAAAAATCAATCGATTTCG  
ATATTGTAGTGGCTAACGAAGAAGAAGGCGGCCAAAAGAAAAAATTTGTTAAACGTGTCTATTGGTATGCCAGGTGATGTCATCAAA  
TATAAAAATGACACCTTAACCTATTAACAATAAAAAACAGAAGAACCTTACCTCAAGGAATATACTAAATTATTTAAAAAGGATAA  
ATTACAGGAAAAATATTCGTATAACCCACTTTTCCAAGACCTAGCACAAAGCTCTACCGCTTTCACCTACTGACAGCAATGGCAGCA  
GCGAATTTACTACTGTCGTGCCTAAAGGCCACTATTATCTTGTGGTGATGACCGAATTGTCTCTAAAGATAGTCGTGCCGTCGGT

**SEQ ID NO. 2010: SAG1680 FROM THE A909 GBS TYPE Ia STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)**

## SEQUENCE LISTING

AAAGTTGACGGACACTCCATGGATCCAACCTTTAGCTGACAAGGAACAGCTAGTAGTTCTCAAACAAACAAAAATCAATCGATTCTGA  
TATTGTAGTGGCTAACGAAGAAGGCGGCCAAAAGAAAAAATTGTTAAACGTGTCATTGGTATGCCAGGTGATGTCATCAAAT  
ATAAAAAATGACACCTTAACATTATTAACAATAAAAAACAGAAGAACCTTACCTCAAGGAATATACTAAATTATTTAAAAAGGATAAA  
TTACAGGAAAAATATTTCGTATAACCCACTTTTCCAAGACCTAGCACAAAGCTCTACCGCTTTCCACCTGACAGCAATGGCAGCAG  
CGAATTTACTACTGTCGTGCCTAAAGGCCACTACTATCTTGTGGTGATGACCGAATTGTCTCTAAAGATAGTCGTGCCGTCCGTC  
CCTTCAAAAAATCAACG

SEQ ID NO. 2101: SAG0079 FROM THE 2603V/R GBS TYPE V STRAIN

AATCTTTTAATTATGGGTTTGCTGGTAAAGGTAAGTCAAGCAGCTAAGATCGTTGAAGAATTTGGTGTTGCTCACATCTC  
AACAGGGGATATGTTCCGCGCCGCAATGGCTAATCAAACCGAAATGGGACGTTTAGCTAAAAGTTATATTGATAAAGGTGAATTGG  
TTCTGTATGAAGTAACAAACGGGATTGTAAAGAGCGCTTAGCTGAGGATGATATCGCAGAAAAAGGTTTTTACTTGTATGGATAT  
CCACGTACTATTGAACAAGCACACGCCCTTAGATGCTACGCTTGAAGAAGTACGCTTAGATGGTGTATTATTAATTAAGT  
GGATCCATCATGTCTTATAGAGCGTTTGTAGTGGTCTGATTATCAATCGTAAAACCTGGTGAACTTTCCACAAAGTTTCAACCCAC  
CAGTAGATTATAAAGAAGAAGATTACTATCAACGTGAAGATGATAAGCCTGAAACTGTCAAACGTGCTTGGACGTTAATATTGCT  
CAAGGAGAACCTATTCTTGAACACTATCGTAAGCTTGGTCTTGTACAGATATTGAAGGTAATCAAGAAATAACAGAAGTTTTTGC  
AGATGTTGAAAAAGCGTTG

SEQ ID NO. 2102: SAG0079 FROM THE 090 GBS TYPE Ia STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)

AATCTTTTAATTATGGGTTTGCTGGTAAAGGTAAGTCAAGCAGCTAAGATCGTTGAAGAATTTGGTGTTGCTCACATCTC  
AACAGGGGATATGTTCCGCGCCGCAATGGCTAATCAAACCGAAATGGGACGTTTAGCTAAAAGTTATATTGATAAAGGTGAATTGG  
TTCTGTATGAAGTAACAAACGGGATTGTAAAGAGCGCTTAGCTGAGGATGATATCGCAGAAAAAGGTTTTTACTTGTATGGATAT  
CCACGTACTATTGAACAAGCACACGCCCTTAGATGCTACGCTTGAAGAAGTACGCTTAGATGGTGTATTATTAATTAAGT  
GGATCCATCATGTCTTATAGAGCGTTTGTAGTGGTCTGATTATCAATCGTAAAACCTGGTGAACTTTCCACAAAGTGTTCACCCAC  
CAGTAGATTATAAAGAAGAAGATTACTATCAACGTGAAGATGATAAGCCTGAAACTGTCAAACGTGCTTGGACGTTAATATTGCT  
CAAGGAGAACCTATTCTTGAACACTATCGTAAGCTTGGTCTTGTACAGATATTGAAGGTAATCAAGAAATAACAGAAGTTTTTGC  
AGATGTTGAAAAAGCGTTGCTAGAACTCAAA

SEQ ID NO. 2103: SAG0079 FROM THE 1169NT1 GBS TYPE V STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)

TGGTAAAGGGACTCAAGCAGCTAAGATGTTGAAGAATTTGGTGTTGCGCACATCTCAACAGGGGATATGTTCCGCGCCGCAATGG  
CTAATCAAACCGAAATGGGACGTTTAGCTAAAAGTTATATTGATAAAGGTGAATTGGTCTCTGATCAAGTAACAAACGGGATTGTA  
AAAGAGCGCTTAGCTGAGGATGATATCGCAGAAAAAGGTTTTTACTTGTATGGGTATCCACGTACTATTGAACAAGCACACGCCCT  
AGATGCTACGCTTGAAGAAGTACGCTTAGATGGTGTATTATTAATTAAGTGGATCCATCATGTCTTATAGAGCGTTTGA  
GTGGTCTGATTATCAATCGTAAAACCTGGTGAACTTTCCACAAAGTGTTCACCCACCAGTAGATTATAAAGAAGAAGATTACTAT  
CAACGTGAAGATGATAAGCCTGAAACTGTCAAACGTGCTTGGACGTTTATATTGCTCAAGGAGAACCTATTCTTGAACACTATAG  
TAAGCTTGGCCTTGTACAGATATTGAAGGTAATCAAGAAATAA

SEQ ID NO. 2104: SAG0079 FROM THE 18RS21 GBS TYPE II STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)

AATCTTTTAACCACGGGTTGCTGGTAAAGGTAAGTCAAGCAGCTAAGATCGTTGAAGAATTTGGTGTTGCTCACATCTC  
AACAGGGGATATGTTCCGCGCCGCAATGGCTAATCAAACCGAAATGGGACGTTTAGCTAAAAGTTATATTGATAAAGGTGAATTGG  
TTCTGTATGAAGTAACAAACGGGATTGTAAAGAGCGCTTAGCTGAGGATGATATCGCAGAAAAAGGTTTTTACTTGTATGGATAT  
CCACGTACTATTGAACAAGCACACGCCCTTAGATGCTACGCTTGAAGAAGTACGCTTAGATGGTGTATTATTAATTAAGT  
GGATCCATCATGTCTTATAGAGCGTTTGTAGTGGTCTGATTATCAATCGTAAAACCTGGTGAACTTTCCACAAAGTGTTCACCCAC  
CAGTAGATTATAAAGAAGAAGATTACTATCAACGTGAAGATGATAAGCCTGAAACTGTCAAACGTGCTTGGACGTTAATATTGCT  
CAAGGAGAACCTATTCTTGAACACTATCGTAAGCTTGGTCTTGTACAGATATTGAAGGTAATCAAGAAATAACAGAAGTTTTTGC  
AGATGTTGAAAAAGCGTTGCTAGAA

SEQ ID NO. 2105: SAG0079 FROM THE 2603V/R GBS TYPE V STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)

AATCTTTTAATTATGGGTTTGCTGGTAAAGGTAAGTCAAGCAGCTAAGATCGTTGAAGAATTTGGTGTTGCTCACATCTC  
AACAGGGGATATGTTCCGCGCCGCAATGGCTAATCAAACCGAAATGGGACGTTTAGCTAAAAGTTATATTGATAAAGGTGAATTGG  
TTCTGTATGAAGTAACAAACGGGATTGTAAAGAGCGCTTAGCTGAGGATGATATCGCAGAAAAAGGTTTTTACTTGTATGGATAT  
CCACGTACTATTGAACAAGCACACGCCCTTAGATGCTACGCTTGAAGAAGTACGCTTAGATGGTGTATTATTAATTAAGT  
GGATCCATCATGTCTTATAGAGCGTTTGTAGTGGTCTGATTATCAATCGTAAAACCTGGTGAACTTTCCACAAAGTGTTCACCCAC  
CAGTAGATTATAAAGAAGAAGATTACTATCAACGTGAAGATGATAAGCCTGAAACTGTCAAACGTGCTTGGACGTTAATATTGCT  
CAAGGAGAACCTATTCTTGAACACTATCGTAAGCTTGGTCTTGTACAGATATTGAAGGTAATCAAGAAATAACAGAAGTTTTTGC  
AGATGTTGAAAAAGCGTTG

SEQ ID NO. 2106: SAG0079 FROM THE A909 GBS TYPE Ia STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)

AATCTTTTAATTATGGGTTTGCTGGTAAAGGTAAGTCAAGCAGCTAAGATCGTTGAAGAATTTGGTGTTGCTCACATCTC  
AACAGGGGATATGTTCCGCGCCGCAATGGCTAATCAAACCGAAATGGGACGTTTAGCTAAAAGTTATATTGATAAAGGTGAATTGG  
TTCTGTATGAAGTAACAAACGGGATTGTAAAGAGCGCTTAGCTGAGGATGATATCGCAGAAAAAGGTTTTTACTTGTATGGATAT  
CCACGTACTATTGAACAAGCACACGCCCTTAGATGCTACGCTTGAAGAAGTACGCTTAGATGGTGTATTATTAATTAAGT  
GGATCCATCATGTCTTATAGAGCGTTTGTAGTGGTCTGATTATCAATCGTAAAACCTGGTGAACTTTCCACAAAGTGTTCACCCAC  
CAGTAGATTATAAAGAAGAAGATTACTATCAACGTGAAGATGATAAGCCTGAAACTGTCAAACGTGCTTGGACGTTAATATTGCT  
CAAGGAGAATCTATTCTTGAACACTATCGAAAGCTTGGTCTTGTACAGATATTGAAGGTAATCAAGAAATAACAGAAGTTTTTGC  
CAAGGAGAATCTATTCTTGAACACTATCGAAAGCTTGGTCTTGTACAGATATTGAAGGTAAT

## SEQUENCE LISTING

SEQ ID NO. 2107: SAG0079 FROM THE CJB110 GBS NONTYPEABLE STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)  
AATCTTTTAACCACGGGTTTGCTTGGTGCTGGTAAAGGTAAGCTCAAGCAGCTAAGATCGTTGAAGAATTTGGTGTGCTCACATCTC  
AACAGGGGATATGTTCCGCGCCGCAATGGCTAATCAAACCGAAATGGGACGTTTAGCTAAAAGTTATATTGATAAAGGTGAATTGG  
TTCCTGATGAAGTAACAAACGGGATTGTAAAAGAGCGCTTAGCTGAGGATGATATCGCAGAAAAAGGTTTTTTACTTGATGGATAT  
CCACGTACTATTGAACAAGCACACGCCTTAGATGCTACGCTTGAAGAACTAGGACTACGCTTAGATGGTGTATTAAATATTAAAGT  
GGATCCATCATGTCTTATAGAGCGTTTGAGTGGTCGTATTATCAATCGTAAAACCTGGTGAAACTTTCCACAAAGTGTTCACCCAC  
CAGTAGATTATAAAGAAGAAGATTACTATCAACGTGAAGATGATAAGCCTGAAACTGTCAAACGTCGCTTGGACGTTAATATTGCT  
CAAGGAGAACCTATTCTTGAACACTATAG

SEQ ID NO. 2108: SAG0079 FROM THE COH1 GBS TYPE III STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)  
ATCTTTTAATTATGGGTTTGCTTGGTGCTGGTAAAGGTAAGCTCAAGCAGCTAAGATTGTTGAAGAATTTGGTGTGCTCACATCTCA  
ACAGGGGATATGTTCCGCGCCGCAATGGCTAATCAAACCGAAATGGGACGTTTAGCTAAAAGTTATATTGATAAAGGTGAATTGGT  
TCCTGATGAAGTAACAAACGGGATTGTAAAAGAGCGCTTAGCTGAGGATGATATCGCAGAAAAAGGTTTTTTACTTGATGGATATC  
CACGTACTATTGAGCAAGCACACGCCTTAGATGCTACGCTTGAAGAACTAGGACTACGCTTAGATGGTGTATTAAATATTAAAGT  
GATCCACATGCCTTATAGAGCGTTTGAGTGGCCGTATTATCAATCGTAAAACCTGGTGAAACTTTCCACAAAGTGTTCACCCAC  
AGTAGATTATAAAGAAGAAGATTACTATCAACGTGAAGATGATAAGCCTGAAACTGTCAAACGTCGCTTGGACGTTAATATTGCTC  
AAGGAGAACCTATTCTTGAACACTATCGTAAGCTTGGTCTTGTTACAGATATTGAAGGTAATCAAGAAATAACAGAAGTTTTTGCA  
GATGTTGAAAAAGCGTTGCTAG

SEQ ID NO. 2109: SAG0079 FROM THE H36b GBS TRYP 1b STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)  
CAGGGGATATGTTCCGCGCCGCAATGGCTAATCAAACCGAAATGGGACGTTTAGCTAAAAGTTATATTGATAAAGGTGAATTGGT  
CCTGATGAAGTAACAAACGGGATTGTAAAAGAGCGCTTAGCTGAGGATGATATCGCAGAAAAAGGTTTTTTACTTGATGGATATCC  
ACGTACTATTGAACAAGCACACGCCTTAGATGCTACGCTTGAAGAACTAGGACTACGCTTAGATGGTGTATTAAATATTAAAGTGG  
ATCCATCATGTCTTATAGAGCGTTTGAGTGGTCGTATTATCAATCGTAAAACCTGGTGAAACTTTCCACAAAGTGTTCACCCACCA  
GTAGATTATAAAGAAGAAGATTACTATCAACGTGAAGATGATAAGCCTGAAACTGTCAAACGTCGCTTGGACGTTAATATTGCTCA  
AGGAGAACTATTCTTGAACACTATCGTAAGCTTGGTCTTGTTACAGATATTGAAGGTAATCAAGAAATAACAGAAGTTTTTGCA  
ATGTTGAAAAAGCGTTGCT

SEQ ID NO. 2110: SAG0079 FROM THE JM9130013 GBS TYPE VIII STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)  
AATCTTTTAATTATGGGTTTGCTTGGTGCTGGTAAAGGTAAGCTCAAGCAGCTAAGATCGTTGAAGAATTTGGTGTGCTCACATCTC  
AACAGGGGATATGTTCCGCGCCGCAATGGCTAATCAAACCGAAATGGGACGTTTAGCTAAAAGTTATATTGATAAAGGTGAATTGG  
TTCCTGATGAAGTAACAAACGGGATTGTAAAAGAGCGCTTAGCTGAGGATGATATCGCAGAAAAAGGTTTTTTACTTGATGGATATC  
CCACGTACTATTGAACAAGCACACGCCTTAGATGCTACGCTTGAAGAACTAGGACTACGCTTAGATGGTGTATTAAATATTAAAGT  
GGATCCATCATGTCTTATAGAGCGTTTGAGTGGTCGTATTATCAATCGTAAAACCTGGTGAAACTTTCCACAAAGTGTTCACCCAC  
CAGTAGATTATAAAGAAGAAGATTACTATCAACGTGAAGATGATAAGCCTGAAACTGTCAAACGTCGCTTGGACGTTAATATTGCTC  
CAAGGAGAACCTATTCTTGAACACTATCGTAAGCTTGGTCTTGTTACAGATATTGAAGGTAATCAAGAAATAACAGAAGTTTTTGCA  
GATGTTGAAAAAGCGTTGCT

SEQ ID NO. 2111: SAG0079 FROM THE M732 GBS TYPE III STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)  
CTTTTAATTATGGGTTTGCTTGGTGCTGGTAAAGGTAAGCTCAAGCAGCTAAGATTGTTGAAGAATTTGGTGTGCTCACATCTCAAC  
AGGGGATATGTTCCGCGCCGCAATGGCTAATCAAACCGAAATGGGACGTTTAGCTAAAAGTTATATTGATAAAGGTGAATTGGTTC  
CTGATGAAGTAACAAACGGGATTGTAAAAGAGCGCTTAGCTGAGGATGATATCGCAGAAAAAGGTTTTTTACTTGATGGATATCCA  
CGTACTATTGAGCAAGCACACGCCTTAGATGCTACGCTTGAAGAACTAGGACTACGCTTAGATGGTGTATTAAATATTAAAGTGG  
TCCAACATGCCTTATAGAGCGTTTGAGTGGCCGTATTATCAATCGTAAAACCTGGTGAAACTTTCCACAAAGTGTTCACCCACCA  
GTAGATTATAAAGAAGAAGATTACTATCAACGTGAAGATGATAAGCCTGAAACTGTCAAACGTCGCTTGGACGTTAATATTGCTCAA  
GGAGAACCTATTCTTGAACACTATCGTAAGCTTGGTCTTGTTACAGATATTGAAGGTAATCAAGAAATAACAGAAGTTTTTGCA  
GATGTTGAAAAAGCGTTGCTAGAACTCAA

SEQ ID NO. 2112: SAG0079 FROM THE M781 GBS TYPE III STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)  
AATCTTTTAATTACGGGTTTGCTTGGTGCTGGTAAAGGTAAGCTCAAGCAGCTAAGATTGTTGAAGAATTTGGTGTGCTCACATCTC  
AACAGGGGATATGTTCCGCGCCGCAATGGCTAATCAAACCGAAATGGGACGTTTAGCTAAAAGTTATATTGATAAAGGTGAATTGG  
TTCCTGATGAAGTAACAAACGGGATTGTAAAAGAGCGCTTAGCTGAGGATGATATCGCAGAAAAAGGTTTTTTACTTGATGGATAT  
CCACGTACTATTGAGCAAGCACACGCCTTAGATGCTACGCTTGAAGAACTAGGACTACGCTTAGATGGTGTATTAAATATTAAAGT  
GGATCCAACATGCCTTATAGAGCGTTTGAGTGGCCGTATTATCAATCGTAAAACCTGGTGAAACTTTCCACAAAGTGTTCACCCAC  
CAGTAGATTATAAAGAAGAAGATTACTATCAACGTGAAGATGATAAGCCTGAAACTGTCAAACGTCGCTTGGACGTTAATATTGCTCAA  
CAA

>SEQ ID NO 2150:090 frame: 1  
NLLIMGLPGAGKGTQAAKIVEEFGVAHISTGDMFRAAMANQTEMGR LAKSYIDKGELVPD  
EVTNGIVKERLAEDDIAEKGFLLDGYPRTEIQAHALDLEELGLRLDGVINIKVDPSC  
IERLSGRIINRKTGEYFHKVFNPVDYKEEDYYQREDDKPETVKRRLDVNIAQGEPILEH  
YRKLGLVDIEGNQEITEVFADVEKALLELK

>SEQ ID NO 2151:114\_1169NT frame: 2

## SEQUENCE LISTING

GKGTQAAKIVEEFGVAHISTGDMFRAAMANQTEMGR LAKSYIDKGELVPDQVTNGIVKER  
LAEDDIAEKGFLLDGYPTIEQAHALDATLEELGLRLDGVINIKVDPSC LIERLSGRIIN  
RKTGETFHKVFNPVDYKEEDYYQREDDKPETVKRRLDVHIAQGEPILEHYSKLG LVTDI  
EGNQEI

>SEQ ID NO 2152: 114\_18RS21 frame: 1

NLLTTGSPGAGKGTQAAKIVEEFGVAHISTGDMFRAAMANQTEMGR LAKSYIDKGELVPD  
EVTNGIVKERLAEDDIAEKGFLLDGYPTIEQAHALDATLEELGLRLDGVINIKVDPSC L  
IERLSGRIINRKTGETFHKVFNPVDYKEEDYYQREDDKPETVKRRLDVNIAQGEPILEH  
YRKLGLVTDIEGNQEITEVFADVEKALLE

>SEQ ID NO 2153: 114\_2603 frame: 1

NLLIMGLPGAGKGTQAAKIVEEFGVAHISTGDMFRAAMANQTEMGR LAKSYIDKGELVPD  
EVTNGIVKERLAEDDIAEKGFLLDGYPTIEQAHALDATLEELGLRLDGVINIKVDPSC L  
IERLSGRIINRKTGETFHKVFNPVDYKEEDYYQREDDKPETVKRRLDVNIAQGEPILEH  
YRKLGLVTDIEGNQEITEVFADVEKAL

>SEQ ID NO 2154: 114\_A909 frame: 1

NLLIMGLPGAGKGTQAAKIVEEFGVAHISTGDMFRAAMANQTEMGR LAKSYIDKGELVPD  
EVTNGIVKERLAEDDIAEKGFLLDGYPTIEQAHALDATLEELGLRLDGVINIKVDPSC L  
IERLSGRIINRKTGETFHKVFNPVDYKEEDYYQREDDKPETVKRRLDVNIAQGESILEH  
YRKLGLVTDIEG

>SEQ ID NO 2155: 114\_A909 frame: 1

NLLIMGLPGAGKGTQAAKIVEEFGVAHISTGDMFRAAMANQTEMGR LAKSYIDKGELVPD  
EVTNGIVKERLAEDDIAEKGFLLDGYPTIEQAHALDATLEELGLRLDGVINIKVDPSC L  
IERLSGRIINRKTGETFHKVFNPVDYKEEDYYQREDDKPETVKRRLDVNIAQGESILEH  
YRKLGLVTDIEG

>SEQ ID NO 2156: 114\_CJB110 frame: 1

NLLTTGLLGAGKGTQAAKIVEEFGVAHISTGDMFRAAMANQTEMGR LAKSYIDKGELVPD  
EVTNGIVKERLAEDDIAEKGFLLDGYPTIEQAHALDATLEELGLRLDGVINIKVDPSC L  
IERLSGRIINRKTGETFHKVFNPVDYKEEDYYQREDDKPETVKRRLDVNIAQGEPILEH  
Y

>SEQ ID NO 2157: 114\_COH1 frame: 3

LLIMGLPGAGKGTQAAKIVEEFGVAHISTGDMFRAAMANQTMGR LAKSYIDKGELVPDE  
VTNGIVKERLAEDDIAEKGFLLDGYPTIEQAHALDATLEELGLRLDGVINIKVDPTCLI  
ERLSGRIINRKTGETFHKVFNPVDYKEEDYYQREDDKPETVKRRLDVNIAQGEPILEH  
RKLGLVTDIEGNQEITEVFADVEKALL

>SEQ ID NO 2158: 114\_H36B frame: 3

GDMFRAAMANQTEMGR LAKSYIDKGELVPDEVVTNGIVKERLAEDDIAEKGFLLDGYPTI  
EQAHALDATLEELGLRLDGVINIKVDPSC LIERLSGRIINRKTGETFHKVFNPVDYKEE  
DYYQREDDKPETVKRRLDVNIAQGESILEHYRKLGLVTDIEGNQEITEVFADVEKAL

>SEQ ID NO 2159: 114\_JM9130013 frame: 1

NLLIMGLPGAGKGTQAAKIVEEFGVAHISTGDMFRAAMANQTEMGR LAKSYIDKGELVPD  
EVTNGIVKERLAEDDIAEKGFLLDGYPTIEQAHALDATLEELGLRLDGVINIKVDPSC L  
IERLSGRIINRKTGETFHKVFNPVDYKEEDYYQREDDKPETVKRRLDVNIAQGEPILEH  
YKKLGLVTDIEGN

>SEQ ID NO 2160: 114\_M732 frame: 1

LLIMGLPGAGKGTQAAKIVEEFGVAHISTGDMFRAAMANQTMGR LAKSYIDKGELVPDE  
VTNGIVKERLAEDDIAEKGFLLDGYPTIEQAHALDATLEELGLRLDGVINIKVDPTCLI  
ERLSGRIINRKTGETFHKVFNPVDYKEEDYYQREDDKPETVKRRLDVNIAQGEPILEHY  
RKLGLVTDIEGNQEITEVFADVEKALLEK

>SEQ ID NO 2161: 114\_M781 frame: 1

NLLITGLPGAGKGTQAAKIVEEFGVAHISTGDMFRAAMANQTMGR LAKSYIDKGELVPD  
EVTNGIVKERLAEDDIAEKGFLLDGYPTIEQAHALDATLEELGLRLDGVINIKVDPTCL  
IERLSGRIINRKTGETFHKVFNPVDYKEEDYYQREDDKPETVKRRLDVNIAQ

SEQ ID NO. 2201: SAG0093 FROM THE 090 GBS TYPE Ia STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)



## SEQUENCE LISTING

AAGCCTAACAGTCAACAATCATCATCTCAAAAGTTGAGGAATGAGGATATAAAAAAGATATCCTCTCAAAAAAGAAATAAGAAATT  
ACAATTACCAGCTGTATCATCAAAAGATTGGAACCTTGATTTTGGTCAATCGTGACCATAAACATGAAGAATTAAGTCCAGATGTGG  
TTCCTGTTGAAAAATATTTATTTGGATAAACGTATTACGAAGCAAGCTACTCAGTTTTTTAGAGGCTGCTAGAGCAATTGATTCACGA  
GAACATTTAATTTCCGGGTTATCGTAGTGTTCCTATCAGGAGAAGTTGTTCAATTCCTTATGTTACTCAAGAGATGACTAGTAACCC  
TAATTTGACGAGGGGACAAGCAGAAAAGTTGGTAAAACTTACTCTCAGCCTGCAGGTGCTAGTGAACACCAGACTGGATTAGCGA  
TGGATATGAGTACTGTAGATTCTTTGAATGAGAGCGATCCTAGAGTAGTCAGTCAGTTGAAAAAGATAGCTCCACAATATGGTTTT  
GTCTTACGGTTTCCGGATGGTAAACAGCAGAAACAGGGGTAGGTTATGAAGATTGGCATTACCGCTATGTTGGGGTAGAGTCTGC  
AAAATATATGGCCAAACATCATTTAACATTAGAAGAATACATAACTTTATTAAAGGAGAATAACCAA

## SEQ ID NO. 2202: SAG0093 FROM THE 1169NT1 GBS TYPE V STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)

AAGCCTAACAGTCAACAATCATCACCTCAAAAGTTGAGGAATGAGGATATAAAAAAGATATCCTCTCAAAAAAGAAATAAGAAATT  
ACGATTACCAGCTGTATCATCAAAAGATTGGAACCTTGATTTTGGTCAATCGTGACCATAAACATGAAGAATTAAGTCCAGATGTGG  
TGCCTGTTGAAAAATATTTATTTGGATAAACGTATTACGAAGCAAGCTACTCAGTTTTTTAGAGGCTGCTAGAGCAATTGATTCACGA  
GAACATTTAATTTCCGGGTTATCGTAGTGTTCCTATCAGGAGAAGTTGTTCAATTCCTTATGTTACTCAAGAGATGACTAGTAACCC  
TAATTTGACGAGGGGACAAGCAGAAAAGTTGGTAAAACTTACTCTCAGCCTGCAGGTGCTAGTGAACACCAGACTGGATTAGCGA  
TGGATATGAGTACTGTAGATTCTTTGAATGAGAGCGATCCTAGAGTAGTCAGTCAGTTGAAAAAGATAGCTCCACAATATGGTTTT  
GTCTTACGGTTTCCGGATGGTAAACAGCAGAAACAGGGGTAGGTTATGAAGATTGGCATTACCGCTATGTTGGGGTAGAGTCTGC  
AAAATATATGGCCGAACATCGTTTAACATTAGAAGAATACATAACTTTATTAAAGGAGAATAACCAA

## SEQ ID NO. 2203: SAG0093 FROM THE 18RS21 GBS TYPE II STRAIN

AAGCCTAACAGTCAACAATCATCATCTCAAAAGTTGAGGAATGAGGATATAAAAAAGATATCCTCTCAAAAAAGAAATAAGAAATT  
ACAATTACCAGCTGTATCATCAAAAGATTGGAACCTTGATTTTGGTCAATCGTGACCATAAACATGAAGAATTAAGTCCAGATGTGG  
TTCCTGTTGAAAAATATTTATTTGGATAAACGTATTACGAAGCAAGCTACTCAGTTTTTTAGAGGCTGCTAGAGCAATTGATTCACGA  
GAACATTTAATTTCCGGGTTATCGTAGTGTTCCTATCAGGAGAAGTTGTTCAATTCCTTATGTTACTCAAGAGATGACTAGTAACCC  
TAATTTGACGAGGGGACAAGCAGAAAAGTTGGTAAAACTTACTCTCAGCCTGCAGGTGCTAGTGAACACCAGACTGGATTAGCGA  
TGGATATGAGTACTGTAGATTCTTTGAATGAGAGCGATCCTAGAGTAGTCAGTCAGTTGAAAAAGATAGCTCCACAATATGGTTTT  
GTCTTACGGTTTCCGGATGGTAAACAGCAGAAACAGGGGTAGGTTATGAAGATTGGCATTACCGCTATGTTGGGGTAGAGTCTGC  
AAAATATATGGCCAAACATCATTTAACATTAGAAGAATACATAACTTTATTAAAGGAGAATAACCAA

## SEQ ID NO. 2204: SAG0093 FROM THE 2603V/R GBS TYPE V STRAIN

ACAGTCAACAATCATCATCTCAAAAGTTGAGGAATGAGGATATAAAAAAGATATCCTCTCAAAAAAGAAATAAGAAATTACAATTA  
CCAGCTGTATCATCAAAAGATTGGAACCTTGATTTTGGTCAATCGTGACCATAAACATGAAGAATTAAGTCCAGATGTGGTTCCTGT  
TGAAAAATATTTATTTGGATAAACGTATTACGAAGCAAGCTACTCAGTTTTTTAGAGGCTGCTAGAGCAATTGATTCACGAGAACATT  
TAATTTCCGGGTTATCGTAGTGTTCCTATCAGGAGAAGTTGTTCAATTCCTTATGTTACTCAAGAGATGACTAGTAACCCATAATTG  
ACGAGGGGACAAGCAGAAAAGTTGGTAAAACTTACTCTCAGCCTGCAGGTGCTAGTGAACACCAGACTGGATTAGCGATGGATAT  
GAGTACTGTAGATTCTTTGAATGAGAGCGATCCTAGAGTAGTCAGTCAGTTGAAAAAGATAGCTCCACAATATGGTTTTGTCTTAC  
GGTTTCCGGATGGTAAACAGCAGAAACAGGGGTAGGTTATGAAGATTGGCATTACCGCTATGTTGGGGTAGAGTCTGCAAAATAT  
ATGGCCAAACATCATTTAACATTAGAAGAATACATAACTTTATTAAAGGAGAATAACCAAACCCAGCTTTCTTGTCACAA

## SEQ ID NO. 2205: SAG0093 FROM THE A909 GBS TYPE Ia STRAIN

AAGCCTAACAGTCAACAATCATCATCTCAAAAGTTGAGGAATGAGGATATAAAAAAGATATCCTCTCAAAAAAGAAATAAGAAATT  
ACGATTACCAGCTGTATCATCAAAAGATTGGAACCTTGATTTTGGTCAATCGTGACCATAAACATGAAGAATTAAGTCCAGATGTGG  
TGCCTGTTGAAAAATATTTATTTGGATAAACGTATTACGAAGCAAGCTACTCAGTTTTTTAGAGGCTGCTAGAGCAATTGATTCACGA  
GAACATTTAATTTCCGGGTTATCGTAGTGTTCCTATCAGGAGAAGTTGTTCAATTCCTTATGTTACTCAAGAGATGACTAGTAACCC  
TAATTTGACGAGGAACAGCAGAAAAGTTGGTAAAACTTACTCTCAGCCTGCAGGTGCTAGTGAACACCAGACTGGATTAGCGA  
TGGATATGAGTACTGTAGATTCTTTGAATGAGAGCGATCCTAGAGTAGTCAGTCAGTTGAAAAAGATAGCTCCACAATATGGTTTT  
GTCTTACGGTTTCCGGATGGTAAACAGCAGAAACAGGGGTAGGTTATGAAGATTGGCATTACCGCTATGTTGGGGTAGAGTCTGC  
AAAATATATGGCCAAACATCATTTAACATTAGAAGAATACATAACTTTATTAAAGGAGAATAACCAAACCCAGCTTTCTTGTCACAA

## SEQ ID NO. 2206: SAG0093 FROM THE CJB110 GBS NONTYPEABLE STRAIN

AAGCCTAACAGTCAACAATCATCATCTCAAAAGTTGAGGAATGAGGATATAAAAAAGATATCCTCTCAAAAAAGAAATAAGAAATT  
TACAATTACCAGCTGTATCATCAAAAGATTGGAACCTTGATTTTGGTCAATCGTGACCATAAACATGAAGAATTAAGTCCAGATGTG  
GTTCTGTTGAAAAATATTTATTTGGATAAACGTATTACGAAGCAAGCTACTCAGTTTTTTAGAGGCTGCTAGAGCAATTGATTCACG  
AGAACATTTAATTTCCGGGTTATCGTAGTGTTCCTATCAGGAGAAGTTGTTCAATTCCTTATGTTACTCAAGAGATGACTAGTAACC  
CTAATTTGACGAGGGGACAAGCAGAAAAGTTGGTAAAACTTACTCTCAGCCTGCAGGTGCTAGTGAACACCAGACTGGATTAGCG  
ATGGATATGAGTACTGTAGATTCTTTGAATGAGAGCGATCCTAGAGTAGTCAGTCAGTTGAAAAAGATAGCTCCACAATATGGTTTT  
TGTCTTACGGTTTCCGGATGGTAAACAGCAGAAACAGGGGTAGGTTATGAAGATTGGCATTACCGCTATGTTGGGGTAGAGTCTG  
CAAAATATATGGCCAAACATCATTTAACATTAGAAGAATACATAACTTTATTAAAGGAGAATAACCAA

## SEQ ID NO. 2207: SAG0093 FROM THE COH1 GBS TYPE III STRAIN

CCTAACAGTCAACAATCATCATCTCAAAAGTTGAGGAATGAGGATATAAAAAAGATATCCTCTCAAAAAAGAAATAAGAAATTAC  
GATTACCAGCTGTATCATCAAAAGATTGGAACCTTGATTTTGGTCAATCGTGACCATAAACATGAAGAATTAAGTCCAGATGTGGTG  
CCTGTTGAAAAATATTTATTTGGATAAACGTATTACGAAGCAAGCTACTCAGTTTTTTAGAGGCTGCTAGAGCAATTGATTCACGAGA  
ACATTTAATTTCCGGGTTATCGTAGTGTTCCTATCAGGAGAAGTTGTTCAATTCCTTATGTTACTCAAGAGATGACTAGTAACCCTA

## SEQUENCE LISTING

ATTTGACGAGGGGACAAGCAGAAAAGTTGGTAAAACTTACTCTCAGCCTGCAGGTGCTAGTGAACACCAGACTGGATTAGCGATG  
GATATGAGTACTGTAGATTCTTTGAATGAGAGCGATCCTAGAGTAGTCAGTCAGTTGAAAAAGATAGCTCCACAATATGGTTTGT  
CTTACGGTTTCCGGATGGTAAAACAGCAGAAACAGGGGTAGGTTATGAAGATTGGCATTACCGCTATGTTGGGGTAGAGTCTGCAA  
AATATATGGTCAAACATCATTTAACATTAGAAGAATACATAACTTTATTAAAGGAGAATAACCAAACCCAGCTTTCTTGACAA

## SEQ ID NO. 2208: SAG0093 FROM THE H36b GBS TYPE Ib STRAIN

AAGCCTAACAGTCAACAATCATCATCTCAAAAGTTGAGGAATGAGGATATAAAAAGACATCCTCTCAAAAAAGAAATAAGAAATT  
ACGATTACCAGCTGTATCATCAAAAGATTGGAACCTTGATTTTGGTCAATCGTGACCATAAACATGAAGAATTAAGTCCAGATGTGG  
TGCCTGTTGAAAATATTTATTTGGATAAACGTATTACGAAGCAAGCTACTCAGTTTGTAGAGGCTGCTAGAGCAATTGATTCACGA  
GAACATTTAATTTCCGGTTATCGTAGTGTTCCTATCAGGAGAAGTTGTTCAATCTTATGTTACTCAWGAATGACTAGTAACCC  
TAATTTGACGAAGGAACAAGCAGAAAAGTTGGTAAAACTTACTCTCAGCCTGCAGGTGCTAGTGAACACCAGACTGGATTAGCGA  
TGGATATGAGTACTGTAGATTCTTTGAATGAGAGCGATCCTAGAGTAGTCAGTCAGTTGAAAAAGATAGCTCCACAATATGGTTT  
GTCTTACGGTTTCCGGATGGTAAAACAGCAGAAACAGGGGTAGGTTATGAAGATTGGCATTACCGCTATGTTGGGGTAGAGTCTGC  
AAAATATATGGCCAAACATCATTTAACATTAGAAGAATACATAACTTTATTAAAGGAGAATAACCAA

## SEQ ID NO. 2209: SAG0093 FROM THE JM9130013 GBS TYPE VIII STRAIN

AAGCCTAACAGTCAACAATCATCATCTCAAAAGTTGAGGAATGAGGATATAAAAAGATATCCTCTCAAAAAAGAAATAAGAAATT  
ACAAATTACCAGCTGTATCATCAAAAGATTGGAACCTTGATTTTGGTCAATCGTGACCATAAACATGAAGAATTAAGTCCAGATGTGG  
TTCCTGTTGAAAATATTTATTTGGATAAACGTATTACGAAGCAAGCTACTCAGTTTGTAGAGGCTGCTAGAGCAATTGATTCACGA  
GAACATTTAATTTCCGGTTATCGTAGTGTTCCTATCAGGAGAAGTTGTTCAATCTTATGTTACTCAAGAGATGACTAGTAACCC  
TAATTTGACGAGGGGACAAGCAGAAAAGTTGGTAAAACTTACTCTCAGCCTGCAGGTGCTAGTGAACACCAGACTGGATTAGCGA  
TGGATATGAGTACTGTAGATTCTTTGAATGAGAGCGATCCTAGAGTAGTCAGTCAGTTGAAAAAGATAGCTCCACAATATGGTTT  
GTCTTACGGTTTCCGGATGGTAAAACAGCAGAAACAGGGGTAGGTTATGAAGATTGGCATTACCGCTATGTTGGGGTAGAGTCTGC  
AAAATATATGGCCAAACATCATTTAACATTAGAAGAATACATAACTTTATTAAAGGAGAATAACCAA

## SEQ ID NO. 2210: SAG0093 FROM THE M732 GBS TYPE III STRAIN

AGCCTAACAGTCAACAATCATCATCTCAAAAGTTGAGGAATGAGGATATAAAAAGACATCCTCTCAAAAAAGAAATAAGAAATTA  
CGATTACCAGCTGTATCATCAAAAGATTGGAACCTTGATTTTGGTCAATCGTGACCATAAACATGAAGAATTAAGTCCAGATGTGGT  
GCCTGTTGAAAATATTTATTTGGATAAACGTATTACGAAGCAAGCTACTCAGTTTGTAGAGGCTGCTAGAGCAATTGATTCACGAG  
AACATTTAATTTCCGGTTATCGTAGTGTTCCTATCAGGAGAAGTTGTTCAATCTTATGTTACTCAAGAGATGACTAGTAACCC  
AATTTGACGAGGGGACAAGCAGAAAAGTTGGTAAAACTTACTCTCAGCCTGCAGGTGCTAGTGAACACCAGACTGGATTAGCGAT  
GGATATGAGTACTGTAGATTCTTTGAATGAGAGCGATCCTAGAGTAGTCAGTCAGTTGAAAAAGATAGCTCCACAATATGGTTT  
TCTTACGGTTTCCGGATGGTAAAACAGCAGAAACAGGGGTAGGTTATGAAGATTGGCATTACCGCTATGTTGGGGTAGAGTCTGCA  
AAATATATGGTCAAACATCATTTAACATTAGAAGAATACATAACTTTATTAAAGGAGAATAACCAAACCCAGCTTTCTT

## SEQ ID NO. 2211: SAG0093 FROM THE M781 GBS TYPE III STRAIN

AAGCCTAACAGTCAACAATCATCATCTCAAAAGTTGAGGAATGAGGATATAAAAAGACATCCTCTCAAAAAAGAAATAAGAAATT  
ACGATTACCAGCTGTATCATCAAAAGATTGGAACCTTGATTTTGGTCAATCGTGACCATAAACATGAAGAATTAAGTCCAGATGTGG  
TGCCTGTTGAAAATATTTATTTGGATAAACGTATTACGAAGCAAGCTACTCAGTTTGTAGAGGCTGCTAGAGCAATTGATTCACGA  
GAACATTTAATTTCCGGTTATCGTAGTGTTCCTATCAGGAGAAGTTGTTCAATCTTATGTTACTCAAGAGATGACTAGTAACCC  
TAATTTGACGAGGGGACAAGCAGAAAAGTTGGTAAAACTTACTCTCAGCCTGCAGGTGCTAGTGAACACCAGACTGGATTAGCGA  
TGGATATGAGTACTGTAGATTCTTTGAATGAGAGCGATCCTAGAGTAGTCAGTCAGTTGAAAAAGATAGCTCCACAATATGGTTT  
GTCTTACGGTTTCCGGATGGTAAAACAGCAGAAACAGGGGTAGGTTATGAAGATTGGCATTACCGCTATGTTGGGGTAGAGTCTGC  
AAAATATATGGTCAAACATCATTTAACATTAGAAGAATACATAACTTTATTAAAGGAGAATAACCAA

## &gt;SEQ ID NO 2250: 18\_090 frame: 1

KPNSQQSSSQKLNRNEDIKISSQKRNNKLQLPVSSKDWNLILVNRDHKHEELSPDVVPV  
ENIYLDKRITKQATQFLEAARAIDSREHLISGYRSVAYQEKLFNSYVTQEMTSNPNLTRG  
QAEKLVKTYSPAGASEHQTGLAMDSTVDSLNESDPRVVSQKKIAPQYGFVLRFPDGG  
TAETGVGYEDWHYRVGVESAKYMAKHHLTLEEYITLLKENNQ

## &gt;SEQ ID NO 2251: 18\_1169NT frame: 1

KPNSQQSSPQKLNRNEDIKISSQKRNNKLRLPAVSSKDWNLILVNRDHKHEELSPDVVPV  
ENIYLDKRITKQATQFLEAARAIDSREHLISGYRSVAYQEKLFNSYVTQEMTSNPNLTRG  
QAEKLVKTYSPAGASEHQTGLAMDSTVDSLNESDPRVVSQKKIAPQYGFVLRFPDGG  
TAETGVGYEDWHYRVGVESAKYMAEHRLTLEEYITLLKENNQ

## &gt;SEQ ID NO 2252: 18\_18RS21 frame: 1

KPNSQQSSSQKLNRNEDIKISSQKRNNKLQLPVSSKDWNLILVNRDHKHEELSPDVVPV  
ENIYLDKRITKQATQFLEAARAIDSREHLISGYRSVAYQEKLFNSYVTQEMTSNPNLTRG  
QAEKLVKTYSPAGASEHQTGLAMDSTVDSLNESDPRVVSQKKIAPQYGFVLRFPDGG  
TAETGVGYEDWHYRVGVESAKYMAKHHLTLEEYITLLKENNQ

## &gt;SEQ ID NO 2253: 18\_2603 frame: 3

## SEQUENCE LISTING

SQQSSSQKLNRNEDIKISSQKRNNKLQLPVSSKDOWNLILVNRDHKHEELSPDVVPVENI  
YLDKRITKQATQFLEAARAIDSREHLISGYRSVAYQEKLFNSYVTQEMTSNPNLTRGQAE  
KLVKTYSPAGASEHQTGLAMDSTVDSLNE SDPRVVSQKKIAPQYGFVLRFPDGKTAE  
TGVGYEDWHYRYVGVESAKYMAKHHLTLEEYITLLKENNQNPFLY

## &gt;SEQ ID NO 2254: 18\_A909 frame: 1

KPNSQQSSSQKLNRNEDIKISSQKRNNKLQLPVSSKDOWNLILVNRDHKHEELSPDVVPV  
ENIYLDKRITKQATQFLEAARAIDSREHLISGYRSVAYQEKLFNSYVTQEMTSNPNLTKE  
QAEKLVKTYSPAGASEHQTGLAMDSTVDSLNE SDPRVVSQKKIAPQYGFVLRFPDGK  
TAETGVGYEDWHYRYVGVESAKYMAKHHLTLEEYITLLKENNQ

## &gt;SEQ ID NO 2255: 18\_CJB110 frame: 1

KPNSQQSSSQKLNRNEDIKISSQKRNNKFTITSCIIRLELDFGQS

## &gt;SEQ ID NO 2256: 18\_COH1 frame: 1

PNSQQSSSQKLNRNEDIKISSQKRNN

## &gt;SEQ ID NO 2257: 18\_H36B frame: 1

KPNSQQSSSQKLNRNEDIKISSQKRNNKLQLPVSSKDOWNLILVNRDHKHEELSPDVVPV  
ENIYLDKRITKQATQFLEAARAIDSREHLISGYRSVAYQEKLFNSYVTXEMTSNPNLTKE  
QAEKLVKTYSPAGASEHQTGLAMDSTVDSLNE SDPRVVSQKKIAPQYGFVLRFPDGK  
TAETGVGYEDWHYRYVGVESAKYMAKHHLTLEEYITLLKENNQ

## &gt;SEQ ID NO 2258: 18\_JM9130013 frame: 1

KPNSQQSSSQKLNRNEDIKISSQKRNNKLQLPVSSKDOWNLILVNRDHKHEELSPDVVPV  
ENIYLDKRITKQATQFLEAARAIDSREHLISGYRSVAYQEKLFNSYVTQEMTSNPNLTRG  
QAEKLVKTYSPAGASEHQTGLAMDSTVDSLNE SDPRVVSQKKIAPQYGFVLRFPDGK  
TAETGVGYEDWHYRYVGVESAKYMAKHHLTLEEYITLLKENNQ

## &gt;SEQ ID NO 2259: 18\_M732 frame: 3

PNSQQSSSQKLNRNEDIKISSQKRNNKLQLPVSSKDOWNLILVNRDHKHEELSPDVVPVE  
NIYLDKRITKQATQFLEAARAIDSREHLISGYRSVAYQEKLFNSYVTQEMTSNPNLTRGQ  
AEKLVKTYSPAGASEHQTGLAMDSTVDSLNE SDPRVVSQKKIAPQYGFVLRFPDGKT  
AETGVGYEDWHYRYVGVESAKYMKHHLTLEEYITLLKENNQNP

## &gt;SEQ ID NO 2260: 18\_M781 frame: 1

KPNSQQSSSQKLNRNEDIKISSQKRNNKLQLPVSSKDOWNLILVNRDHKHEELSPDVVPV  
ENIYLDKRITKQATQFLEAARAIDSREHLISGYRSVAYQEKLFNSYVTQEMTSNPNLTRG  
QAEKLVKTYSPAGASEHQTGLAMDSTVDSLNE SDPRVVSQKKIAPQYGFVLRFPDGK  
TAETGVGYEDWHYRYVGVESAKYMKHHLTLEEYITLLKENNQ

## SEQ ID NO. 2301: SAG0163 FROM THE 090 GBS TYPE III STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)

GGCAGTAGAAGTAAATGCTCAAGATATTTATATCATTCCCAAAGGTGATTGTTATGAACCTATATGCGTATTGATGATGAAAGGC  
GGTTTATTGATGTTTTTGGAGTTAATAGGATGGCTAGTCTTATTAGTCACTTTAAATTTGTGGCAGGCATGAACGTTGGAGAAAAA  
AGACGAAGTCAATTAGGTTCTTGTGACTATGAACGTGTCAGAGGGAAGACTGGTTTCATTACGACTATCGAGTGTGGGAGATTATCG  
TGGTCAAGAACTCTTAGTTATTCGTATTTTGTATTACAGGTCATCAGGACTTAAATATTTGGTTTGATAATATAAAGCAAATGAAGG  
AAGTACTGGGTACAAGAGGGCTATATCTTTTCCGGCCCTGTGGGGAGTGTTAAACAACCTCTCATGTATCAATTAGCTTCAGAA  
GTATTTAAAAATAAGCAAATATCACGATTGAAGATCCGGTAGAAATCAAGAATGACAAGATGTTACAACCTCCAATTGAATGAGGA  
TATTGGAATGACTTATGATGCTTTAATCAAACGTCTTTACGGCATCGTCCAGATATTTTAATTATCGGAGAGATTAGAGATCAAG  
CGACGGCCCGTCTGTTATTCGTGCAAGTTTAACGGGAGTGATGGTTTTTCTACTATTCATGCTAAAAGTATTTCCGGAGTCTAT  
GATAGGCTTATAGAATTAGGGGTTAACTATCAAGAGTTAGAAAATAGTCTAAAATTAATAGCATATCAACGTTTAATTGGAGGAGG  
AAGCCTAATTGACTTTGAGACAGGTAACCTTAAAAAACACTCATCAGACAAGTGGAATAGACAAGTGGATATCTTGGCTGAAGAAG  
GACATATCAGTAAGAAACAGGCACAAGTCGAAAAAATTATCCCTCAAGAAACAACGGAAGTAGTCCAACCTTTT

## SEQ ID NO. 2302: SAG0163 FROM THE 1169NT1 GBS TYPE V STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)

GGTGATTGTTATGAAACCTCTACTATTGCGTATTTGATGATGAAAGGCGGTTTATTGATGTTTTTGGAGTTAATAGGATGGCTAGT  
CTTATTAGTCACTTTAAATTTGTGGCAGGCATGAACGTTGGAGAAAAAAGACGAAGTCAATTAGGTTCTTGTGACTATGAACGTGTC  
AGAGGGAAGACTGGTTTCATTACGACTATCGAGTGTGGGAGATTATCGTGGTCAAGAATCTTTAGTTATTCGTATTTTGTATTTCAG  
GTCATCAGGACTTAAATATTTGGTTTGATAATATAAAGCAAATGAAGGAAGTACTGGGTACAAGAGGGCTATATCTTTTTTCCGGC  
CCTGTGGGGAGTGGTAAACAACCTCTCATGTATCAATTAGCTTCAGAAGTATTTAAAAATAAGCAAATATCACGATTGAAGATCC  
GGTAGAAATCAAGAATGACAAGATGTTACAACCTCAATGAGGATATTGGAATGACTTATGATGCTTTAATCAAACGTGCTT  
TACGGCATCGTCCAGATATTTAATTATCGGAGAGATTAGAGATCAAGCGACGGCTCGTGTCTTATTCGTGCAAGTTTAACGGGA  
GTGATGGTTTTTCTACTATTCATGCTAAAAGTATTTCCGGAGTCTATGATAGGCTTATAGAATTAGGGGTTAACTATCAAGAGTT

## SEQUENCE LISTING

AGAAAAAGTCTAAAATTAATAGCATATCAACGTTTAAATTGGAGGAGGAAGCCTAATTGACTTTGAGACAAGTAACTTTAAAAAAC  
 ACTCATCAGACAAGTGAATAGACAAGTGGATATCTTGGCTGAAGAAGGATATATCAGTAAGAAACAGGCACAAGTCGAAAAAATT  
 ATCCCTCAAGAAACAACGGAAAGTAGTCCAACTTTT

## SEQ ID NO. 2303: SAG0163 FROM THE 18RS21 GBS TYPE II STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)

GTTCAATCATTAGCAAAGCAAGTCATTCATCAGGCAGTAGAAGTAAATGCTCAAGATATTTATATCATTCCCAAAGGTGATTGTTA  
 TGAACCTATATGCGTATTGATGATGAAAGGCGGTTTATTGATGTTTTGAGTTTAAATAGGATGGCTAGTCTTATTAGTCACTTTA  
 AATTTGTGGCAGGCATGAACGTTGGAGAAAAAAGACGAAGTCAATTAGGTTCTTGTGACTATGAACTGTGAGGGGAAGACTGGTT  
 TCATTACGACTATCGAGTGTGGGAGATTATCGTGGTCAAGAATCTTTAGTTATTTCGTATTTTGTATTTCAGGTCATCAGGACTTAAA  
 ATATTGGTTTGATAATATAAAGCAAATGAAGGAAGTACTGGGTATAAGAGGGCTATATCTTTTTTCCGGCCCTGTGGGGAGTGGTA  
 AAACAACCTCTCATGTATCAATTAGCTTCAGAAGTATTTAAAAATAAGCAAATTTATCACGATTGAAGATCCGGTAGAAATCAAGAAT  
 GACAAGATGTTTACAACCTCAATTGAATGAGGATATTGGAATGACTTATGATGCTTTAATCAAACCTGTCTTTACGGCATCGTCCAGA  
 TATTTTAATTATCGGAGAGATTAGAGATCAAGCGACGGCCCGTGTATTTCGTGCAAGTTTAAACGGGAGTGATGGTTTTTTCTA  
 CTATTCATGCTAAAAGTATTCCCGGAGTCTATGATAGGCTTATAGAATTAGGGGTTAACTATCAAGAGTTAGAAAATAGTCTAAAA  
 TTAATAGCATATCAACGTTTAAATTGGAGGAGGAAGCCTAATTGACTTTGAGACAGGTAATTTTAAAAAACACTCATCAGACAAGTG  
 GAATAGACAAGTGGATATCTTGGCTGAAGAAGGACATATCAGTAAGAAACAGGCACAAGTCGAAAAAATTATCCCTCAAGAAACAA  
 CGGAAGTAGTCCAACTTTT

## SEQ ID NO. 2304: SAG0163 FROM THE 2603 V/R GBS TYPE V STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)

GATATTTATATCATTCCCAAAGGTGATTGTTATGAACTCTATATGCGTATTGATGATGAAAGGCGGTTTATTGATGTTTTGAGTT  
 TAATAGGATGGCTAGTCTTATTAGTCACTTTAAATTTGTGGCAGGCATGAACGTTGGAGAAAAAAGACGAAGTCAATTAGGTTCTT  
 GTGACTATGAACGTGTCAGAGGGAAGACTGGTTTCATTACGACTATCGAGTGTGGGAGATTATCGTGGTCAAGAATCTTTAGTTATT  
 CGTATTTTGTATTTCAGGTCATCAGGACTTAAAATATTGGTTTGATAATATAAAGCAAATGAAGGAAGTACTGGGTATAAGAGGGCT  
 ATATCTTTTTTCCGGCCCTGTGGGGAGTGGTAAAACAACCTCTCATGTATCAATTAGCTTCAGAAGTATTTAAAAATAAGCAAATTA  
 TCACGATTGAAGATCCGGTAGAAATCAAGAATGACAAGATGTTACAACCTCAATTGAATGAGGATATTGGAATGACTTATGATGCT  
 TTAATCAAACCTGTCTTTACGGCATCGTCCAGATATTTTAAATTATCGGAGAGATTAGAGATCAAGCGACGGCCCGTGTCTTTATTTCG  
 TGCAAGTTTAAACGGGAGTGATGGTTTTTTCTACTATTTCATGCTAAAAGTATTCCCGGAGTCTATGATAGGCTTATAGAATTAGGGG  
 TTAAGTATCAAGAGTTAGAAAATAGTCTAAAATTAATAGCATATCAACGTTTAAATTGGAGGAGGAAGCCTAATTGACTTTGAGACA  
 GGTAATTTTAAAAAACACTCATCAGACAAGTGAATAGACAAGTGGATATCTTGGCTGAAGAAGGACATATCAGTAAGAAACAGGC  
 ACAAGTGCGAAAAAATTATCCCTCAAGAAACAACGGAAAGTAGTCCAACTTTT

## SEQ ID NO. 2305: SAG0163 FROM THE A909 GBS TYPE Ia STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)

GTTCAATCATTAGCAAAGCAAGTCATTCATCAGGCAGTAGAAGTAAATGCTCAAGATATTTATATCATTCCCAAAGGTGATTGTTA  
 TGAACCTATATGCGTATTGATGATGAAAGGCGGTTTATTGATGTTTTGAGTTTAAATAGGATGGCTAGTCTTATTAGTCACTTTA  
 AATTTGTGGCAGGCATGAACGTTGGAGAAAAAAGACGAAGTCAATTAGGTTCTTGTGACTATGAACTGTGAGGGGAAGACTGGTT  
 TCATTACGACTATCGAGTGTGGGAGATTATCGTGGTCAAGAATCTTTAGTTATTTCGTATTTTGTATTTCAGGTCATCAGGACTTAAA  
 ATATTGGTTTGATAATATAAAGCAAATGAAGGAAGTACTGGGTATAAGAGGGCTATATCTTTTTTCCGGCCCTGTGGGGAGTGGTA  
 AAACAACCTCTCATGTATCAATTAGCTTCAGAAGTATTTAAAAATAAGCAAATTTATCACGATTGAAGATCCGGTAGAAATCAAGAAT  
 GACAAGATGTTACAACCTCAATTGAATGAGGATATTGGAATGACTTATGATGCTTTAATCAAACCTGTCTTTACGGCATCGTCCAGA  
 TATTTTAAATTATCGGAGAGATTAGAGATCAAGCGACGGCCCGTGTATTTCGTGCAAGTTTAAACGGGAGTGATGGTTTTTTCTA  
 CTATTCATGCTAAAAGTATTCCCGGAGTCTATGATAGGCTTATAGAATTAGGGGTTAACTATCAAGAGTTAGAAAATAGTCTAAAA  
 TTAATAGCATATCAACGTTTAAATTGGAGGAGGAAGCCTAATTGACTTTGAGACAGGTAATTTTAAAAAACACTCATCAGACAAGTG  
 GAATAGACAAGTGGATATCTTGGCTGAAGAAGGACATATCAGTAAGAAACAGGCACAAGTCGAAAAAATTATCCCTCAAGAAACAA  
 CGGAAGTAGTCCAACTTTT

## SEQ ID NO. 2306: SAG0163 FROM THE CJB110 GBS NONTYPEABLE STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)

GTTCAATCATTAGCAAAGCAAGTCATTCATCAGGCAGTAGAAGTAAATGCTCAAGATATTTATATCATTCCCAAAGGTGATTGTTA  
 TGAACCTATATGCGTATTGATGATGAAAGGCGGTTTATTGATGTTTTGAGTTTAAATAGGATGGCTAGTCTTATTAGTCACTTTA  
 AATTTGTGGCAGGCATGAACGTTGGAGAAAAAAGACGAAGTCAATTAGGTTCTTGTGACTATGAACTGTGAGGGGAAGACTGGTT  
 TCATTACGACTATCGAGTGTGGGAGATTATCGTGGTCAAGAATCTTTAGTTATTTCGTATTTTGTATTTCAGGTCATCAGGACTTAAA  
 ATATTGGTTTGATAATATAAAGCAAATGAAGGAAGTACTGGGTACAAGAGGGCTATATCTTTTTTCCGGCCCTGTGGGGAGTGGTA  
 AAACAACCTCTCATGTATCAATTAGCTTCAGAAGTATTTAAAAATAAGCAAATTTATCACGATTGAAGATCCGGTAGAAATCAAGAAT  
 GACAAGATGTTACAACCTCAATTGAATGAGGATATTGGAATGACTTATGATGCTTTAATCAAACCTGTCTTTACGGCATCGTCCAGA  
 TATTTTAAATTATCGGAGAGATTAGAGATCAAGCGACGGCCCGTGTATTTCGTGCAAGTTTAAACGGGAGTGATGGTTTTTTCTA  
 CTATTCATGCTAAAAGTATTCCCGGAGTCTATGATAGGCTTATAGAATTAGGGGTTAACTATCAAGAGTTAGAAAATAGTCTAAAA  
 TTAATAGCATATCAACGTTTAAATTGGAGGAGGAAGCCTAATTGACTTTGAGACAGGTAATTTTAAAAAACACTCATCAGACAAGTG  
 GAATAGACAAGTGGATATCTTGGCTGAAGAAGGACATATCAGTAAGAAACAGGCACAAGTCGAAAAAATTATCCCTCAAGAAACAA  
 CGGAAGTAGTCCAACTTTT

## SEQ ID NO. 2307: SAG0163 FROM THE COH1 GBS TYPE III STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)

AGGTGATTGTTATGAAATCTATATGCGTATTGATGATGAAAGGCGGTTTATTGATGTTTTGAGTTTAAATAGGATGGCTAGTCTT  
 ATTAGTCACTTTAAATTTGTGGCAGGCATGAACGTTGGAGAAAAAAGACGAAGTCAATTAGGTTCTTGTGACTATGAACTGTGAGG  
 AGGAGACTGGTTTCAATTACGACTATCAAGTGTGGGAGATTATCGTGGTCAAGAATCTTTAGTTATTTCGTATTTGATCTCAGTCT  
 ATCAGGACTTAAAATATTGGTTTGATAATATAAAGTAAATGAAGGAAGTACTGTGTGCAAGAGGGCTATATCTTTTTTCCGGCCCT

## SEQUENCE LISTING

GTGGGGAGTGGTAAAAACAACCTCTCATGTATCAATTAGCTTCAGAAGTATTTAAAAATAAGCAAATTATCACGATTGAAGATCCGGT  
 AGAAATCAAGAATGACAAGATGTTACAACCTCAATTGAATGAGGATATTGGAATGACTTATGATGCTTTAATCAAACGTCTTTAC  
 GGCATCGTCCAGATATTTTAAATTATCGGAGAGATTAGAGATCAAGCGACGGCCCGTGCTGTTATTCGTGCAAGTTTAAACGGGAGTA  
 ATGGTTTTTTCTACTATTTCATGCTAAAAGTATTTCCCGGAGTCTATGATAGGCTTATAGAATTAGGGGTTAACTATCAAGAGTTAGA  
 AAATAGTCTAAAATTAATAGCATATCAACGTTTAAATTGGAGGAGGAAGCCTAATTGACTTTGAGACAAGTAACCTTTAAAAAACACT  
 CATCAGACAAGTGAATAGACAAGTGGATATCTTGGCTGAAGAAGGACATATCAGTAAGAAACAGGCACAAGTCGAAAAAATTATC  
 CCTCAAGAAACAACGGAAAGTAGTCCAACCTTTT

## SEQ ID NO. 2308: SAG0163 FROM THE H36b GBS TYPE Ib STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)

TCATTAGCAAAGCAAGTCATTTCATCAGGCAGTAGAAGTAAATGCTCAAGATATTTATATCATTCCCAAAGGTGATTGTTATGAAC  
 TCTATATGCGTATTGATGATGAAGGCGGTTTATTGATGTTTTTGGAGTTTAAATAGGATGGCTAGTCTTATTAGTCACTTTAAATTTG  
 TGGCAGGCATGAACGTTGGAGAAAAAAGACGAAGTCAATTAGGTTCTTGTGACTATGAACGTGCAGAGGGAAGACTGGTTTCATTA  
 CGACTATCGAGTGTGGGAGATTATCGTGGTCAAGAATCTTTAGTTATTCGTATTTTGTATTCAGGTCATCAGGACTTAAATATTG  
 GTTTGATAATATAAAGCAAATGAAGGAAGTACTGGGTATAAGAGGGCTATATCTTTTTTCCGGCCCTGTGGGGAGTGGTAAAACAA  
 CTCTCATGTATCAATTAGCTTCAGAAGTATTTAAAAATAAGCAAATTATCACGATTGAAGATCCGGTAGAAATCAAGAATGACAAG  
 ATGTTACAACCTCAATTGAATGAGGATATTGGAATGACTTATGATGCTTTAATCAAACGTCTTTACGGCATCGTCCAGATATTTT  
 AATTATCGGAGAGAAATAGAGATCAAGCGACGGCCCGTGCTGTTATTCGTGCAAGTTTAAACGGGAGTGATGTTTTTTTCTACTATT  
 CATGCTAAAAGTATTTCCCGGAGTCTATGATAGGCTTATAGAATTAGGGGTTAACTATCAAGAGTTAGAAAATAGTCTAAAATTAAT  
 AGCATATCAACGTTTAAATTGGAGGAGGAAGCCTAATTGACTTTGAGACAGGTAATTTTAAAAAACACTCATCAGACAAGTGAATA  
 GACAAGTGGATATCTTGGCTGAAGAAGGACATATCAGTAAGAAACAGGCACAAGTCGAAAAAATTATCCCTCAAGAAACAACGGAA  
 AGTAGTCCAACCTTTT

## SEQ ID NO. 2309: SAG0163 FROM THE JM9130013 GBS TYPE VIII STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)

GTTCAATCATTAGCAAAGCAAGTCATTTCATCAGGCAGTAGAAGTAAATGCTCAAGATATTTATATCATTCCCAAAGGTGATTGTTA  
 TGAACCTCTATATGCGTATTGATGATGAAAGGCGGTTTATTGATGTTTTTGGAGTTTAAATAGGATGGCTAGTCTTATTAGTCACTTTA  
 AATTTGTGGCAGGCATGAACGTTGGAGAAAAAAGACGAAGTCAATTAGGTTCTTGTGACTATGAACGTGCAGAGGGGAAGACTGGTT  
 TCATTACGACTATCGAGTGTGGGAGATTATCGTGGTCAAGAATCTTTAGTTATTCGTATTTTGTATTCAGGTCATCAGGACTTAAA  
 ATATTGGTTTGATAATATAAAGCAAATGAAGGAAGTACTGGGTATAAGAGGGCTATATCTTTTTTCCGGCCCTGTGGGGAGTGGTA  
 AAACAACCTCTCATGTATCAATTAGCTTCAGAAGTATTTAAAAATAAGCAAATTATCACGATTGAAGATCCGGTAGAAATCAAGAAT  
 GACAAGATGTTACAACCTCAATTGAATGAGGATATTGGAATGACTTATGATGCTTTAATCAAACGTCTTTACGGCATCGTCCAGA  
 TATTTTAAATTATCGGAGAGATTAGAGATCAAGCGACGGCCCGTGCTGTTATTTCGTGCAAGTTTAAACGGGAGTGATGTTTTTTCTA  
 CTATTCATGCTAAAAGTATTTCCCGGAGTCTATGATAGGCTTATAGAATTAGGGGTTAACTATCAAGAGTTAGAAAATAGTCTAAAA  
 TTAATAGCATATCAACGTTTAAATTGGAGGAGGAAGCCTAATTGACTTTGAGACAGGTAATTTTAAAAAACACTCATCAGACAAGTG  
 GAATAGACAAGTGGATATCTTGGCTGAAGAAGGACATATCAGTAAGAAACAGGCACAAGTCGAAAAAATTATCCCTCAAGAAACAA  
 CGGAAGTAGTCCAACCTTTT

## SEQ ID NO. 2310: SAG0163 FROM THE M732 GBS TYPE III STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)

TGACTTGTTATGAACTCTATATGCGTATTTGATGATGAAAAGGCGGTTTATTGATGTTTTTGGAGTTTAAATAGGATGGCTAGTCTT  
 ATTAGTCACTTTAAATTTGTGGCAGGCATGAACGTTGGAGAAAAAAGACGAAGTCAATTAGGTTCTTGTGACTATGAACGTGCAGA  
 GGAAGACTGGTTTTCTATACGACTATCAAGTGTGGGAGATTATCGTGGTCAAGAATCTTTAGTTATTCGTACTTTGTATTCAGGTC  
 ATCAGGACTTAAATATTGGTTTGATAATATAAAGTAAATGAAGGAAGTACTGTGTGCAAGAGGGCTATATCTTTTTTCCGGCCCT  
 GTGGGGAGTGGTAAAACAACCTCTCATGTATCAATTAGCTTCAGAAGTATTTAAAAATAAGCAAATTATCACGATTGAAGATCCGGT  
 AGAAATCAAGAATGACAAGATGTTACAACCTCAATTGAATGAGGATATTGGAATGACTTATGATGCTTTAATCAAACGTCTTTAC  
 GGCATCGTCCAGATATTTTAAATTATCGGAGAGATTAGAGATCAAGCGACGGCCCGTGCTGTTATTTCGTGCAAGTTTAAACGGGAGTA  
 ATGGTTTTTTCTACTATTTCATGCTAAAAGTATTTCCCGGAGTCTATGATAGGCTTATAGAATTAGGGGTTAACTATCAAGAGTTAGA  
 AAATAGTCTAAAATTAATAGCATATCAACGTTTAAATTGGAGGAGGAAGCCTAATTGACTTTGAGACAAGTAACCTTTAAAAAACACT  
 CATCAGACAAGTGAATAGACAAGTGGATATCTTGGCTGAAGAAGGACATATCAGTAAGAAACAGGCACAAGTCGAAAAAATTATC  
 CCTCAAGAAACAACGGAAAGTAGTCCAACCTTTT

## SEQ ID NO. 2311: SAG0163 FROM THE M781 GBS TYPE III STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)

CAGTAGAAGTAAATGCTCAAGATATTTATATCATTCCCAAAGGTGATTGTTATGAATTCATATGCGTATTGATGATGAAAGGCGG  
 TTTATTGATGTTTTTGGAGTTTAAATAGGATGGCTAGTCTTATTAGTCACTTTAAATTTGTGGCAGGCATGAACGTTGGAGAAAAAG  
 ACCAAGTCAATTAGGTTTCTGTGACTATGAACGTGCAGAGGGAAGACTGGTTTTCTATTACGACTATCAAGTGTGGGAGATTATCGT  
 GTCAAGAATCTTTAGTTATTCGTACTTTGTATTCAGGTCATCAGGACTTAAATATTGGTTTGATAATATAAAGCAAATGAAGGAA  
 GTACTGTGTGCAAGAGGGCTATATCTTTTTTCCGGCCCTGTGGGGAGTGGTAAAACAACCTCTCATGTATCAATTAGCTTCAGAAGT  
 ATTTAAAAATAAGCAAATTATCACGATTGAAGATCCGGTAGAAATCAAGAATGACAAGATGTTACAACCTCAATTGAATGAGGATA  
 TTGGAATGACTTATGATGCTTTAATCAAACGTCTTTACGGCATCGTCCAGATATTTTAAATTATCGGAGAGATTAGAGATCAAGCG  
 ACGGCCCGTCTGTTTAACTTCGCAAGTTTAAACGGGAGTAATGGTTTTTTCTACTATTTCATGCTAAAAGTATTTCCCGGAGTCTATGA  
 TAGGCTTATAGAATTAGGGGTTAACTATCAAGAGTTAGAAAATAGTCTAAAATTAATAGCATATCAACGTTTAAATTGGAGGAGGAA  
 GCCTAATTGACTTTGAGACAAGTAACCTTTAAAAAACACTCATCAGACAAGTGAATAGACAAGTGGATATCTTGGCTGAAGAGGA  
 CATATCAGTAAGAAACAGGCACAAGTCGAAAAAATTATCCCTCAAGAAACAACGGAAAGTAGTCCAACCTTTT

>SEQ ID NO 2350:63\_090 frame: 2

AVEVNAQDIYIIPKGDICYELMRIDDERFIDVFEFNRMASLISHFKFVAGMNVGEKRRS

## SEQUENCE LISTING

QLGSCDYELSEGRVLSRLSSVGDYRGQESLVIRILYSGHQDLKYWFDNIKQMKEVLGTR  
GLYLFSGPVGSGKTTLMYQLASEVFKNKQIITIEDPVEIKNDKMLQLQLNEDIGMTYDAL  
IKLSLRHRPDILIIGEIRDQATARAVIRASLTGVMVFSTIHAKSISGVYDRLIELGVNYQ  
ELENSLKLIAYQRLIGGSLIDFETGNFKKHSSDKWNRQVDILAEEGHISKQAQVEKII  
PQETTESPTF

>SEQ ID NO 2351:63\_1169NT frame: 3

.LL.NLYYCVFDDERRFIDVFEFNRMASLISHFKFVAGMNVGEKRRSQLGSCDYELSEGR  
LVSLRLSSVGDYRGQESLVIRILYSGHQDLKYWFDNIKQMKEVLGTRGLYLFSGPVGSGK  
TTLMYQLASEVFKNKQIITIEDPVEIKNDKMLQLQLNEDIGMTYDALIKLSLRHRPDILI  
IGEIRDQATARAVIRASLTGVMVFSTIHAKSIPGVYDRLIELGVNYQELENSLKLIAYQ  
RLIGGSLIDFETS NFKKHSSDKWNRQVDILAEEGYISKQAQVEKIIPQETTESPTF

>SEQ ID NO 2352:63\_18RS21 frame: 1

VQSLAQVIHQAVEVNAQDIYIIPKGDCYELMRIDDERRFIDVFEFNRMASLISHFKFV  
AGMNVGEKRRSQLGSCDYELSEGRVLSRLSSVGDYRGQESLVIRILYSGHQDLKYWFDN  
IKQMKEVLGIRGLYLFSGPVGSGKTTLMYQLASEVFKNKQIITIEDPVEIKNDKMLQLQL  
NEDIGMTYDALIKLSLRHRPDILIIGEIRDQATARAVIRASLTGVMVFSTIHAKSIPGVY  
DRLIELGVNYQELENSLKLIAYQRLIGGSLIDFETGNFKKHSSDKWNRQVDILAEEGHI  
SKQAQVEKIIPQETTESPTF

>SEQ ID NO 2353: 63\_2603 frame: 1

DIYIIPKGDCYELMRIDDERRFIDVFEFNRMASLISHFKFVAGMNVGEKRRSQLGSCDY  
ELSEGRVLSRLSSVGDYRGQESLVIRILYSGHQDLKYWFDNIKQMKEVLGIRGLYLFSG  
PVGSGKTTLMYQLASEVFKNKQIITIEDPVEIKNDKMLQLQLNEDIGMTYDALIKLSLRH  
RPDILIIGEIRDQATARAVIRASLTGVMVFSTIHAKSIPGVYDRLIELGVNYQELENSLK  
LIAYQRLIGGSLIDFETGNFKKHSSDKWNRQVDILAEEGHISKQAQVRKNYPSRNNKG  
.SNF

>SEQ ID NO 2354:63\_A909 frame: 1

VQSLAQVIHQAVEVNAQDIYIIPKGDCYELMRIDDERRFIDVFEFNRMASLISHFKFV  
AGMNVGEKRRSQLGSCDYELSEGRVLSRLSSVGDYRGQESLVIRILYSGHQDLKYWFDN  
IKQMKEVLGIRGLYLFSGPVGSGKTTLMYQLASEVFKNKQIITIEDPVEIKNDKMLQLQL  
NEDIGMTYDALIKLSLRHRPDILIIGEIRDQATARAVIRASLTGVMVFSTIHAKSIPGVY  
DRLIELGVNYQELENSLKLIAYQRLIGGSLIDFETGNFKKHSSDKWNRQVDILAEEGHI  
SKQAQVEKIIPQETTESPTF

>SEQ ID NO 2355:63\_CJB110 frame: 1

VQSLAQVIHQAVEVNAQDIYIIPKGDCYELMRIDDERRFIDVFEFNRMASLISHFKFV  
AGMNVGEKRRSQLGSCDYELSEGRVLSRLSSVGDYRGQESLVIRILYSGHQDLKYWFDN  
IKQMKEVLGTRGLYLFSGPVGSGKTTLMYQLASEVFKNKQIITIEDPVEIKNDKMLQLQL  
NEDIGMTYDALIKLSLRHRPDILIIGEIRDQATARAVIRASLTGVMVFSTIHAKSISGVY  
DRLIELGVNYQELENSLKLIAYQRLIGGSLIDFETGNFKKHSSDKWNRQVDILAEEGHI  
SKQAQVEKIIPQETTESPTF

>SEQ ID NO 2356:63\_CJB110 frame: 1

VQSLAQVIHQAVEVNAQDIYIIPKGDCYELMRIDDERRFIDVFEFNRMASLISHFKFV  
AGMNVGEKRRSQLGSCDYELSEGRVLSRLSSVGDYRGQESLVIRILYSGHQDLKYWFDN  
IKQMKEVLGTRGLYLFSGPVGSGKTTLMYQLASEVFKNKQIITIEDPVEIKNDKMLQLQL  
NEDIGMTYDALIKLSLRHRPDILIIGEIRDQATARAVIRASLTGVMVFSTIHAKSISGVY  
DRLIELGVNYQELENSLKLIAYQRLIGGSLIDFETGNFKKHSSDKWNRQVDILAEEGHI  
SKQAQVEKIIPQETTESPTF

>SEQ ID NO 2357: 63\_H36B frame: 1

SLAQVIHQAVEVNAQDIYIIPKGDCYELMRIDDERRFIDVFEFNRMASLISHFKFVAG  
MNVGEKRRSQLGSCDYELSEGRVLSRLSSVGDYRGQESLVIRILYSGHQDLKYWFDNIK  
QMKEVLGIRGLYLFSGPVGSGKTTLMYQLASEVFKNKQIITIEDPVEIKNDKMLQLQLNE  
DIGMTYDALIKLSLRHRPDILIIGE

>SEQ ID NO 2358:63\_JM9130013 frame: 1

VQSLAQVIHQAVEVNAQDIYIIPKGDCYELMRIDDERRFIDVFEFNRMASLISHFKFV  
AGMNVGEKRRSQLGSCDYELSEGRVLSRLSSVGDYRGQESLVIRILYSGHQDLKYWFDN  
IKQMKEVLGIRGLYLFSGPVGSGKTTLMYQLASEVFKNKQIITIEDPVEIKNDKMLQLQL  
NEDIGMTYDALIKLSLRHRPDILIIGEIRDQATARAVIRASLTGVMVFSTIHAKSIPGVY

## SEQUENCE LISTING

DRLIELGVNYQELENKLIAYQRLIGGGSLIDFETGNFKKHSSDKWNRQVDILAEEGHI  
SKKQAQVEKIIPQETTESPTF

>SEQ ID NO 2359:63\_M732 frame: 3

TCYETLYAYLMMKRRFIDVFEFNRMASLISHFKFVAGMNVGEKRRSQLGSCDYELSEGR  
VSLRLSSVGDYRGQESLVRTLYSGHQDLKYWFDNIK.MKEVLCARGLYLFSGPVSGKT  
TLMYQLASEVFNKQIITIEDPVEIKNDKMLQLQNLNEDIGMTYDALIKLSLRHRPDILII  
GEIRDQATARAVIRASLTGVMVFSTIHAKSIPGVYDRLIELGVNYQELENKLIAYQRL  
IGGGSLIDFETSNEFKKHSSDKWNRQVDILAEEGHISKKQAQVEKIIPQETTESPTF

>SEQ ID NO 2360:63\_M781 frame: 3

VEVNAQDIYIIPKGDCEYFYMRIDDERFIDVFEFNRMASLISHFKFVAGMNVGEKRRSQ  
LGSCDYELSEGRVSLRLSSVGDYRGQESLVRTLYSGHQDLKYWFDNIKQMKEVLCARG  
LYLFSGPVSGKTTLMYQLASEVFNKQIITIEDPVEIKNDKMLQLQNLNEDIGMTYDALI  
KLSLRHRPDILIIIGEIRDQATARAVIRASLTGVMVFSTIHAKSIPGVYDRLIELGVNYQE  
LENSKLIAYQRLIGGGSLIDFETSNEFKKHSSDKWNRQVDILAEEGHISKKQAQVEKIIP  
QETTESPTF

>SEQ ID NO 2361:63\_COH1 frame: 3

VIVMKFYMRIDDERFIDVFEFNRMASLISHFKFVAGMNVGEKRRSQLGSCDYELSEGR  
VSLRLSSVGDYRGQESLVRTLYSGHQDLKYWFDNIK

SEQ ID NO. 2401: SAG0290 FROM THE 1169NT1 GBS TYPE V STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)

GTATCAGTTCAGGCGTCAGAGAAAGTAGAACTTAAAGTAGCTACAGATTCTGACACGGCACCATTACTTATCAAAAAGACGGGAA  
ATTCAAAGGTTATGATGTTGATGTTGTCAAAGCTGTTTTTAAAGGTAGTAAGTACAAAGTAACCTTCAAGACAGTTCCTTTTGATA  
CTATTTCAACAGGTATTGATGCAGGGAAATTTGATTTATCAGCTAATGATTTTTTCATACAATAAAGAAAGAGCAGAAAAATATCTC  
TTCTCAGACCTATATCCCGTTCAAATTATGCCGTAGTAGGGAAGAAGGGGAGCCATTACAAATCATTAAAGTGACCTCTCTGGAAA  
ATCAACAGAAGTTTTATCTGGCGTTAACTATGCACAGGTTCTAGAAAATTGGAATAAAAATCATCCTAATAAAAAACCAATAAAAA  
TCAAATATGTTTCTGGGACAACCTGGTGTACTAGCAGATTAAAAAATATTGAGAGTGGGAAAATTGACTTTATCCTATATGATGCC  
ATTTCTATCTGACTATATTGTAAGATCAATCATTAACTTAAGCGTTTCTCCTTTGAAAGGTAAAATTGGTAATAATAAGGATGG  
ATTAGAATACCTCCTTTTACCAAAAGATAAAAAAGGTAAACTCTACAGAAATTTATAAATAAGCGTATTAAAGTTTGAAGAGAA  
ATGGTACTTTGGCAGCTTAAAGTAACAATATTTCCGTGGAGATTACGTTTCAAACATTGATAAA

SEQ ID NO. 2402: SAG0290 FROM THE 18RS21 GBS TYPE II STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)

GTATCAGTTCAGGCGTCAGAGAAAGTAGAACTTAAAGTAGCTACAGATTCTGACACGGCACCATTACTTATRAAAAAGACGGGAA  
ATTCAAAGGTTATGATGTTGATGTTGTCAAAGCTGTTTTTAAAGGTAGTAAGTACAAAGTAACCTTCAAGACAGTTCCTTTTGATA  
CTATTTCAACAGGTATTGATGCAGGGAAATTTGATTTATCAGCTAATGATTTTTTCATACAATAAAGAAAGAGCAGAAAAATATCTC  
TTCTCAGATCCTATATCCCGTTCAAATTATGCCGTAGTAGGGAAGAAGGGGAGCCATTACAAATCATTAAAGTGACCTCTCTGGAAA  
ATCAACCGAAGTTTTATCTGGCGTTAACTATGCACAGGTTCTAGAAAATTGGAATAAAAATCATCCTAATAAAAAACCAATAAAAA  
TCAAATATGTTTCTGGGACAACCTGGTGTACTAGCAGATTAAAAAATATTGAGAGTGGGAAAATTGACTTTATCCTATATGATGCC  
ATTTCTATCCGACTATATTGTAAGACCAATCATTAACTTAAGCGTTTCTCCTTTGAAAGGTAAAATTGGTAATAATAAGGATGG  
ACTAGAATACCTCCTTTTACCAAAAGATAAAAAAGGTAAACTCTACAGAAATTTATAAATAAGCGTATTAAAGTTTGAAGAGAA  
ATGGTACTTTGGCAGCTTAAAGTAACAATATTTCCGTGGAGATTACGTTTCAAACATTGATAAA

SEQ ID NO. 2403: SAG0290 FROM THE 2603 V/R GBS TYPE V STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)

ATTCAAAGGTTATGATGTTGATGTTGTCAAAGCTGTTTTTAAAGGTAGTAAGTACAAAGTAACCTTCAAGACAGTTCCTTTTGATA  
CTATTTCAACAGGTATTGATGCAGGGAAATTTGATTTATCAGCTAATGATTTTTTCATACAATAAAGAAAGAGCAGAAAAATATCTC  
TTCTCAGATCCTATATCCCGTTCAAATTATGCCGTAGTAGGGAAGAAGGGGAGCCATTACAAATCATTAAAGTGACCTCTCTGGAAA  
ATCAACCGAAGTTTTATCTGGCGTTAACTATGCACAGGTTCTAGAAAATTGGAATAAAAATCATCCTAATAAAAAACCAATAAAAA  
TCAAATATGTTTCTGGGACAACCTGGTGTACTAGCAGATTAAAAAATATTGAGAGTGGGAAAATTGACTTTATCCTATATGATGCC  
ATTTCTATCCGACTATATTGTAAGACCAATCATTAACTTAAGCGTTTCTCCTTTGAAAGGTAAAATTGGTAATAATAAGGATGG  
ACTAGAATACCTCCTTTTACCAAAAGATAAAAAAG

SEQ ID NO. 2404: SAG0290 FROM THE 090 GBS TYPE Ia STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)

GTATCAGTTCAGGCGTCAGAGAAAGTAGAACTTAAAGTAGCTACAGATTCTGACACGGCACCATTACTTATCAAAAAGACGGGAA  
ATTCAAAGGTTATGATGTTGATGTTGTCAAAGCTGTTTTTAAAGGTAGTAAGTACAAAGTAACCTTCAAGACAGTTCCTTTTGATA  
CTATTTCAACAGGTATTGATGCAGGGAAATTTGATTTATCAGCTAATGATTTTTTCATACAATAAAGAAAGAGCAGAAAAATATCTC  
TTCTCAGATCCTATATCCCGTTCAAATTATGCCGTAGTAGGGAAGAAGGGGAGCCATTACAAATCATTAAAGTGACCTCTCTGGAAA  
ATCAACCGAAGTTTTATCTGGCGTTAACTATGCACAGGTTCTAGAAAATTGGAATAAAAATCATCCTAATAAAAAACCAATAAAAA  
TCAAATATGTTTCTGGGACAACCTGGTGTACTAGCAGATTAAAAAATATTGAGAGTGGGAAAATTGACTTTATCCTATATGATGCC  
ATTTCTATCCGACTATATTGTAAGACCAATCATTAACTTAAGCGTTTCTCCTTTGAAAGGTAAAATTGGTAATAATAAGGATGG  
ACTAGAATACCTCCTTTTACCAAAAGATAAAAAAGGTAAACTCTACAGAAATTTATAAATAAGCGTATTAAAGTTTGAAGAGAA  
ATGGTACTTTGGCAGCTTAAAGTAACAATATTTCCGTGGAGATTACGTTTCAAACATTGATAAA



## SEQUENCE LISTING

**SEQ ID NO. 2405: SAG0290 FROM THE A909 GBS TYPE Ia STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)**

GTATCAGTTCAGGCGTCAGAGAAAGTAGAACTTAAAGTAGCTACAGATTCTGACACGGCACCATTACTTATCAAAAAGACGGGAA  
 ATTCAAAGGTTATGATGTTGATGTTGTCAAAGCTGTTTTTAAAGGTAGTAAGTACAAAGTAACCTTCAAGACAGTTCCTTTTGATA  
 CTATTTCAACAGGTATTGATGCAGGGAAATTTGATTTATCAGCTAATGATTTTTTCATACAATAAAGAAAGAGCAGAAAAATATCTC  
 TTCTCAGATCCTATATCCCGTTCAAATTATGCCGTAGTAGGGAAGAAGGGGAGCCATTACAAATCATTAAAGTGACCTCTCTGGAAA  
 ATCAACCGAAGTTTTATCTGGCGTTAACTATGCACAGGTTCTAGAAAATTGGAATAAAAAATCATNNTAATAAAAAACCANTAAAAA  
 TNAATATGTTTCTGGGACAACCTGGTGTACTAGCAGATTAAAAATATTGAGAGTGGGAAAATTGACCTTTATCCTATATGATGCC  
 ATTTTCATCCGACTATATTGTAAAAGACCAATCATTAAACTTAAGCGTTTCTCCTTTGAAAGGTAAAATTGGTAATAATAAGGATGG  
 ACTAGAATACCTCCTTTTACCAAAGATAAAAAAGGTAAGCTCTACAGAAATTTATAAATAAGCGT

**SEQ ID NO. 2406: SAG0290 FROM THE CJB110 GBS NONTYPEABLE STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)**

GTATCAGTTCAGGCGTCAGAGAAAGTAGAACTTAAAGTAGCTACAGATTCTGACACGGCACCATTACTTATCAAAAAGACGGGAA  
 ATTCAAAGGTTATGATGTTGATGTTGTCAAAGCTGTTTTTAAAGGTAGTAAGTACAAAGTAACCTTCAAGACAGTTCCTTTTGATA  
 CTATTTCAACAGGTATTGATGCAGGGAAATTTGATTTATCAGCTAATGATTTTTTCATACAATAAAGAAAGAGCAGAAAAATATCTC  
 TTCTCAGATCCTATATCCCGTTCAAATTATGCCGTAGTAGGGAAGAAGGGGAGCCATTACAAATCATTAAAGTGACCTCTCTGGAAA  
 ATCAACCGAAGTTTTATCTGGCGTTAACTATGCACAGGTTCTAGAAAATTGGAATAAAAAATCATCCTAATAAAAAACCAATAAAAA  
 TCAAATATGTTTCTGGGACAACCTGGTGTACTAGCAGATTAAAAATATTGAGAGTGGGAAAATTGACCTTTATCCTATATGATGCC  
 ATTTTCATCCGACTATATTGTAAAAGACCAATCATTAAACTTAAGCGTTTCTCCTTTGAAAGGTAAAATTGGTAATAATAAGGATGG  
 ACTAGAATACCTCCTTTTACCAAAGATAAAAAAGGTAAGCTCTACAGAAATTTATAAATAAGCGTATTAAAGTTTTGAAAGAAA  
 ATGGTACTTTGGCAGCTTAAAGTAAACAATATTTCGGTGGAGATTACGTTTCAAACATTGATAAA

**SEQ ID NO. 2407: SAG0290 FROM THE COH1 GBS TYPE III STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)**

GTATCAGTTCAGGCGTCAGAGAAAGTAGAACTTAAAGTAGCTACAGATTCTGACACGGCACCATTACTTATCAAAAAGACGGGAA  
 ATTCAAAGGTTATGACGTTGATGTTGTCAAAGCTGTTTTTAAAGGTAGTAAGTACAAAGTAACCTTCAAGACAGTTCCTTTTGATA  
 CTATTTCAACAGGTATTGATGCAGGGAAATTTGATTTATCAGCTAATGATTTTTTCATATAATAAAGAAAGAGCAGAAAAATATCTC  
 TTCTCAGATCCTATATCCCGTTCAAATTATGCCGTAGTAGGGAAGAAGGGGAGCCATTACAAATCATTAAAGTGACCTCTCTGGAAA  
 ATCAACAGAAGTTTTATCTGGCGTTAACTATGCACAGGTTCTAGAAAATTGGAATAAAAAATCATCCTAATAAAAAACCAATAAAAA  
 TCAAATATGTTTCTGGGACAACCTGGTGTACTAGCAGATTAAAAATATTGAGAGTGGGAAAATTGACCTTTATCCTATATGATGCC  
 ATTTTCATCTGACTATATTGTAAAAGATCAATCATTAAACTTAAGCGTTTCTCCTTTGAAAGGTAAAATTGGTAATAATAAGGATGG  
 ATTAGAATACCTCCTTTTACCAAAGATAAAAAAGGTAAGCTCTACAGAAATTTATAAATAAGCGTATTAAAGTTTTGAAAGAAG  
 ATGGTACTTTGGCAGCTTAAAGTAAACAATATTTCGGTGGAGATTACGTTTCAAACATTGATAAA

**SEQ ID NO. 2408: SAG0290 FROM THE H36b GBS TYPE Ib STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)**

GTATCAGTTCAGGCGTCAGAGAAAGTAGAACTTAAAGTAGCTACAGATTCTGACACGGCACCATTACTTATCAAAAAGACGGGAA  
 ATTCAAAGGTTATGATGTTGATGTTGTCAAAGCTGTTTTTAAAGGTAGTAAGTACAAAGTAACCTTCAAGACAGTTCCTTTTGATA  
 CTATTTCAACAGGTATTGATGCAGGGAAATTTGATTTATCAGCTAATGATTTTTTCATACAATAAAGAAAGAGCAGAAAAATATCTC  
 TTCTCAGATCCTATATCCCGTTCAAATTATGCCGTAGTAGGGAAGAAGGGGAGCCATTACAAATCATTAAAGTGACCTCTCTGGAAA  
 ATCAACCGAAGTTTTATCTGGCGTTAACTATGCACAGGTTCTAGAAAATTGGAATAAAAAATCATCCTAATAAAAAACCAATAAAAA  
 TCAAATATGTTTCTGGGACAACCTGGTGTACTAGCAGATTAAAAATATTGAGAGTGGGAAAATTGACCTTTATCCTATATGATGCC  
 ATTTTCATCCGACTATATTGTAAAAGACCAATCATTAAACTTAAGCGTTTCTCCTTTGAAAGGTAAAATTGGTAATAATAAGGATGG  
 ACTAGAATACCTCCTTTTACCAAAGATAAAAAAGGTAAGCTCTACAGAAATTTATAAATAAGCGTATTAAAGTTTTGAAAGAAA  
 ATGGTACTTTGGCAGCTTAAAGTAAACAATATTTCGGTGGAGATTACGTTTCAAACATTGATAAA

**SEQ ID NO. 2409: SAG0290 FROM THE JM9130013 GBS STRAIN VIII (REVERSE COMPLEMENT)**

GTATCAGTTCAGGCGTCAGAGAAAGTAGAACTTAAAGTAGCTACAGATTCTGACACGGCACCATTACTTATCAAAAAGACGGGAA  
 ATTCAAAGGTTATGATGTTGATGTTGTCAAAGCTGTTTTTAAAGGTAGTAAGTACAAAGTAACCTTCAAGACAGTTCCTTTTGATA  
 CTATTTCAACAGGTATTGATGCAGGGAAATTTGATTTATCAGCTAATGATTTTTTCATACAATAAAGAAAGAGCAGAAAAATATCTC  
 TTCTCAGATCCTATATCCCGTTCAAATTATGCCGTAGTAGGGAAGAAGGGGAGCCATTACAAATCATTAAAGTGACCTCTCTGGAAA  
 ATCAACCGAAGTTTTATCTGGCGTTAACTATGCACAGGTTCTAGAAAATTGGAATAAAAAATCATCCTAATAAAAAACCAATAAAAA  
 TCAAATATGTTTCTGGGACAACCTGGTGTACTAGCAGATTAAAAATATTGAGAGTGGGAAAATTGACCTTTATCCTATATGATGCC  
 ATTTTCATCCGACTATATTGTAAAAGACCAATCATTAAACTTAAGCGTTTCTCCTTTGAAAGGTAAAATTGGTAATAATAAGGATGG  
 ACTAGAATACCTCCTTTTACCAAAGATAAAAAAGGTAAGCTCTACAGAAATTTATAAATAAGCGTATTAAAGTTTTGAAAGAAA  
 ATGGTA

**SEQ ID NO. 2410: SAG0290 FROM THE M732 GBS TYPE III STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)**

GTATCAGTTCAGGCGTCAGAGAAAGTAGAACTTAAAGTAGCTACAGATTCTGACACGGCACCATTACTTATCAAAAAGACGGGAA  
 ATTCAAAGGTTATGATGTTGATGTTGTCAAAGCTGTTTTTAAAGGTAGTAAGTACAAAGTAACCTTCAAGACAGTTCCTTTTGATA  
 CTATTTCAACAGGTATTGATGCAGGGAAATTTGATTTATCAGCTAATGATTTTTTCATATAATAAAGAAAGAGCAGAAAAATATCTC  
 TTCTCAGATCCTATATCCCGTTCAAATTATGCCGTAGTAGGGAAGAAGGGGAGCCATTACAAATCATTAAAGTGACCTCTCTGGAAA  
 ATCAACAGAAGTTTTATCTGGCGTTAACTATGCACAGGTTCTAGAAAATTGGAATAAAAAATCATCCTAATAAAAAACCAATAAAAA  
 TCAAATATGTTTCTGGGACAACCTGGTGTACTAGCAGATTAAAAATATTGAGAGTGGGAAAATTGACCTTTATCCTATATGATGCC  
 ATTTTCATCTGACTATATTGTAAAAGATCAATCATTAAACTTAAGCGTTTCTCCTTTGAAAGGTAAAATTGGTAATAATAAGGATGG

## SEQUENCE LISTING

ATTAGAATACCTCCTTTTACCAAAAGATAAAAAAGGTAAACTCTACAGAAATTTATAAATAAGCGTATTAAAGTTTGAAGAAG  
ATGGTACTTTGGCACGTTTAAAGTAAACAATATTTCCGGTGGAGATTACGTTTCAAACATTGATAAA

SEQ ID NO. 2411: SAG0290 FROM THE M781 GBS TYPE III STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)

GTATCAGTTTCAGGCGTCAGAGAAAGTAGAACTTAAAGTAGCTACAGATTCTGACACGGCACCATTCTACTTATCAAAAAGACGGGAA  
ATTCAAAGGTTATGACGTTGATGTTGTCAAAGCTGTTTTTAAAGGTAGTAAGTACAAAGTAACTTCAAGACAGTTCTCTTTTGATA  
CTATTTCAACAGGTATTGATGCAGGGAATTTGATTTATCAGCTAATGATTTTTCATATAATAAAGAAAGAGCAGAAAAATATCTC  
TTCTCAGATCCTATATCCCGTTCAAATTATGCCGTAGTAGGGAAGAAGGGGAGCCATTACAAATCATTAAAGTACCTCTCTGGAAA  
ATCAACAGAAGTTTATCTGGCGTTAACTATGCACAGGTTCTAGAAAATTGGAATAAAAAATCATCCTAATAAAAAACCAATAAAAA  
TCAAATATGTTTCTGGGACAACCTGGTGTTACTAGCAGATTAAAAAATATTGAGAGTGGAAAAATTGACTTTATCCTATATGATGCC  
ATTTTCATCTGACTATATTGTAAAGATCAATCATTAACTTAAGCGTTTCTCCTTTGAAAGGTAAAATTGGTAATAATAAGGATGG  
ATTAGAATACCTCCTTTTACCAAAAGATAAAAAAGGTAAACTCTACAGAAATTTATAAATAAGCGTATTAAAGTTTGAAGAAG  
ATGGTACTTTGGCACGTTTAAAGTAAACAATATTTCCGGTGGAGATTACGTTTCAAACATTGATAAA

>SEQ ID NO 2450: 8\_1169NT frame: 1

VSVQASEKVELKVATDSDTAPFTYQKDGKFKGYDVDVVKAVFKGSKYKVTFKTVPFDTIS  
TGIDAGKFDLSANDFSYNKERAEEKYLFSDPISRSNYAVVGKKGSHYKSLSDLGKSTEV  
SGVNYAQVLENWKNHNPKNKPIKIKYVSGTTGVTSLKNIESGKIDFILYDAISSDYIVK  
DQSLNLSVSPKKGKIGNNKDGLEYLLLPKDKKGKTLQKFINKRIKVLKEDGTLARLSKQY  
FGGDYVSNIDK

>SEQ ID NO 2451: 8\_18RS21 frame: 1

VSVQASEKVELKVATDSDTAPFTYQKDGKFKGYDVDVVKAVFKGSKYKVTFKTVPFDTIS  
TGIDAGKFDLSANDFSYNKERAEEKYLFSDPISRSNYAVVGKKGSHYKSLSDLGKSTEV  
SGVNYAQVLENWKNHNPKNKPIKIKYVSGTTGVTSLKNIESGKIDFILYDAISSDYIVK  
DQSLNLSVSPKKGKIGNNKDGLEYLLLPKDKKGKTLQKFINKRIKVLKENGTLARLSKQY  
FGGDYVSNIDK

>SEQ ID NO 2452: 8\_2603 frame: 2

FKGYDVDVVKAVFKGSKYKVTFKTVPFDTISTGIDAGKFDLSANDFSYNKERAEEKYLFSD  
PISRSNYAVVGKKGSHYKSLSDLGKSTEVLSGVNYAQVLENWKNHNPKNKPIKIKYVSG  
TTGVTSLKNIESGKIDFILYDAISSDYIVKDQSLNLSVSPKKGKIGNNKDGLEYLLLPK  
DKK

>SEQ ID NO 2453: 8\_090 frame: 1

VSVQASEKVELKVATDSDTAPFTYQKDGKFKGYDVDVVKAVFKGSKYKVTFKTVPFDTIS  
TGIDAGKFDLSANDFSYNKERAEEKYLFSDPISRSNYAVVGKKGSHYKSLSDLGKSTEV  
SGVNYAQVLENWKNHNPKNKPIKIKYVSGTTGVTSLKNIESGKIDFILYDAISSDYIVK  
DQSLNLSVSPKKGKIGNNKDGLEYLLLPKDKKGKTLQKFINKRIKVLKENGTLARLSKQY  
FGGDYVSNIDK

>SEQ ID NO 2454: 8\_A909 frame: 1

VSVQASEKVELKVATDSDTAPFTYQKDGKFKGYDVDVVKAVFKGSKYKVTFKTVPFDTIS  
TGIDAGKFDLSANDFSYNKERAEEKYLFSDPISRSNYAVVGKKGSHYKSLSDLGKSTEV  
SGVNYAQVLENWKNHNPKNKPKXKXKXVSGTTGVTSLKNIESGKIDFILYDAISSDYIVK  
DQSLNLSVSPKKGKIGNNKDGLEYLLLPKDKKGKTLQKFINKR

>SEQ ID NO 2455: 8\_CJB110 frame: 1

VSVQASEKVELKVATDSDTAPFTYQKDGKFKGYDVDVVKAVFKGSKYKVTFKTVPFDTIS  
TGIDAGKFDLSANDFSYNKERAEEKYLFSDPISRSNYAVVGKKGSHYKSLSDLGKSTEV  
SGVNYAQVLENWKNHNPKNKPIKIKYVSGTTGVTSLKNIESGKIDFILYDAISSDYIVK  
DQSLNLSVSPKKGKIGNNKDGLEYLLLPKDKKGKTLQKFINKRIKVLKENGTLARLSKQY  
FGGDYVSNIDK

>SEQ ID NO 2456: 8\_COH1 frame: 1

VSVQASEKVELKVATDSDTAPFTYQKDGKFKGYDVDVVKAVFKGSKYKVTFKTVPFDTIS  
TGIDAGKFDLSANDFSYNKERAEEKYLFSDPISRSNYAVVGKKGSHYKSLSDLGKSTEV  
SGVNYAQVLENWKNHNPKNKPIKIKYVSGTTGVTSLKNIESGKIDFILYDAISSDYIVK  
DQSLNLSVSPKKGKIGNNKDGLEYLLLPKDKKGKTLQKFINKRIKVLKEDGTLARLSKQY  
FGGDYVSNIDK

>SEQ ID NO 2457: 8\_H36B frame: 1

VSVQASEKVELKVATDSDTAPFTYQKDGKFKGYDVDVVKAVFKGSKYKVTFKTVPFDTIS  
TGIDAGKFDLSANDFSYNKERAEEKYLFSDPISRSNYAVVGKKGSHYKSLSDLGKSTEV

## SEQUENCE LISTING

SGVNYAQVLENWKNHNPKNKKPIKIKYVSGTTGVT SRLKNIESGKIDFILYDAISSDYIVK  
DQSLNLSVSPKKGKIGNNKDGLEYLELLLPKDKKGGKT LQKFINKRIKVLKENGTLARLSKQY  
FGGDYVSNIDK

## &gt;SEQ ID NO 2458:8\_JM9130013 frame: 1

VSVQASEKVELKVATDSDTAPFTYQKDGKFKGYD VDVVKAVFKGSKYKVT FKTVPFDTIS  
TGIDAGKFDLSANDFSYNKERA EKYLFSDPI SRSNYAVVGKKGSHYKSLSDLSGKSTEV L  
SGVNYAQVLENWKNHNPKNKKPIKIKYVSGTTGVT SRLKNIESGKIDFILYDAISSDYIVK  
DQSLNLSVSPKKGKIGNNKDGLEYLELLLPKDKKGGKT LQKFINKRNKVLKENG

## &gt;SEQ ID NO 2459:8\_M732 frame: 1

VSVQASEKVELKVATDSDTAPFTYQKDGKFKGYD VDVVKAVFKGSKYKVT FKTVPFDTIS  
TGIDAGKFDLSANDFSYNKERA EKYLFSDPI SRSNYAVVGKKGSHYKSLSDLSGKSTEV L  
SGVNYAQVLENWKNHNPKNKKPIKIKYVSGTTGVT SRLKNIESGKIDFILYDAISSDYIVK  
DQSLNLSVSPKKGKIGNNKDGLEYLELLLPKDKKGGKT LQKFINKRIKVLKEDGTLARLSKQY  
FGGDYVSNIDK

## &gt;SEQ ID NO 2460:8\_M781 frame: 1

VSVQASEKVELKVATDSDTAPFTYQKDGKFKGYD VDVVKAVFKGSKYKVT FKTVPFDTIS  
TGIDAGKFDLSANDFSYNKERA EKYLFSDPI SRSNYAVVGKKGSHYKSLSDLSGKSTEV L  
SGVNYAQVLENWKNHNPKNKKPIKIKYVSGTTGVT SRLKNIESGKIDFILYDAISSDYIVK  
DQSLNLSVSPKKGKIGNNKDGLEYLELLLPKDKKGGKT LQKFINKRIKVLKEDGTLARLSKQY  
FGGDYVSNIDK

## SEQ ID NO. 2501: SAG0368 FROM THE 090 GBS TYPE Ia STRAIN

TATAATTTTTCGACTAATGAATTGTCTAAGACTTTTAAAGATTTTAAGCTAGCTAAATCAAAAAGTCATGCTATTGAAGAAACAAA  
GCCGTTTTCAATACTATTAATGGGGGTGGACACAGGTT CAGAGCATCGAAAATCTAAGTGGTCAGGAAATAGCGATTCTATGATCT  
TAGTCACTATAAATCCTAAAACCTAATAAAACAACGATGACAAGCTTAGAACGTGACGTATTGATTAAATTGAGTGGTCCCAAAAAT  
AATGGACAGACTGGAGTAGAAGCAAAGCTAAATGCAGCCTATGCTTCTGGTGGTGCAGGAAATGGCATTGATGACTGTTCAAGACTT  
ATTAGATATTAATGTTGATTACTTTATGCAAATTAATATGCAAGGATTAGTTGATTAGTCAATGCTGTTGGTGGTATAACAGTAA  
CTAATAAATTTGACTTTCCAATATCAATTGCTGCCAATGAACCAGAGTACAAGGCTGTTGTTGAACCAGGGACACATAAAATAAAT  
GGAGAACAGCACTTGTTTATTCTCGTATGCGCTATGATGATCCAGAGGGAGATTATGGGCGTCAAAAAGACAACGTGAAGTAAT  
TCAAAAAGTCCTTAAAAAATATTGGCGTTAAATAGTATTAGTTCAATACAAAAAATTTCTTCCGCAGTAAGTAATAACATGCAAA  
CTAATATTGAGATATCATCAAAAACGATTCTTAATTTGTTAGCTTATAAAGATTCAATGGAACATATTAAATCTTATCAGTTGAAG  
GGTGAAGACGCTACTTTATCAGATGGTGGCTCTTATCAAATTTTAACTAAGAAACATCTACTTGCAGTTCAAAATAGAAATTAAGAA  
AGAAGTGGATAAAAAGCGTAGTAAACTCTGAAGACAAGCGCGATTCTATATGAAGATTACTATGGTACTACTGCTAGTAATGATT  
CTTCTACTTATTCATCAACACAAGAGAATAATTATAACAACACCTTATTCAGAAGCACCACCAAGTTACAGTGGTAATACTACT  
TATAGTTCTGAGACTAATCAAAACAACCTCATCAAAATTACTATAATAGTAGCACTCCTGCTAGTAACATAGCAGTAACACTAACAC  
AGGTCAGGCTGATTCAAGTGGAAGTGTCAATAATCATAACGGGGCTGCAACGCCTAATCCA

## SEQ ID NO. 2502: SAG0368 FROM THE 1169NT1 GBS TYPE V STRAIN

TATAATTTTTCGACTAATGAATTGTCTAAGACTTTTAAAGATTTTAAGCTAGCTAAATCAAAAAGTCATGCTATTGAAGAAACAAA  
GCCGTTTTCAATACTATTAATGGGGGTGGACACAGGTT CAGAGCATCGAAAATCTAAGTGGTCAGGAAATAGCGATTCTATGATCT  
TTAGTCACTATAAATCCTAAAACCTAATAAAACAACGATGACAAGCTTAGAACGTGACGTATTGATTAAATTGAGTGGTCCCAAAAAT  
TAATGGACAGACTGGCGTAGAAGCAAAGCTAAATGCAGCCTATGCTTCTGGTGGTGCAGGAAATGGCATTGATGACTGTTCAAGACT  
TATTAGATATTAATGTTGATTACTTTATGCAAATTAATATGCAAGGATTAGTTGATTAGTCAATGCTGTTGGTGGTATAACAGTA  
ACTAATAAATTTGACTTTCCAATATCAATTGCTGCCAATGAACCAGAGTACAAGGCTGTTGTTGAACCAGGGACACATAAAATAAA  
TGGAGAACAGCACTTGTTTATTCTCGTATGCGCTATGATGATCCAGAGGGAGATTATGGGCGTCAAAAAGACAACGTGAAGTAA  
TTCAAAAAGTCCTTAAAAAATATTGGCGTTAAATAGTATTAGTTCAATACAAAAAATTTCTTCCGCAGTAAGTAATAACATGCAA  
ACTAATATTGAGATATCATCAAAAACGATTCTTAATTTGTTAGCTTATAAAGATTCAATGGAACATATTAAATCTTATCAGTTGAA  
AGGTGAAGACGCTACTTTATCAGATGGTGGCTCTTATCAAATTTTAACTAAGAAACATCTACTTGCAGTTCAAAATAGAAATTAAGA  
AAGAAGTGAATAAAAAGCGTAGTAAACTCTGAAGACAAGCGCGATTCTATATGAAGATTACTATGGTACTACTGCTAGTAATGAT  
TCTTCTACTTATTCATCAACACAAGAGAATAATTATAACAACACCTTATTCAGAAGCACCACCAAGTTACAGTGGTAATACTACT  
TTATAGTTCTGAGACTAATCAAAACAACCTCATCAAAATTACTATAATAGTAGCACTCCTGCTAGTAACATAGCAGTAACACTAACAA  
CAGGTGAGGCTGATTCAAGTGGAAGTGTCAATAATCATAATGGGGCTGCAACGCCTAATCCA

## SEQ ID NO. 2503 SAG0368 FROM THE 18RS21 GBS TYPE II STRAIN

TATAATTTTTCGACTAATGAATTGTCTAAGACTTTTAAAGATTTTAAGCTAGCTAAATCAAAAAGTCATGCTATTGAAGAAACAAA  
GCCGTTTTCAATACTATTAATGGGGGTGGACACAGGTT CAGAGCATCGAAAATCTAAGTGGTCAGGAAATAGCGATTCTATGATCT  
TAGTCACTATAAATCCTAAAACCTAATAAAACAACGATGACAAGCTTAGAACGTGACGTATTGATTAAATTGAGTGGTCCCAAAAAT  
AATGGACAGACTGGAGTAGAAGCAAAGCTAAATGCAGCCTATGCTTCTGGTGGTGCAGGAAATGGCATTGATGACTGTTCAAGACTT  
ATTAGATATTAATGTTGATTACTTTATGCAAATTAATATGCAAGGATTAGTTGATTAGTCAATGCTGTTGGTGGTATAACAGTAA  
CTAATAAATTTGACTTTCCAATATCAATTGCTGCCAATGAACCAGAGTACAAGGCTGTTGTTGAACCAGGGACACATAAAATAAAT  
GGAGAACAGCACTTGTTTATTCTCGTATGCGCTATGATGATCCAGAGGGAGATTATGGGCGTCAAAAAGACAACGTGAAGTAAT

## SEQUENCE LISTING

TCAAAAAGTCCTTAAAAAATATTGGCGTTAAATAGTATTAGTTCATACAAAAAATCTTTCCGCAGTAAGTAATAACATGCAAA  
CTAATATTGAGATATCATCAAAACGATTCTAATTTGTTAGCTTATAAAGATTCAATTGGAACATATTAATCTTATCAGTTGAAG  
GGTGAAGACGCTACTTTATCAGATGGTGGCTCTTATCAAATTTTAACTAAGAAACATCTACTTGCAGTTCAAAATAGAATTAAGAA  
AGAACTGGATAAAAAGCGTAGTAAACTCTGAAGACAAGCGCGATTCTATATGAAGATTACTATGGTACTACTGCTAGTAATGATT  
CTTCTACTTATTATCATCAACACAAGAGAATAATTATAATACAACACCTTATTCAGAAGCACCACCAAGTTACAGTGGTAATACTACT  
TATAGTTCTGAGACTAATCAAACAACTCATCAAATTAATAGTAGCACTCCTGCTAGTAACATAGCAGTAACACTAACAC  
AGGTCAGGCTGATTCAAGTGAAGTGTCAATAATCATAACGGGGCTGCAACGCCTAATCCA

## SEQ ID NO. 2504: SAG0368 FROM THE 2603 V/R GBS TYPE V STRAIN

TATAATTTTTCGACTAATGAATTGTCTAAGACTTTTAAAGATTTTAAAGCTAGCTAAATCAAAAAGTCATGCTATTGAAGAAACAAA  
GCCGTTTTCAATACTATTAATGGGGTGGACACAGGTTTCAGAGCATCGAAAATCTAAGTGGTCAGGAAATAGCGATTCTATGATCT  
TAGTCACTATAAATCCTAAAACCTAATAAAACAACGATGACAAGCTTAGAACGTGACGTATTGATTAAATTTAGTGGTCCCAAAAAT  
AATGGACAGACTGGAGTAGAAGCAAAGCTAAATGCAGCCTATGCTTCTGGTGGTGCAGAAATGGCATTGATGACTGTTCAAGACTT  
ATTAGATATTAATGTTGATTACTTTATGCAAATTAATATGCAAGGATTAGTTGATTTAGTCAATGCTGTTGGTGGTATAACAGTAA  
CTAATAAATTTGACTTTCCAATATCAATTGCTGCCAATGAACCAGAGTACAAGGCTGTTGTTGAACCAGGGACACATAAAATAAAT  
GGAGAACAAGCACTTGTATTCTCGTATGCGCTATGATGATCCAGAGGGAGATTATGGGCGTCAAAAAGACAACGTGAAGTAAT  
TCAAAAAGTCCTTAAAAAATATTGGCGTTAAATAGTATTAGTTTCATACAAAAAATCTTTCCGCAGTAAGTAATAACATGCAAA  
CTAATATTGAGATATCATCAAAAACGATTCTAATTTGTTAGCTTATAAAGATTCAATTGGAACATATTAATCTTATCAGTTGAAG  
GGTGAAGACGCTACTTTATCAGATGGTGGCTCTTATCAAATTTTAACTAAGAAACATCTACTTGCAGTTCAAAATAGAATTAAGAA  
AGAACTGGATAAAAAGCGTAGTAAACTCTGAAGACAAGCGCGATTCTATATGAAGATTACTATGGTACTACTGCTAGTAATGATT  
CTTCTACTTATTATCATCAACACAAGAGAATAATTATAATACAACACCTTATTCAGAAGCACCACCAAGTTACAGTGGTAATACTACT  
TATAGTTCTGAGACTAATCAAACAACTCATCAAATTAATAGTAGCACTCCTGCTAGTAACATAGCAGTAACACTAACAC  
AGGTCAGGCTGATTCAAGTGAAGTGTCAATAATCATAACGGGGCTGCAACGCCTAATCCA

## SEQ ID NO. 2505: SAG0368 FROM THE A909 GBS TYPE Ia STRAIN

TATAATTTTTCGACTAATGAATTGTCTAAGACTTTTAAAGATTTTAAAGCTAGCTAAATCAAAAAGTCATGCTATTGAAGAAACAAA  
GCCGTTTTCAATACTATTAATGGGGTGGACACAGGTTTCAGAGCATCGAAAATCTAAGTGGTCAGGAAATAGCGATTCTATGATCT  
TAGTCACTATAAATCCTAAAACCTAATAAAACAACGATGACAAGCTTAGAACGTGACGTATTGATTAAATTTAGTGGTCCCAAAAAT  
AATGGACAGACTGGAGTAGAAGCAAAGCTAAATGCAGCCTATGCTTCTGGTGGTGCAGAAATGGCATTGATGACTGTTCAAGACTT  
ATTAGATATTAATGTTGATTACTTTATGCAAATTAATATGCAAGGATTAGTTGATTTAGTCAATGCTGTTGGTGGTATAACAGTAA  
CTAATAAATTTGACTTTCCAATATCAATTGCTGCCAATGAACCAGAGTACAAGGCTGTTGTTGAACCAGGGACACATAAAATAAAT  
GGAGAACAAGCACTTGTATTCTCGTATGCGCTATGATGATCCAGAGGGAGATTATGGGCGTCAAAAAGACAACGTGAAGTAAT  
TCAAAAAGTCCTTAAAAAATATTGGCGTTAAATAGTATTAGTTTCATACAAAAAATCTTTCCGCAGTAAGTAATAACATGCAAA  
CTAATATTGAGATATCATCAAAAACGATTCTAATTTGTTAGCTTATAAAGATTCAATTGGAACATATTAATCTTATCAGTTGAAG  
GGTGAAGACGCTACTTTATCAGATGGTGGCTCTTATCAAATTTTAACTAAGAAACATCTACTTGCAGTTCAAAATAGAATTAAGAA  
AGAACTGGATAAAAAGCGTAGTAAACTCTGAAGACAAGCGCGATTCTATATGAAGATTACTATGGTACTACTGCTAGTAATGATT  
CTTCTACTTATTATCATCAACACAAGAGAATAATTATAATACAACACCTTATTCAGAAGCACCACCAAGTTACAGTGGTAATACTACT  
TATAGTTCTGAGACTAATCAAACAACTCATCAAATTAATAGTAGCACTCCTGCTAGTAACATAGCAGTAACACTAACAC  
AGGTCAGGCTGATTCAAGTGAAGTGTCAATAATCATAACGGGGCTGCAACGCCTAATCCA

## SEQ ID NO. 2506: SAG0368 FROM THE CJB110 GBS NONTYPEABLE STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)

TATAATTTTTCGACTAATGAATTGTCTAAGACTTTTAAAGATTTTAAAGCTAGCTAAATCAAAAAGTCATGCTATTGAAGAAACAAA  
GCCGTTTTCAATACTATTAATGGGGTGGACACAGGTTTCAGAGCATCGAAAATCTAAGTGGTCAGGAAATAGCGATTCTATGATCT  
TAGTCACTATAAATCCTAAAACCTAATAAAACAACGATGACAAGCTTAGAACGTGACGTATTGATTAAATTTAGTGGTCCCAAAAAT  
AATGGACAGACTGGAGTAGAAGCAAAGCTAAATGCAGCCTATGCTTCTGGTGGTGCAGAAATGGCATTGATGACTGTTCAAGACTT  
ATTAGATATTAATGTTGATTACTTTATGCAAATTAATATGCAAGGATTAGTTGATTTAGTCAATGCTGTTGGTGGTATAACAGTAA  
CTAATAAATTTGACTTTCCAATATCAATTGCTGCCAATGAACCAGAGTACAAGGCTGTTGTTGAACCAGGGACACATAAAATAAAT  
GGAGAACAAGCACTTGTATTCTCGTATGCGCTATGATGATCCAGAGGGAGATTATGGGCGTCAAAAAGACAACGTGAAGTAAT  
TCAAAAAGTCCTTAAAAAATATTGGCGTTAAATAGTATTAGTTTCATACAAAAAATCTTTCCGCAGTAAGTAATAACATGCAAA  
CTAATATTGAGATATCATCAAAAACGATTCTAATTTGTTAGCTTATAAAGATTCAATTGGAACATATTAATCTTATCAGTTGAAG  
GGTGAAGACGCTACTTTATCAGATGGTGGCTCTTATCAAATTTTAACTAAGAAACATCTACTTGCAGTTCAAAATAGAATTAAGAA  
AGAACTGGATAAAAAGCGTAGTAAACTCTGAAGACAAGCGCGATTCTATATGAAGATTACTATGGTACTACTGCTAGTAATGATT  
CTTCTACTTATTATCATCAACACAAGAGAATAATTATAATACAACACCTTATTCAGAAGCACCACCAAGTTACAGTGGTAATACTACT  
TATAGTTCTGAGACTAATCAAACAACTCATCAAATTAATAGTAGCACTCCTGCTAGTAACATAGCAGTAACACTAACAC  
CAGGTCAGGCTGATTCAAGTGAAGTGTCAATAATCATAACGGGGCTGCAACGCCTAATCCA

## SEQ ID NO. 2507: SAG0368 FROM THE COH1 GBS TYPE III STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)

GATTTTAAAGCTAGATAAATCAAAAAGTCATGCTATTGAAGAAACAAAGCCGTTTTCAATACTATTAATGGGTGGACACAGGTTTC  
AGAGCATCGAAAATCTAAGTGGTCAGGAAATAGCGATTCTATGATCTTAGTCACTATAAATCCTAAAACCTAATAAAACAACGATGA  
CAAGCTTAGAACGTGACGTATTGATTAAATTTAGTGGTCCCAAAAATAATGGACAGACTGGCGTAGAAGCAAAGCTAAATGCAGCC  
TATGCTTCTGGTGGTGCAGAAATGGCATTGATGACTGTTCAAGACTTATTAGATATTAATGTTGATTACTTTATGCAAATTAATAT  
GCAAGGATTAGTTGATTGGTCAATGCTGTTGGTGGTATACAGTAACATAAATTTGACTTTCCAATTAATGCTGCTGCCAATG  
AACCAGAGTACAGGCTGTTGTTGAACCAGGGACATAAAATTAATGGAGAACCAAGCACTGTTTATTCTCGTATGCGCTATGAT  
GATCCAGAGGGAGATTATGGGCGTCAAAAAGACAACGTGAAGTAATCAAAAAGTCCTTAAAAAATATTGGCGTTAAATAGTAT

## SEQUENCE LISTING

TAGTTCATACAAAAAATTCTTTCCGCAGTAAGTAATAACATGCAAACTAATATTGAGATATCATCAAAAACGATTCTTAATTTGT  
TAGCTTATAAAGATTCAATTGGAACATATTAAATCTTACAGTTGAAGGTGAAGACGCTACTCTATCAGATGGTGGCTCTTATCAA  
ATTTTAACTAAGAAACATCTACTTGCAGTTCAAAATAGAATTAAGAAAGAGCTGGATAAAAAGCGTAGTAAACTCTGAAGACAAG  
CGCGATTCTATATGAAGATTACTATGGTACTACTGCTAGTAATGATTCTTCTACTTATTATCATCAACACAAGAGAATTATTATTATA  
CAACACCTTATTTCAGAAGCACCACCAAGTTACAGTGGTAATACTACTTATAGTTCTGAGACTAATCAAACTCATCAAAGTTA  
CTATAATAGTAGCACTCCTGCTAGTAATATAGCAGTAACACTAACACAGGTGAGGTGATTCAAGTGAAGTGTAAATAATTATA  
ACGGGGCTGCAACGCCTAATCCAAACACAGGAACGCAACCAGTACCAGGTCAAACCTAATCCA

## SEQ ID NO. 2508: SAG0368 FROM THE H36b GBS TYPE Ib STRAIN

TATAATTTTTCGACTAATGAATTGTCTAAGACTTTTAAAGATTTTAAGCTAGCTAAATCAAAAAGTCATGCTATTGAAGAAACAAA  
GCCGTTTTCAATACTATTAAATGGGGGTGGACACAGGTTAGAGCATCGAAAATCTAAGTGGTCAGGAAATAGCGATTCTATGATCT  
TAGTCACCTATAAATCCTAAAACTAATAAAACAACGATGACAAGCTTAGAAGCTGACGTATTGATTAAATTGAGTGGTCCAAAAAT  
AATGGACAGACTGGAGTAGAAGCAAAGCTAAATGCAGCCTATGCTTCTGGTGGTGGGAAATGGCATTGATGACTGTTCAAGACTT  
ATTAGATATTAAATGTTGATTACTTTATGCAAATTAATATGCAAGGATTAGTTGATTTAGTCAATGCTGTTGGTGGTATAACAGTAA  
CTAATAAATTTGACTTTCCAATATCAATTGCTGCCAATGAACCAGAGTACAAGGCTGTTGTTGAACCAGGGACACATAAAATAAAT  
GGAGAACAAGCACTTGTATTCTCGTATGCGCTATGATGATCCAGAGGGAGATTATGGGCGTCAAAAAGACAACGTGAAGTAAT  
TCAAAAAGTCTTAAAAAATATTGGCGTTAAATAGTA

## SEQ ID NO. 2509: SAG0368 FROM THE

TTAGTTCATACAAAAAATTCTTTCCGCAGTAAGTAATAACATGCAAACTAATATTGAGATATCATCAAAAACGATTCTTAATTTG  
TATGCTTTTAAAGATTCAATTGGAACATATTAAATCTTATCAGTTGAAGGTGAAGACGCTACTTTATCAGATGGTGGCTCTTATCA  
AATTTTAACTAAGAAACATCTACTTGCAGTTCAAAATAGAATTAAGAAAGAACTGGATAAAAAGCGTAGTAAACTCTGAAGACAA  
GCGCGATTCTATATGAAGATTACTATGGTACTACTGCTAGTAATGATTCTTCTACTTATTATCATCAACACAAGAGAATAATTATAAT  
ACAACACCTTATTTCAGAAGCACCACCAAGTTACAGTGGTAATACTACTTATAGTTCTGAGACTAATCAAACTCATCAAATTA  
CTATAATAGTAGCACTCCTGCTAGTAATATAGCAGTAACACTAACACAGGTGAGGTGATTCAAGTGAAGTGTCAATAATCATA  
ACGGGGCTGCAACGCCTAATCCA

## SEQ ID NO. 2510: SAG0368 FROM THE JM9130013 GBS TYPE VIII STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)

TATAATTTTTCGACTAATGAATTGTCTAAGACTTTTAAAGATTTTAAGCTAGCTAAATCAAAAAGTCATGCTATTGAAGAAACAAA  
GCCGTTTTTCAATACTATTAAATGGGGGTGGACACAGGTTAGAGCATCGAAAATCTAAGTGGTCAGGAAATAGCGATTCTATGATCT  
TAGTCACCTATAAATCCTAAAACTAATAAAACAACGATGACAAGCTTAGAAGCTGACGTATTGATTAAATTGAGTGGTCCAAAAAT  
AATGGACAGACTGGAGTAGAAGCAAAGCTAAATGCAGCCTATGCTTCTGGTGGTGGGAAATGGCATTGATGACTGTTCAAGACTT  
ATTAGATATTAAATGTTGATTACTTTATGCAAATTAATATGCAAGGATTAGTTGATTTAGTCAATGCTGTTGGTGGTATAACAGTAA  
CTAATAAATTTGACTTTCCAATATCAATTGCTGCCAATGAACCAGAGTACAAGGCTGTTGTTGAACCAGGGACACATAAAATAAAT  
GGAGAACAAGCACTTGTATTCTCGTATGCGCTATGATGATCCAGAGGGAGATTATGGGCGTCAAAAAGACAACGTGAAGTAAT  
TCAAAAAGTCTTAAAAAATATTGGCGTTAAATAGTATTAGTTCATACAAAAAATTCTTTCCGCAGTAAGTAATAACATGCAAA  
CTAATATTGAGATATCATCAAAAACGATTCTTAATTTGTTAGCTTATAAAGATTCAATTGGAACATATTAAATCTTATCAGTTGAAG  
GGTGAAGACGCTACTTTATCAGATGGTGGCTCTTATCAAATTTTAACTAAGAAACATCTACTTGCAGTTCAAAATAGAATTAAAGAA  
AGAAGTGGATAAAAAGCGTAGTAAACTCTGAAGACAAGCGCGATTCTATATGAAGATTACTATGGTACTACTGCTAGTAATGATT  
CTTCTACTTATTATCATCAACACAAGAGAATAATTATAATACAACACCTTATTTCAGAAGCACCACCAAGTTACAGTGGTAATACTACT  
TATAGTTCTGAGACTAATCAAACTCATCAAATTAATAATAGTAGCACTCCTGCTAGTAATATAGCAGTAACACTAACAC  
AGGTGAGGCTGATTCAAGTGAAGTGTCAATAATCATAACGGGCTGCAACGCCTAATCCA

## SEQ ID NO. 2511: SAG0368 FROM THE M781 GBS TYPE III STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)

TTCAATACTATTAAATGGGTGTGGACACAGGTTAGAGCATCGAAAATCTAAGTGGTCAGGAAATAGCGATTCTATGATCTTAGTCA  
CTATAAATCCTAAAACTAATAAAACAACGATGACAAGCTTAGAAGCTGACGTATTGATTAAATTGAGTGGTCCAAAAATAATGGA  
CAGACTGGCGTAGAAGCAAAGCTAAATGCAGCCTATGCTTCTGGTGGTGGGAAATGGCATTGATGACTGTTCAAGACTTATTAGA  
TATTAATGTTGATTACTTTATGCAAATTAATATGCAAGGATTAGTTGATTGGTCAATGCTGTTGGTGGTATAACAGTAACATAATA  
AATTTGACTTTTCCAATATCAATTGCTGCCAATGAACCAGAGTACAAGGCTGTTGTTGAACCAGGGACACATAAAATAAATGGAGAA  
CAAGCACTTGTATTCTCGTATGCGCTATGATGATCCAGAGGGAGATTATGGGCGTCAAAAAGACAACGTGAAGTAATTCAAAA  
AGTCCTTAAAAAATATTGGCGTTAAATAGTATTAGTTCATACAAAAAATTCTTTCCGCAGTAAGTAATAACATGCAAACTAATA  
TTGAGATATCATCAAAAACGATTCTTAATTTGTTAGCTTATAAAGATTCAATTGGAACATATTAAATCTTATCAGTTGAAGGTGAA  
GACGCTACTCTATCAGATGGTGGCTCTTATCAAATTTTAACTAAGAAACATCTACTTGCAGTTCAAAATAGAATTAAAGAAAGAGCT  
GGATAAAAAGCGTAGTAAACTCTGAAGACAAGCGCGATTCTATATGAAGATTACTATGGTACTACTGCTAGTAATGATTCTTCTA  
CTTATTATCATCAACACAAGAGAATAATTATAATACAACACCTTATTTCAGAAGCACCACCAAGTTACAGTGGTAATACTACTTATAGT  
TCTGAGACTAATCAAACTCATCAAAGTTACTATAATAGTAGCACTCCTGCTAGTAATATAGCAGTAACACTAACACAGGTCA  
GGCTGATTCAAGTGAAGTGTAAATAATTATAACGGGCTGCAACGCCTAATCCAAACACAGGAACGCAACCAGTACCAGGTCAAA  
CTAATCCA

## &gt;SEQ ID NO 2550: 54\_090 frame: 1

YNFSTNELSKTFKDFKLAKSKSHAIEETKPFISILLMGVDTGSEHRKSKWSGNSDSMILVT  
INPKTNKTTMTSLERDLVLKLSGPKNNGQTGVEAKLNAAAYASGGAEMALMTVQDLLDINV  
DYFMQINMQGLVDLVNAVGGITVTNKFDFPISIAANEPEYKAVVEPGTHKINGEQALVYS  
RMRYDDPEGDYGRQKRQREVIQKVLKKILALNSISSYKKILSAVSNMOTNIEISSKTIP

## SEQUENCE LISTING

NLLAYKDSLEHIKSYQLKGEDATLSDGGSYQILTKKHLLAVQNRIKKELDKKRSKTLKTS  
 AILYEDYYGTTASNDSSSTYSSTQENNYNTTPYSEAPPSYSGNTTYSSETNQTHQNYNS  
 STPASNYSSNTNTGQADSSGSVNNHNGAATPNP

>SEQ ID NO 2551:54\_1169NT frame: 1

YNFSTNELSKTFKDFKLAKSKSHAIEETKPFISILLMGVDTGSEHRKSKLVKR.RFYDLSH  
 YKS.N..NNDDKLRT.RID.IEWSQK.WTDWRRSKAKCSLFWWCNGIDDCSRLIRY.C  
 .LLYAN.YARIS.FSQCCWYNSN..I.LSNINCCQ.TRVQGCC.TRDT.NKWRTSTCLF  
 SYAL..SRGRLWASKKTT.SNSKSP.KNIGVK.Y.FIQKNSFRSK..HAN.Y.DIIKND  
 .FVSL.RFIGTY.ILSVER.RRYFIRWLLSNFN.ETSTCSSK.N.ERTR.KA..NSEDK  
 RDSI.RLLWYYC...FFYLFINRE.L.YNTLFRSTTKLQW.YYL.F.D.SNNSSKLL..  
 .HSC..L.Q.H.HRS.G.FKWKCQ.S.WGCNA.S

>SEQ ID NO 2552:54\_18RS21 frame: 1

YNFSTNELSKTFKDFKLAKSKSHAIEETKPFISILLMGVDTGSEHRKSKWSGNSDSMILVT  
 INPKTNKTTMTSLERDVLIKLSGPKNNGQTGVEAKLNAAYASGGAEMALMTVQDLLDINV  
 DYFMQINMQGLVDLVNAVGGITVTNKFDFPISIAANEPEYKAVVEPGTHKINGEQALVYS  
 RMRYDDPEGDYGRQKRQREVIQKVLKKILALNSISSYKKILSAVSNMQTNIEISSKTIP  
 NLLAYKDSLEHIKSYQLKGEDATLSDGGSYQILTKKHLLAVQNRIKKELDKKRSKTLKTS  
 AILYEDYYGTTASNDSSSTYSSTQENNYNTTPYSEAPPSYSGNTTYSSETNQTHQNYNS  
 STPASNYSSNTNTGQADSSGSVNNHNGAATPNP

>SEQ ID NO 2553:54\_2603 frame: 1

YNFSTNELSKTFKDFKLAKSKSHAIEETKPFISILLMGVDTGSEHRKSKWSGNSDSMILVT  
 INPKTNKTTMTSLERDVLIKLSGPKNNGQTGVEAKLNAAYASGGAEMALMTVQDLLDINV  
 DYFMQINMQGLVDLVNAVGGITVTNKFDFPISIAANEPEYKAVVEPGTHKINGEQALVYS  
 RMRYDDPEGDYGRQKRQREVIQKVLKKILALNSISSYKKILSAVSNMQTNIEISSKTIP  
 NLLAYKDSLEHIKSYQLKGEDATLSDGGSYQILTKKHLLAVQNRIKKELDKKRSKTLKTS  
 AILYEDYYGTTASNDSSSTYSSTQENNYNTTPYSEAPPSYSGNTTYSSETNQTHQNYNS  
 STPASNYSSNTNTGQADSSGSVNNHNGAATPNP

>SEQ ID NO 2554: 54\_A909 frame: 1

YNFSTNELSKTFKDFKLAKSKSHAIEETKPFISILLMGVDTGSEHRKSKWSGNSDSMILVT  
 INPKTNKTTMTSLERDVLIKLSGPKNNGQTGVEAKLNAAYASGGAEMALMTVQDLLDINV  
 DYFMQINMQGLVDLVNAVGGITVTNKFDFPISIAANEPEYKAVVEPGTHKINGEQALVYS  
 RMRYDDPEGDYGRQKRQREVIQKVLKKILALNSISSYKKILSAVSNMQTNIEISSKTIP  
 NLLAYKDSLEHIKSYQLKGEDATLSDGGSYQILTKKHLLAVQNRIKKELDKKRSKTLKTS  
 AILYEDYYGTTASNDSSSTYSSTQENNYNTTPYSEAPPSYSGNTTYSSETNQTHQNYNS  
 STPASNYSSNTNTGQADSSGSVNNHNGAATPNP

>SEQ ID NO 2555:54\_CJB110 frame: 1

YNFSTNELSKTFKDFKLAKSKSHAIEETKPFISILLMGVDTGSEHRKSKWSGNSDSMILVT  
 INPKTNKTTMTSLERDVLIKLSGPKNNGQTGVEAKLNAAYASGGAEMALMTVQDLLDINV  
 DYFMQINMQGLVDLVNAVGGITVTNKFDFPISIAANEPEYKAVVEPGTHKINGEQALVYS  
 RMRYDDPEGDYGRQKRQREVIQKVLKKILALNSISSYKKILSAVSNMQTNIEISSKTIP  
 NLLAYKDSLEHIKSYQLKGEDATLSDGGSYQILTKKHLLAVQNRIKKELDKKRSKTLKTS  
 AILYEDYYGTTASNDSSSTYSSTQENNYNTTPYSEAPPSYSGNTTYSSETNQTHQNYNS

>SEQ ID NO 2556:54\_COH1 frame: 1

DFKLDKSKSHAIEETKPFISILLMGVDTGSEHRKSKWSGNSDSMILVTINPKTNKTTMTSL  
 ERDVLIKLSGPKNNGQTGVEAKLNAAYASGGAEMALMTVQDLLDINV  
 DYFMQINMQGLVDLVNAVGGITVTNKFDFPISIAANEPEYKAVVEPGTHKINGEQALVYS  
 RMRYDDPEGDYGRQKRQREVIQKVLKKILALNSISSYKKILSAVSNMQTNIEISSKTIP  
 NLLAYKDSLEHIKSYQLKGEDATLSDGGSYQILTKKHLLAVQNRIKKELDKKRSKTLKTS  
 AILYEDYYGTTASNDSSSTYSSTQENNYNTTPYSEAPPSYSGNTTYSSETNQTHQNYNS  
 .F.D.SNNSSKLL..  
 .HSC..L.Q.H.H  
 RSG.FKWKC..L.RGCNA.SKHRNATSTRSN.S

>SEQ ID NO 2557:54\_H36B frame: 1

YNFSTNELSKTFKDFKLAKSKSHAIEETKPFISILLMGVDTGSEHRKSKWSGNSDSMILVT  
 INPKTNKTTMTSLERDVLIKLSGPKNNGQTGVEAKLNAAYASGGAEMALMTVQDLLDINV  
 DYFMQINMQGLVDLVNAVGGITVTNKFDFPISIAANEPEYKAVVEPGTHKINGEQALVYS  
 RMRYDDPEGDYGRQKRQREVIQKVLKKILALNSISSYKKILSAVSNMQTNIEISSKTIP  
 NLLAYKDSLEHIKSYQLKGEDATLSDGGSYQILTKKHLLAVQNRIKKELDKKRSKTLKTS  
 AILYEDYYGTTASNDSSSTYSSTQENNYNTTPYSEAPPSYSGNTTYSSETNQTHQNYNS

## SEQUENCE LISTING

STPASNYSSNTNTGQADSSGSVNNHNGAATPNP

&gt;SEQ ID NO 2558:54 JM9130013 frame: 1

YNFSTNELSKTFKDFKLAKSKSHAIEETKPFISILLMGVDTGSEHRKSKWSGNSDSMILVT  
INPKTNKTTMTSLERDVLIKLSGPKNNGQTGVEAKLNAAYASGGAEMALMTVQDILLDINV  
DYFMQINMQGLVDLVNAVGGITVTNKFDFPISIAANEPEYKAVVEPGTHKINGEQALVYS  
RMRYDDPEGDYGRQKRQREVIQVLKKILALNSISSYKKILSAVSNMOTNIEISSKTIP  
NLLAYKDSLEHIKSYQLKGEDATLSDGGSYQILTKHLLAVQNRICKELDKKRSKTLKTS  
AILYEDYYGTTASNDSSSTYSSTQENNYNTTPYSEAPPSYSGNTTYSSETNQTHQNYNS  
STPASNYSSNTNTGQADSSGSVNNHNGAATPNP

&gt;SEQ ID NO 2559:54 M781 frame: 2

SILLMGVDTGSEHRKSKWSGNSDSMILVTINPKTNKTTMTSLERDVLIKLSGPKNNGQTG  
VEAKLNAAYASGGAEMALMTVQDILLDINV DYFMQINMQGLVDLVNAVGGITVTNKFDFPI  
SIAANEPEYKAVVEPGTHKINGEQALVYSRMRYDDPEGDYGRQKRQREVIQVLKKILAL  
NSISSYKKILSAVSNMOTNIEISSKTIPNLLAYKDSLEHIKSYQLKGEDATLSDGGSYQ  
ILTKHLLAVQNRICKELDKKRSKTLKTSAILYEDYYGTTASNDSSSTYSSTQENNYNTTP  
YSEAPPSYSGNTTYSSETNQTHQSYNSSTPASNYSSNTNTGQADSSGSVNNYNGAATP  
NPNTGTQPVPGQTNP

SEQ ID NO. 2601: SAG0503 FROM THE 090 GBS TYPE Ia STRAIN  
(REVERSE COMPLEMENT)

GGGCACAAGTTTGTACAAAAAGCAGGCTCTATTTTTCCTTGATCATTCCTAAATTAACAAAAAAGACTTCC  
TAACAAAGAAAGTTATCCCACTTAACATATGTTGCTCTTGAGATTCTCTGACCGAAGGTGTGGGCGATACAACCTCTCAAGGTGGT  
TTTGTCCCACTGCTATCAGAATCACTCCATAATCGATACTCTTACCAAGTGACTTCTGTTAATTATGGTGTGTCTGGGAATACTAG  
TCAACAAATTTTAAACGTATGACGACAGATCCTCAAATCGAAAAGATTAGAGAAAGCTGATTATTGACGCTAACTGTTGGTG  
GTAATGATGTCTTGCTGTTATTCGTAAGAGCTCAGTCATTTATCACTAAATTCCTTTGAGAAACCAGCAGAAGCATATAAGGAA  
CGTTTGAAAGAAATACTTGCAAAAGCAGACAGATAATCCTAAATTCCTTATGTTTATGGCATTATATAATCCTTTTACCT  
AAACTTCCCAATTAATAAAATGCAACCGTTATTGATAATTGGAATAAAGCTACAAAAGAAGTAGTTGATGCTTCAGAAAATG  
TTTATTTTGTCCCAATTAATGACCGCTTTATAAGGGAATAAATGGTAAAGAGGGTATTACAGAGTCATCAAATAGTCAGGCAAGT  
ATCACTAATGATGCTCTCTTTACTGGAGACCATTTTCATCCCAATAATATTGGCTATCAAATCATGTCTAACGCCGTTATGGAGAA  
AATAAATGAAACAAGAAAAAAGTGGCCGAACCCAGCTTTCTGTACAAAG

SEQ ID NO. 2602: SAG0503 FROM THE H36b GBS TYPE Ib STRAIN  
(REVERSE COMPLEMENT)

TTTGTACAAAAAGCAGGCTCTATTTTTCCTTGATCATTCCTAAATTAACAAAAAAGACTTCCTAACAAAGA  
AAGTTATCCCACTTAACATATGTTGCTCTTGAGATTCTCTGACCGAAGGTGTGGGCGATACAACCTCTCAAGGTGGTTTTGTTC  
CTGCTATCAGAATCACTCCATAATCGATACTCTTACCAAGTGACTTCTGTTAATTATGGTGTGTCTGGGAATACTAGTCAACAAAT  
TTTAAACGTATGACGACAGATCCTCAAATCGAAAAGATTAGAGAAAGCTGATTATTGACGCTAACTGTTGGTGGTAATGATG  
TCTTGCTGTTATTTCGTAAGAGCTCAGTCATTTATCACTAAATTCCTTTGAGAAACCAGCAGAAGCATATAAGGAACGTTTGAA  
GAAATCCTTGCAAAAGCAGACAGATAATCCTAAATTCCTTATGTTTATGGCATTATATAATCCTTTTACCTAAACTTTCC  
ACAATTAATAAAATGCAACCGTTATTGATAATTGGAATAAAGCTACAAAAGAAGTAGTTGATGCTTCAGAAAATGTTTATTTG  
TCCCAATTAATGACCGCTTTATAAGGGAATAAATGGTAAAGAGGGTATTACAGAGTCATCAAATAGTCAGGCAAGTATCACTAA  
GATGCTCTCTTTACTGGAGACCATTTTCATCCCAATAATATTGGCTATCAAATCATGTCTAACGCCGTTATGGAGAAAATAAATGA  
AACAAGAAAAAAGTGGCCGAACCCAGCTTTCTGTACAAAGTGCTC

SEQ ID NO. 2603: SAG0503 FROM THE 18RS21 GBS TYPE II STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)

GTTGTACAAAAAGCAGGCTCTATTTTTCCTTGATCATTCCTAAATTAACAAAAAAGACTTCCTAACAAAG  
AAAGTTATCCCACTTAACATATGTTGCTCTTGAGATTCTCTGACCGAAGGTGTGGGCGATACAACCTCTCAAGGTGGTTTTGTTC  
ACTGCTATCAGAATCACTCCATAATCGATACTCTTACCAAGTGACTTCTGTTAATTATGGTGTGTCTGGGAATACTAGTCAACAAA  
TTTAAACGTATGACGACAGATCCTCAAATCGAAAAGATTAGAGAAAGCTGATTATTGACGCTAACTGTTGGTGGTAATGAT  
GTCTTGCTGTTATTTCGTAAGAGCTCAGTCATTTATCACTAAATTCCTTTGAGAAACCAGCAGAAGCATATAAGGAACGTTTGAA  
AGAAATCCTTGCAAAAGCAGACAGATAATCCTAAATTCCTTATGTTTATGGCATTATATAATCCTTTTACCTAAACTTTCC  
CACAATTAATAAAATGCAACCGTTATTGATAATTGGAATAAAGCTACAAAAGAAGTAGTTGATGCTTCAGAAAATGTTTATTTT  
GTCCCAATTAATGACCGCTTTATAAGGGAATAAATGGTAAAGAGGGTATTACAGAGTCATCAAATAGTCAGGCAAGTATCACTAA  
TGATGCTCTCTTTACTGGAGACCATTTTCATCCCAATAATATTGGCTATCAAATCATGTCTAACGCCGTTATGGAGAAAATAAATG  
AACAAGAAAAAAGTGGCCGAACCCAGCTTTCTGTACAAAGTGCTC

SEQ ID NO. 2604: SAG0503 FROM THE COH1 GBS TYPE III STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)

GGACAAGTTTGTACAAAAAGCAGGCTCTATTTTTCCTTGATCATTCCTAAATTAACAAAAAAGACTTCCCTA  
ACAAAGAAAGTTATCCCACTTAACATATGTTGCTCTTGAGATTCTCTGACCGAAGGTGTGGGGGATACAACCTCTCAAGGTGGTTT  
TGTCCTGCTGCTATCAGATCACTCCATAATCGATACTCTTACCAAGTGACTTCTGTTAATTATGGTGTGTCTGGGAATACTAGTC  
AACAAATTTTAAACGTATGACGACAGATCCTCAAATCGAAAAGATTAGAGAAAGCTGATTATTGACGCTAACTGTTGGTGGT  
AATGATGCTCTTGCTGTTATTTCGTAAGAGCTCAGTCATTTATCACTAAATTCCTTTGAGAAACCAGCAGAAGCATATAAGGAACG



## SEQUENCE LISTING

TTTGAAAGAAATTCTTGCAAAGCAAGACAAGATAATCCTAAATTGCCTATTTATGTTTTAGGCATTTATAATCCTTTTACCTAA  
 ACTTTCCACAATTAATAAATGCAAACCGTTATTGATAATTGGAATAAAGCTACAAAAGAAGTAGTTGATGCTTCAGAAAATGTT  
 TATTTTGTCCCAATTAATGACCGCCTTTATAAGGGAATAAATGGTAAAGAGGGTATTACAGAGTCATCAAATAGTCAGGCAAGTAT  
 CACTAATGATGCTCTCTTTACTGGAGACCATTTCATCCCAATAATATTGGCTATCAAATCATGTCTAACGCCGTTATGGAGAAAA  
 TAAATGAAACAAGAAAAAACTGGCCGAACCCAGCTTTCTGTACAAA

**SEQ ID NO. 2605: SAG0503 FROM THE CJB110 GBS NONTYPEABLE STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)**  
 GTTTGTACAAAAAGCAGGCTCTATTTTTCTTTGATCATTTCCAAAATCAAATCCTAAATTAACAAAAAAGACTTCCTAACAAAG  
 AAAGTTATCCCACTTAACCTATGTTGCTCTTGGAGATTCTCTGACCGAAGGTGTGGGCGATACAACCTCTCAAGGTGGTTTTGTCCC  
 ACTGCTATCAGAATCACTCCATAATCGATACTCTTACCAAGTGACTTCTGTTAATTATGGTGTGTCTGGGAATACTAGTCAACAAA  
 TTTTAAACGTATGACGACAGATCCTCAAATCGAAAAAGATTTAGAGAAAGCTGATTTATTGACGCTAACTGTTGGTGGTAATGAT  
 GTCTTGGCTGTTATTCGTAAAGAGCTCAGTCATTTATCACTAAATTCCTTTGAGAAACCAGCAGAAGCATATAAGGAACGTTTGAA  
 AGAAATACCTTGCAAAAGCAAGACAAGATAATCCTAAATTGCCTATTTATGTTTTAGGCATTTATAATCCTTTTTACCTAACTTTC  
 CACAATTAACATAAATGCAAACCGTTATTGATAATTGGAATAAAGCTACAAAAGAAGTAGTTGATGCTTCAGAAAATGTTTATTTT  
 GTCCCAATTAATGACCGCCTTTATAAGGGAATAAATGGTAAAGAGGGTATTACAGAGTCATCAAATAGTCAGGCAAGTATCACTAA  
 TGATGCTCTCTTTACTGGAGACCATTTCATCCCAATAATATTGGCTATCAAATCATGTCTAACGCCGTTATGGAGAAAAATAATG  
 AAACAAGAAAAAACTGGCCGAACCCAGCTTTCTGTACAAA

**SEQ ID NO. 2606: SAG0503 FROM THE 1169NT1 GBS TYPE V STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)**  
 GTTTGTACAAAAAGCAGGCTCTATTTTTCTTTGATCATTTCCAAAATCAAATCCTAAATTAACAAAAAAGACTTCCTAACAAAG  
 AAAGTTATCCCACTTAACCTATGTTGCTCTTGGAGATTCTCTGACCGAAGGTGTGGGCGATACAACCTCTCAAGGTGGTTTTGTCCC  
 ACTGCTATCAGAATCACTCCATAATCGATACTCTTACCAAGTGACTTCTGTTAATTATGGTGTGTCTGGGAATACTAGTCAACAAA  
 TTTTAAACGTATGACGACAGATCCTCAAATCGAAAAAGATTTAGAGAAAGCTGATTTATTGACGCTAACTGTTGGTGGTAATGAT  
 GTCTTGGCTGTTATTCGTAAAGAGCTCAGTCATTTATCACTAAATTCCTTTGAGAAACCAGCAGAAGCATATAAGGAACGTTTGAA  
 AGAAATCCTTGCAAAAGCAAGACAAGATAATCCTAAATTGCCTATTTATGTTTTAGGCATTTATAATCCTTTTTACCTAACTTTC  
 CACAATTAACATAAATGCAAACCGTTATTGATAATTGGAATAAAGCTACAAAAGAAGTAGTTGATGCTTCAGAAAATGTTTATTTT  
 GTCCCAATTAATGACCGCCTTTATAAGGGAATAAATGGTAAAGAGGGTATTACAGAGTCATCAAATAGTCAGGCAAGTATCACTAA  
 TGATGCTCTCTTTACTGGAGACCATTTCATCCCAATAATATTGGCTATCAAATCATGTCTAACGCCGTTATGGAGAAAAATAATG  
 AAACAAGAAAAAACTGGCCGAACCCAGCTTTCTGTACAAA

**SEQ ID NO. 2607: SAG0503 FROM THE JM9130013 GBS TYPE VIII STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)**  
 GTTTGTACAAAAAGCAGGCTCTATTTTTCTTTGATCATTTCCAAAATCAAATCCTAAATTAACAAAAAAGACTTCCTAACAAAG  
 AAAGTTATCCCACTTAACCTATGTTGCTCTTGGAGATTCTCTGACCGAAGGTGTGGGCGATACAACCTCTCAAGGTGGTTTTGTCCC  
 ACTGCTATCAGAATCACTCCATAATCGATACTCTTACCAAGTGACTTCTGTTAATTATGGTGTGTCTGGGAATACTAGTCAACAAA  
 TTTTAAACGTATGACGACAGATCCTCAAATCGAAAAAGATTTAGAGAAAGCTGATTTATTGACGCTAACTGTTGGTGGTAATGAT  
 GTCTTGGCTGTTATTCGTAAAGAGCTCAGTCATTTATCACTAAATTCCTTTGAGAAACCAGCAGAAGCATATAAGGAACGTTTGAA  
 AGAAATCCTTGCAAAAGCAAGACAAGATAATCCTAAATTGCCTATTTATGTTTTAGGCATTTATAATCCTTTTTACCTAACTTTC  
 CACAATTAACATAAATGCAAACCGTTATTGATAATTGGAATAAAGCTACAAAAGAAGTAGTTGATGCTTCAGAAAATGTTTATTTT  
 GTCCCAATTAATGACCGCCTTTATAAGGGAATAAATGGTAAAGAGGGTATTACAGAGTCATCAAATAGTCAGGCAAGTATCACTAA  
 TGATGCTCTCTTTACTGGAGACCATTTCATCCCAATAATATTGGCTATCAAATCATGTCTAACGCCGTTATGGAGAAAAATAATG  
 AAACAAGAAAAAACTGGCCGAACCCAGCTTTCTGTACAAA

**SEQ ID NO. 2608: SAG0503 FROM THE 2603 V/R GBS TYPE V STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)**  
 AGTTTGTACAAAAAGCAGGCTCTATTTTTCTTTGATCATTTCCAAAATCAAATCCTAAATTAACAAAAAAGACTTCCTAACAAA  
 GAAAGTTATCCCACTTAACCTATGTTGCTCTTGGAGATTCTCTGACCGAAGGTGTGGGCGATACAACCTCTCAAGGTGGTTTTGTTC  
 CACTGCTATCAGAATCACTCCATAATCGATACTCTTACCAAGTGACTTCTGTTAATTATGGTGTGTCTGGGAATACTAGTCAACAA  
 ATTTTAAACGTATGACGACAGATCCTCAAATCGAAAAAGATTTAGAGAAAGCTGATTTATTGACGCTAACTGTTGGTGGTAATGA  
 TGCTTTGGCTGTTATTCGTAAAGAGCTCAGTCATTTATCACTAAATTCCTTTGAGAAACCAGCAGAAGCATATAAGGAACGTTTGA  
 AAGAAATCCTTGCAAAAGCAAGACAAGATAATCCTAAATTGCCTATTTATGTTTTAGGCATTTATAATCCTTTTTACCTAACTTTC  
 CCACAATTAACATAAATGCAAACCGTTATTGATAATTGGAATAAAGCTACAAAAGAAGTAGTTGATGCTTCAGAAAATGTTTATTT  
 TGTCCTCAATTAATGACCGCCTTTATAAGGGAATAAATGGTAAAGAGGGTATTACAGAGTCATCAAATAGTCAGGCAAGTATCACTAA  
 ATGATGCTCTCTTTACTGGAGACCATTTCATCCCAATAATATTGGCTATCAAATCATGTCTAACGCCGTTATGGAGAAAAATAATG  
 GAAACAAGAAAAAACTGGCCGAACCCAGCTTTCTGTACAAA

**SEQ ID NO. 2609: SAG0503 FROM THE M781 GBS TYPE III STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)**  
 GGACAAGTTTGTACAAAAAGCAGGCTCTATTTTTCTTTGATCATTTCCAAAATCAAATCCTAAATTAACAAAAAAGACTTCCTAA  
 ACAAGAAAGTTATCCCACTTAACCTATGTTGCTCTTGGAGATTCTCTGACCGAAGGTGTGGGCGATACAACCTCTCAAGGTGGTTTT  
 TGTCCCACTGCTATCAGAATCACTCCATAATCGATACTCTTACCAAGTGACTTCTGTTAATTATGGTGTGTCTGGGAATACTAGTC  
 AACAAATTTTAAACGTATGACGACAGATCCTCAAATCGAAAAAGATTTAGAGAAAGCTGATTTATTGACGCTAACTGTTGGTGGT  
 AATGATGTCTTGGCTGTTATTCGTAAAGAGCTCAGTCATTTATCACTAAATTCCTTTGAGAAACCAGCAGAAGCATATAAGGAACG  
 TTTGAAAGAAATTCCTTGCAAAAGCAAGACAAGATAATCCTAAATTGCCTATTTATGTTTTAGGCATTTATAATCCTTTTTACCTAA

## SEQUENCE LISTING

ACTTTCCACAATTAATAAATGCAAACCGTTATTGATAATTGGAATAAAGCTACAAAAGAAGTAGTTGATGCTTCAGAAAATGTT  
TATTTTGTCCCAATTAATGACCGCCTTTATAAGGGAATAAATGGTAAAGAGGGTATTACAGAGTCATCAAATAGTCAGGCAGATAT  
CACTAATGATGCTCTCTTACTGGAGACCATTTTCATCCCAATAATATTGGCTATCAAATCATGTCTAACGCCGTTATGGAGAAAA  
TAAATGAAACAAGAAAAAAGTGGCCGAACCCAGCTTCTTGATACAAA

>SEQ ID NO 2650:103\_090 frame: 2

IFSLIIPKSNPKLTKKDFLTKKVIPLNYVALGDSLTEGVGDTSQGGFVPL  
LLSESLHNRYSYQVTSVNYGVSGNTSQQILKRMTTDPQIEKDLEKADLLTLTVGGNDVLAVIR  
VIRKELSHLSLNSFEKPAEAYKERLKEILAKARQDNPKLPIYVLGIYNPFYLNFPQLTKMQTV  
QTVIDNWNKATKEVVDASENVYFVPINDRLYKINGKEGITESSNSQASITNDALFTGDH  
FHPNNIGYQIMSNVMEKINETRKNWP

>SEQ ID NO 2651:103\_H36B frame: 2

IFSLIIPKSNPKLTKKDFLTKKVIPLNYVALGDSLTEGVGDTSQGGFVPLLS  
ESLHNRYSYQVTSVNYGVSGNTSQQILKRMTTDPQIEKDLEKADLLTLTVGGNDVLAVIR  
KELSHLSLNSFEKPAEAYKERLKEILAKARQDNPKLPIYVLGIYNPFYLNFPQLTKMQTV  
IDNWNKATKEVVDASENVYFVPINDRLYKINGKEGITESSNSQASITNDALFTGDH  
FHPNNIGYQIMSNVMEKINETRKNWP

>SEQ ID NO 2652:103\_18RS21 frame: 3

IFSLIIPKSNPKLTKKDFLTKKVIPLNYVALGDSLTEGVGDTSQGGFVPLLS  
ESLHNRYSYQVTSVNYGVSGNTSQQILKRMTTDPQIEKDLEKADLLTLTVGGNDVLAVIR  
KELSHLSLNSFEKPAEAYKERLKEILAKARQDNPKLPIYVLGIYNPFYLNFPQLTKMQTV  
IDNWNKATKEVVDASENVYFVPINDRLYKINGKEGITESSNSQASITNDALFTGDH  
FHPNNIGYQIMSNVMEKINETRKNWP

>SEQ ID NO 2653:103\_COH1 frame: 3

IFSLIIPKSNPKLTKKDFLTKKVIPLNYVALGDSLTEGVGDTSQGGFVPL  
LSESLHNRYSYQVTSVNYGVSGNTSQQILKRMTTDPQIEKDLEKADLLTLTVGGNDVLAVIR  
IRKELSHLSLNSFEKPAEAYKERLKEILAKARQDNPKLPIYVLGIYNPFYLNFPQLTKMQ  
TVIDNWNKATKEVVDASENVYFVPINDRLYKINGKEGITESSNSQASITNDALFTGDH  
FHPNNIGYQIMSNVMEKINETRKNWP

>SEQ ID NO 2654:103\_CJB110 frame: 3

IFSLIIPKSNPKLTKKDFLTKKVIPLNYVALGDSLTEGVGDTSQGGFVPLLS  
ESLHNRYSYQVTSVNYGVSGNTSQQILKRMTTDPQIEKDLEKADLLTLTVGGNDVLAVIR  
KELSHLSLNSFEKPAEAYKERLKEILAKARQDNPKLPIYVLGIYNPFYLNFPQLTKMQTV  
IDNWNKATKEVVDASENVYFVPINDRLYKINGKEGITESSNSQASITNDALFTGDH  
FHPNNIGYQIMSNVMEKINETRKNWP

>SEQ ID NO 2655:103\_1169NT frame: 3

IFSLIIPKSNPKLTKKDFLTKKVIPLNYVALGDSLTEGVGDTSQGGFVPLLS  
ESLHNRYSYQVTSVNYGVSGNTSQQILKRMTTDPQIEKDLEKADLLTLTVGGNDVLAVIR  
KELSHLSLNSFEKPAEAYKERLKEILAKARQDNPKLPIYVLGIYNPFYLNFPQLTKMQTV  
IDNWNKATKEVVDASENVYFVPINDRLYKINGKEGITESSNSQASITNDALFTGDH  
FHPNNIGYQIMSNVMEKINETRKNWP

>SEQ ID NO 2656:103\_JM9130013 frame: 3

IFSLIIPKSNPKLTKKDFLTKKVIPLNYVALGDSLTEGVGDTSQGGFVPLLS  
ESLHNRYSYQVTSVNYGVSGNTSQQILKRMTTDPQIEKDLEKADLLTLTVGGNDVLAVIR  
KELSHLSLNSFEKPAEAYKERLKEILAKARQDNPKLPIYVLGIYNPFYLNFPQLTKMQTV  
IDNWNKATKEVVDASENVYFVPINDRLYKINGKEGITESSNSQASITNDALFTGDH  
FHPNNIGYQIMSNVMEKINETRKNWP

>SEQ ID NO 2657:103\_2603 frame: 1

IFSLIIPKSNPKLTKKDFLTKKVIPLNYVALGDSLTEGVGDTSQGGFVPL  
SESLHNRYSYQVTSVNYGVSGNTSQQILKRMTTDPQIEKDLEKADLLTLTVGGNDVLAVIR  
RKELSHLSLNSFEKPAEAYKERLKEILAKARQDNPKLPIYVLGIYNPFYLNFPQLTKMQTV  
VIDNWNKATKEVVDASENVYFVPINDRLYKINGKEGITESSNSQASITNDALFTGDH  
FHPNNIGYQIMSNVMEKINETRKNWP

>SEQ ID NO 2658:103\_M781 frame: 3

IFSLIIPKSNPKLTKKDFLTKKVIPLNYVALGDSLTEGVGDTSQGGFVPL  
LSESLHNRYSYQVTSVNYGVSGNTSQQILKRMTTDPQIEKDLEKADLLTLTVGGNDVLAVIR

## SEQUENCE LISTING

IRKELSHLSLNSFEKPAEAYKERLKEILAKARQDNPKLPIYVLGIYNPFYLNFPQLTKMQ  
TVIDNWNKATKEVVDASENVYFVPINDRLYKINGKEGITESNSQASITNDALFTGDHF  
HPNNIGYQIMSNVMEKINETRKNWP

**SEQ ID NO. 2701: SAG1473 FROM THE 1169NT1 GBS TYPE V STRAIN  
(REVERSE COMPLEMENT)**

GATACAAGTGATAAGAATACTGACACGAGTGTCTGACTACGACCTTATCTGAGGAGAAAAGATCAGATGAACTAGACCAGTCTAG  
TACTGGTTCTTCTTCTGAAAATGAATCGAGTTCATCAAGTGAACCAGAAACAAATCCGTCAACTAATCCACCTACAACAGAACCAT  
CGCAACCCCTCACCTAGTGAAGAGAACAAGCCTGATGGTAGAACGAAGACAGAAATTGGCAATAATAAGGATATTTCTAGTGGAACA  
AAAGTATTAATTTTCAAGATAGTATTAAGAATTTTAGTAAAGCAAGTAGTGATCAAGAAGAAGTGGATCGCGATGAATCATCATC  
TTCAAAGCAAGTGATGGGAAAAAGGCCACAGTAAGCCTAAAAAGGAA

**SEQ ID NO. 2702: SAG1473 FROM THE 18RS21 GBS TYPE II STRAIN**

GATACAAGTGATAAGAATACTGACACGAGTGTCTGACTACGACCTTATCTGAGGAGAAAAGATCAGATGAACTAGACCAGTCTAG  
TACTGGTTCTTCTTCTGAAAATGAATCGAGTTCATCAAGTGAACCAGAAACAAATCCGTCAACTAATCCACCTACAACAGAACCAT  
CGCAACCCCTCACCTAGTGAAGAGAACAAGCCTGATGGTAGAACGAAGACAGAAATTGGCAATAATAAGGATATTTCTAGTGGAACA  
AAAGTATTAATTTTCAAGATAGTATTAAGAATTTTAGTAAAGCAAGTAGTGATCAAGAAGAAGTGGATCGCGATGAATCATCATC  
TTCAAAGCAAGTGATGGGAAAAAGGCCACAGTAAGCCTAAAAAGGAA

**SEQ ID NO. 2703: SAG1473 FROM THE 2603 V/R GBS TYPE V STRAIN**

GATACAAGTGATAAGAATACTGACACGAGTGTCTGACTACGACCTTATCTGAGGAGAAAAGATCAGATGAACTAGACCAGTCTAG  
TACTGGTTCTTCTTCTGAAAATGAATCGAGTTCATCAAGTGAACCAGAAACAAATCCGTCAACTAATCCACCTACAACAGAACCAT  
CGCAACCCCTCACCTAGTGAAGAGAACAAGCCTGATGGTAGAACGAAGACAGAAATTGGCAATAATAAGGATATTTCTAGTGGAACA  
AAAGTATTAATTTTCAAGATAGTATTAAGAATTTTAGTAAAGCAAGTAGTGATCAAGAAGAAGTGGATCGCGATGAATCATCATC  
TTCAAAGCAAGTGATGGGAAAAAGGCCACAGTAAGCCTAAAAAGGAA

**SEQ ID NO. 2704: SAG1473 FROM THE 090 GBS TYPE Ia STRAIN**

GACCACTAGTACTGGTTCTTCTTCTGAAAATGAATCGAGTTCATCAAGTGAACCAGAAACAAATCCGTCAACTAATCCACCTAC  
AACAGAACCATCGCAACCCCTCACCTAGTGAAGAGAACAAGCCTGATGGTAGAACGAAGACAGAAATTGGCAATAATAAGGATATTT  
CTAGTGGAACAAAAGTATTAATTTTCAAGATAGTATTAAGAATTTTAGTAAAGCAAGTAGTGATCAAGAAGAAGTGGATCGCGAT  
GAATCATCATCTTCAAAGCAAGTGATGGGAAAAAGGCCACAGTAAGCCTAAAAAGGAA

**SEQ ID NO. 2705: SAG1473 FROM THE A909 GBS TYPE Ia STRAIN**

GATACAAGTGATAAGAATACTGACACGAGTGTCTGACTACGACCTTATCTGAGGAGAAAAGATTAGATGAACTAGACCAGTCTAG  
TACTGGTTCTTCTTCTGAAAATGAATCGAGTTCATCAAGTGAACCAGAAACAAATCCCTCAACTAATCCACCTACAACAGAACCAT  
CGCAACCCCTCACCTAGTGAAGAGAACAAGCCTGATGGTAGAACGAAGACAGAAATTGGCAATAATAAGGATATTTCTAGTGGAACA  
AAAGTATTAATTTTCAAGATAGTATTAAGAATTTTAGTAAAGCAAGTAGTGATCAAGAAGAAGTGGATCGCGATGAATCATCATC  
TTCAAAGCAAGTGATGAGAAAAAGGCCACAGTAAGCCTAAAAAGGAA

**SEQ ID NO. 2706: SAG1473 FROM THE CJB110 GBS NONTYPEABLE STRAIN**

GATACAAGTGATAAGAATACTGACACGAGTGTCTGACTACGACCTTATCTGAGGAGAAAAGATCAGATGAACTAGACCAGTCTAG  
TACTGGTTCTTCTTCTGAAAATGAATCGAGTTCATCAAGTGAACCAGAAACAAATCCGTCAACTAATCCACCTACAACAGAACCAT  
CGCAACCCCTCACCTAGTGAAGAGAACAAGCCTGATGGTAGAACGAAGACAGAAATTGGCAATAATAAGGATATTTCTAGTGGAACA  
AAAGTATTAATTTTCAAGATAGTATTAAGAATTTTAGTAAAGCAAGTAGTGATCAAGAAGAAGTGGATCGCGATGAATCATCATC  
TTCAAAGCAAGTGATGGGAAAAAGGCCACAGTAAGCCTAAAAAGGAA

**SEQ ID NO. 2707: SAG1473 FROM THE COH1 GBS TYPE III STRAIN**

**(REVERSE COMPLEMENT)**  
GATACAAGTGATAAGAATACTGACACGAGTGTCTGACTACGACCTTATCTGAGGAGAAAAGATCAGATGAACTAGACCAGTCTAG  
TACTGGTTCTTCTTCTGAAAATGAATCAAGTTCATCAAGTGAACCAGAAACAAATCCCTCAACTAATCCACCTACAACAGAACCAT  
CGCAACCCCTCACCTAGTGAAGAGAACAAGCCTGATGGGAGCACGAAGACAGAAATTGGCAATAATAAGGATATTTCTAGTGGAACA  
AAAGTATTAATTTTCAAGATAGTATTAAGAATTTTAGTAAAGCAAGTAGTGATCAAGAAGAAGTGGAACGCGATGAATCATCATC  
TTCAAAGCAAGTGATGAGAAAAAGGCCACAGTAAGCCTAAAAAGGAA

**SEQ ID NO. 2708: SAG1473 FROM THE H36b GBS TYPE Ib STRAIN**

GATACAAGTGATAAGAATACTGACACGAGTGTCTGACTACGACCTTATCTGAGGAGAAAAGATTAGATGAACTAGACCAGTCTAG  
TACTGGTTCTTCTTCTGAAAATGAATCGAGTTCATCAAGTGAACCAGAAACAAATCCCTCAACTAATCCACCTACAACAGAACCAT  
CGCAACCCCTCACCTAGTGAAGAGAACAAGCCTGATGGTAGCACGAAGACAGAAATTGGCAATAATAAGGATATTTCTAGTGGAACA  
AAAGTATTAATTTTCAAGATAGTATTAAGAATTTTAGTAAAGCAAGTAGTGATCAAGAAAGTGGATCGCGATGAATCATCATC  
TTCAAAGCAAGTGATGAGAAAAAGGCCACAGTAAGCCTAAAAAGGAA

**SEQ ID NO. 2709: SAG1473 FROM THE JM910013 GBS TYPE VIII STRAIN**

GATACAAGTGATAAGAATACTGACACGAGTGTCTGACTACGACCTTATCTGAGGAGAAAAGATTAGATGAACTAGACCAGTCTAG  
TACTGGTTCTTCTTCTGAAAATGAATCGAGTTCATCAAGTGAACCAGAAACAAATCCCTCAACTAATCCACCTACAACAGAACCAT

## SEQUENCE LISTING

CGCAACCCCTCACCTAGTGAAGAGAACAAGCCTGATGGTAGCACGAAGACAGAAATTGGCAATAATAAGGATATTTCTAGTGGAACA  
AAAGTATTAATTTTCAGAAGATAGTATTAAGAATTTTAGTAAAGCAAGTAGTGATCAAGAAGAAGTGGATCGCGATGAATCATCATC  
TTCAAAAGCAAATGATGAGAAAAAAGGCCACAGTAAGCCTAAAAAGGAA

**SEQ ID NO. 2710: SAG1473 FROM THE M732 GBS TYPE III STRAIN**

GATACAAGTGATAAGAATACTGACACGAGTGTCTGACTACGACCTTATCTGAGGAGAAAAGATCAGATGAACCTAGACCAGTCTAG  
TACTGGTTCTTCTTCTGAAAATGAATCAAGTTCATCAAGTGAACCAGAAACAAATCCCTCAACTAATCCACCTACAACAGAACCAT  
CGCAACCCCTCACCTAGTGAAGAGAACAAGCCTGATGGGAGCACGAAGACAGAAATTGGCAATAATAAGGATATTTCTAGTGGAACA  
AAAGTATTAATTTTCAGAAGATAGTATTAAGAATTTTAGTAAAGCAAGTAGTGATCAAGAAGAAGTGGAACGCGATGAATCATCATC  
TTCAAAAGCAAATGATGAGAAAAAAGGCCACAGTAAGCCTAAAAAGGAA

**SEQ ID NO. 2711: SAG1473 FROM THE M781 GBS TYPE III STRAIN**

GATACAAGTGATAAGAATACTGACACGAGTGTCTGACTACGACCTTATCTGAGGAGAAAAGATCAGATGAACCTAGACCAGTCTAG  
TACTGGTTCTTCTTCTGAAAATGAATCAAGTTCATCAAGTGAACCAGAAACAAATCCCTCAACTAATCCACCTACAACAGAACCAT  
CGCAACCCCTCACCTAGTGAAGAGAACAAGCCTGATGGGAGCACGAAGACAGAAATTGGCAATAATAAGGATATTTCTAGTGGAACA  
AAAGTATTAATTTTCAGAAGATAGTATTAAGAATTTTAGTAAAGCAAGTAGTGATCAAGAAGAAGTGGATCGCGATGAATCATCATC  
TTCAAAAGCAAATGATGAGAAAAAAGGCCACAGTAAGCCTAAAAAGGAA

**>SEQ ID NO 2750:4\_1169NT frame: 1**

DTSDKNTDTSVVTTLSEEKRSDELQSSSTGSSSENESSSSSEPETNPSTNPPTTEPSQP  
SPSEENKPDGRKTKEIGNNKDISSGTVLISEDSIKNFSKASSDQEEVDRDESSSSKASD  
GKKGHSKPKKE

**>SEQ ID NO 2751:4\_18RS21 frame: 1**

DTSDKNTDTSVVTTLSEEKRSDELQSSSTGSSSENESSSSSEPETNPSTNPPTTEPSQP  
SPSEENKPDGRKTKEIGNNKDISSGTVLISEDSIKNFSKASSDQEEVDRDESSSSKAND  
GKKGHSKPKKE

**>SEQ ID NO 2752:4\_2603 frame: 1**

DTSDKNTDTSVVTTLSEEKRSDELQSSSTGSSSENESSSSSEPETNPSTNPPTTEPSQP  
SPSEENKPDGRKTKEIGNNKDISSGTVLISEDSIKNFSKASSDQEEVDRDESSSSKAND  
GKKGHSKPKKE

**>SEQ ID NO 2753:4\_090 frame: 1**

DQSSTGSSSENESSSSSEPETNPSTNPPTTEPSQSPSEENKPDGRKTKEIGNNKDISSG  
TKVLISEDSIKNFSKASSDQEEVDRDESSSSKANDGKKGHSKPKKE

**>SEQ ID NO 2754:4\_A909 frame: 1**

DTSDKNTDTSVVTTLSEEKRLDELQSSSTGSSSENESSSSSEPETNPSTNPPTTEPSQP  
SPSEENKPDGSTKTEIGNNKDISSGTVLISEDSIKNFSKASSDQEEVDRDESSSSKAND  
EKKGHSKPKKE

**>SEQ ID NO 2755:4\_CJB110 frame: 1**

DTSDKNTDTSVVTTLSEEKRSDELQSSSTGSSSENESSSSSEPETNPSTNPPTTEPSQP  
SPSEENKPDGRKTKEIGNNKDISSGTVLISEDSIKNFSKASSDQEEVDRDESSSSKAND  
GKKGHSKPKKE

**>SEQ ID NO 2756:4\_COH1 frame: 1**

DTSDKNTDTSVVTTLSEEKRSDELQSSSTGSSSENESSSSSEPETNPSTNPPTTEPSQP  
SPSEENKPDGSTKTEIGNNKDISSGTVLISEDSIKNFSKASSDQEEVERDESSSSKAND  
EKKGHSKPKKE

**>SEQ ID NO 2757:4\_H36B frame: 1**

DTSDKNTDTSVVTTLSEEKRLDELQSSSTGSSSENESSSSSEPETNPSTNPPTTEPSQP  
SPSEENKPDGSTKTEIGNNKDISSGTVLISEDSIKNFSKASSDQEEVDRDESSSSKAND  
EKKGHSKPKKE

**>SEQ ID NO 2758:4\_JM9130013 frame: 1**

DTSDKNTDTSVVTTLSEEKRLDELQSSSTGSSSENESSSSSEPETNPSTNPPTTEPSQP  
SPSEENKPDGSTKTEIGNNKDISSGTVLISEDSIKNFSKASSDQEEVDRDESSSSKAND  
EKKGHSKPKKE

**>SEQ ID NO 2759:4\_M732 frame: 1**

DTSDKNTDTSVVTTLSEEKRSDELQSSSTGSSSENESSSSSEPETNPSTNPPTTEPSQP

## SEQUENCE LISTING

SPSEENKPDGSKTEIGNNKDISSGTVLISEDSIKNFSKASSDQEEVERDESSSSKAND  
EKKGHSPKPKKE

>SEQ ID NO 2760:4 M781 frame: 1

DTSDKNTDTSVVTTLSEEKRSDELQSSSTGSSSENESSSSSEPETNPNSTNPPTTEPSQP  
SPSEENKPDGSKTEIGNNKDISSGTVLISEDSIKNFSKASSDQEEVDRDESSSSKAND  
EKKGHSPKPKKE

SEQ ID NO. 2801: SAG1552 FROM THE 1169NT1 GBS TYPE V STRAIN  
(REVERSE COMPLEMENT)

TTTGTGTGTTAAAGGTGATCTGACTTCACAAGCCCACCAATAAACCTTTTGTGTGTTAAAGGAGTAGACGTTGAGTCTTCCTTAGC  
AGGTTATCATCACACGATTTTCTTATTACTCAAAAAACGTATCGTGAGTGGTTCATTTAATTTCCAACATGGGGGCAAATACTG  
TAAGAGTCAAAGTACCGATGAATGTTGCATTTTACGATGCTTTATATCACCACAACAAAGCATCAAAGAGGCCACTGTATTGTTG  
CAAGGAATACGTATAGATTCTTATCGCAATAATGCTTCTATAACAGCTTTTAAATGATAATTATAGGGGGTATTTAAACGAGAAGC  
AAAAGGCGTTGTGGATATTCTCCATGGGCGTAAGCAAGTATGGAATACTGATTTTGGTAGCCGTCATTATCATTATGATCTTAGTC  
CTTGGGTAAGTGGTTATGTCGTAGGGGATGATTGGAATAGTGGTACTGTCGCTTATACTAATCATCAAGAGAAAAAACGCAATAT  
AAAGGACGTTATTTTAAACTTCTGCGGCAGCTAATCCATTTAGGTAGTCAAGTTATGGATGAATTGACACATTATGA  
GACAGCTAAATATGGTTGGCAACATTTGATTAGTTTTTCAAAGTACCAACAACAGACCCTTTTCGTTATCGAAAACCATTTGAGG  
CACAGGCTCCTAAATACGTACAATAATGTAGAAAATATTCAAGCTAATTCGAATGTTAAAGCAGGTATTTTGCAGCATATAAA  
GCTATTGATTTCCATCCTCGATACAAGGATTATCTATTATTTGATAAGAGAATATCAGTAAAGAAGATAGACAAAAGATTAAAGA  
ACTTTCTTTGTACAGGGATACGTTAACTGCTAAATGCTTATCACAAAATCCCTGTTCTAGTCACGGGTTATGGCTATTTCGACAG  
CGAGAGGTATTGCCCCAAAAGAAATGATAAACGTCCTCTGCCGATTAAATGAAAAAGAACAGGTGAGCGTTTACTAGAAGATTAT  
GAATCTTTTATATCATCCGGTAGTTTGGAGCGACTATCAATGCATGGCAAGACGATTGGAATGCAAGGGCGTGAATACATCCTT  
CGCCACAAATAAACATAGTCAATTCCTATGGGGGATGCACAAGTATTAAATCAAGGTTATGGTTTATTAGGCTTTAAAAACGCAA  
AACATCATTATCAAGTTGATGGTAAAGAGGCAAAGGAGAGTGGAACATCCTCTG

SEQ ID NO. 2802: SAG1552 FROM THE

ATGACTAGTGCAACAGGAGATGACTTATATGCTAGCAGTGATGAAAGCTATCTCTACCTTGCGATTAAAAACAAACCTGAAAACT  
AAAAGAAAAACGATTATTACCAATAGATATTACACCAAAATCTGGTAGTAGAAAAATGAATGGTAGTAAGGTCACATTTTCTAAAT  
CTAGTGACTTTGTATTGTCTATTGATCCAAATGGCAAGTCTGAATTATTTGTCCAAGAGCGCTATAATGCCTTAAAGCGAACTAT  
CTTCGACAGCTTAACGGTAAAGATTTTATGCTTTCCCAACAAAGAAGAACAGTAGTAATTTTGGAGCAGATCAATATGGTATTGAG  
AAATACAAAGATTGTTGAAGACATGGAAGAAAGTAAAGCAACAGAGAGGTTCTTACCAACTCATCCTACTGGTCTTCTCAAAACAG  
GAACAATTGATAGGCACCAAAAAACATTTGATTACAAACAGATATTTCTGTTTGGAAAGGACTTTATAGAGGTCAGAATCCGTGG  
CAGTTGTTGAATTTTCTGATCCATCATCTCAAAAAATTACAGATGATTACTTTAAACATTATGGTGTGAAGGAGTTAGAAATTGA  
GAGCATTGCTTTAGGATTAGGTGCTAATAGCAAAGAAAAACACTGATAAAGATGGCAGATTATCGTTTGAAAAATTGGGAGAGAC  
CCGATACCAAAACCTTTTTTAAAGACTCCTATTATAGTATTAAAGAAAGAA

SEQ ID NO. 2803: SAG1552 FROM THE 18RS21 GBS TYPE II STRAIN

AAGGGCTTATTAAAGAAAATACAAGAACTAACTTTGTTGTTAAAGGTGATCTGACTTCACAAGCCCACCAATAAACCTTTTGT  
TGTTAAAGGAGTAGAGCTTGAGTCTTCTTAGCGGGTTATCATCACAAACGATTTTCTTATTACTCAAAAAACGATATCGTGAATGGT  
TCCATTTAATTTCCAACATGGGGGCAAATACTGTAAGAGTCAAGGTACCGATGAATGTTGCATTTTACGATGCCTTATATCACCAC  
AACAAAGCATCAAAGAGGCCACTGTATTTGTTGCAAGGAATACGTATAGATTCTTATCGCAATAATGCTTCTATAACAGCTTTTAA  
TGATAATTATAGGGGGTATTTAAACGAGAAGCAAAAGGCGTTGTGGATATTCTCCATGGGCGTAAGCAAGTATGGAATACTGATT  
TGGGTAGCCGTCATTATCATTATGATCTTAGTCTTGGTACTTGGTTATGTCGTAGGGGATGATTGGAATAGTGGTACTGTCGCT  
TATACTAATCATCAAGAGAAAAAAACGCAATATAAAGGACGTTATTTTAAACTTCTGTGGCAGCTAATCCATTGAGGTGATGCT  
AGCTCAAGTAATGGATGAATTGACACATTATGAGACAGCTAAATATGGTTGGCAACATTTGATTAGTTTTTCAAACCTACCAACAA  
CAGACCCTTTTCTATTATCGAAAACCATTTGAGGCACAGGCTCCTAAATACGTACAATAATGTAGAAAATATTCAAGCTAATTCA  
AATGTTAAAGCAGGTATGTTTGCAGCATATAAAGCTATTGATTCCATCCTCGATACAAGGATTATCTATTATTGATAAAGAGAA  
TATCAGTAAAGATAGACAAAAGATTAAAGAACTTTCTTTGTCAGGGGATACGTTAACTGCTAAATGCTTATCACAAAATCC  
CTGTTCTAGTCACGGGTTATGGCTATTCGACAGCGAGAGGTATTTGCCCAAAAGAAATTGATAAACGTCCTCTGCCGATTAAAGAA  
AAAGAACAAAGGTGAGGTTTACTAGAAGATTATGAATCTTTTATATCATCCGGTAGTTTGGAGCGACTATCAATGCATGGCAAGA  
CGATTGGAATGCAAGGGCGTGAATACATCTTTGCCACAAATAAACATAGTCAATTCCTATGGGGGATGCACAAGTATTTAATC  
AAGGTTATGGTTTATTAGGCTTTAAAAACGCAAAACATCATTATCAAGTTGATGGTAAAGAGGCAAAGGAGAGTGGAACATCCT  
CTGATGACTAGTGCAACAGGAGATGACTTATGCTAGCAGTGATGAAAGCTATCTCTACCTTGGGATTAAACAAAACCTGAAAA  
ACTAAAGAAAAACGATTATTACCAATAGATATTACACCAAACTCTGGTAGTAGAAAAATGAATGGTAGTAAGGTCACATTTTCTA  
AATCTAGTGACTTTGTATTGTCTATTGATCCAAATGGCAAGTCTGAATTATTTGTTCCAAGAGCGCTATAATGCCTTAAAGCGAAC  
TATCTTCGACAGCTTAACGGTAAAGATTTTATGCTTTCCCAACAAAGAAGACAGTAGTAATTTTGGAGCAGATAAATATGGTATT  
GAGAAATACAAAGATTGTTGAAGACATGGAAGAAAGTAAAGCAACAGAGAGGTTCTTACCAACTCATCCTACTGGTCTTCTCAAA  
CAGGAACAACATGATAGGCACCAAAAAACATTTGATTCAAAACAGATATTTCTGTTTGGAAAGGACTTTATAGAGGTCAGAATCCG  
TGGCAGTTGTTGAATTTTCTGATCCATCATCTCAAAAAATTACAGATGATTACTTTAAACATTATGGTGTGAAGGAGTTAGAAAT  
TGAGAGCATTGCTTTAGGATTAGGTGCTAATAGCAAAGAAAAACACTGATAAAGATGGCAGATTATCGTTTGAAAAATTGGGAGAG  
GACCCGATACCAAAACCTTTTTTAAAGACTCCTATTATGTATTAAAGAAAGAA

SEQ ID NO. 2804: SAG1552 FROM THE 2603 V/R GBS TYPE V STRAIN

## SEQUENCE LISTING

## (REVERSE COMPLEMENT)

TATTAAGAGAAATACAAGAACTAATCTTGTGTTAAAGGTGATACTGTACTTCACAAGCCCAACCAATAAACCTTTTGTGTTAAA  
 GGAGTAGACGTTGAGTCTTCCTTAGCGGGTTATCATCACAACGATTTTCTATTACTCAAAAAACGTATCGTGAATGGTTCCATTT  
 AATTTCCAACATGGGGGCAATACTGTAAGAGTCAAGGTACCGATGAATGTTGCATTTTACGATGCCTTATATCACCACAACAAAG  
 CATCAAAGAGGCCACTGTATTTGTTGCAAGGAATACGTATAGATTCTTATCGCAATAATGCTTCTATAACAGCTTTTAAATGATAAT  
 TATAGGGGGTATTTAAACGAGAAGCAAAAGCGTTGTGGATATTCTCCATGGGCGTAAGCAAGTATGGAATACTGATTTGGGTAG  
 CCGTCATTATCATTATGATCTTAGTCCTTGGGTACTTGGTTATGTGCTAGGGGATGATTGGAATAGTGGTACTGTGCTTATACTA  
 ATCATCAAGAGAAAAAACGCAATATAAAGGACGTTATTTTAAACTTCTGTGGCAGCTAATCCATTTGAGGTCATGCTAGCTCAA  
 GTAATGGATGAATTGACACATTATGAGACAGCTAAATATGGTTGGCAACATTTGATTAGTTTTCAAACTCACCACAACAGACCC  
 TTTTCATTATCGAAAACCATTTGAGGCACAGGCTCCTAAATACGTACAACATAATGTAGAAAATATTCAAGCTAATTCAAATGTTA  
 AAGCAGGTATGTTGCGAGCATATAAGCTATTGATTTCCATCCTCGATACAAGGATTATCTATTATTTGATAAAGAGAATATCAGT  
 AAAGAAGATAGACAAAAGATTAAAGAACTTTCTTGTGACAGGGATACGTTAAACTGCTAAATGCTTATCACAAAATCCCTGTTCT  
 AGTCACGGGTTATGGCTATTTCGACAGCGAGAGGTATTGCCCAAAAAGAAATTGATAAACGTCCTCTGCCGATTAAAGAAAAGAAC  
 AAGGTCAGCGTTTACTAGAAGATTATGAATCTTTTATATCATCCGGTAGTTTGGAGCGACTATCAATGCATGGCAAGACGATTGG  
 AATGCAAGGGCGTGAATACATCTTTCGCCACAATAAACATAGTCAATTCCTATGGGGGGATGCACAAGTATTTAATCAAGGTTA  
 TGGTTTATTAGGCTTTAAACCGCAAAACATCATTTCAAGTTGATGGTAAAAGAGGCAAGGAGAGTGGAAACATCCTCTGATGA  
 CTAGTGCAACAGGAGATGACTTATATGCTAGCAGTATGATAAGCTATCTCCTGCTTGCATTAAAACAAAACCTGAAAACTAAAA  
 GAAAAACGATTATTACCAATAGATATTACACCAAAATCTGGTAGTAGAAAAATGAATGGTAGTAAGGTACATTTTCTAAATCTAG  
 TGACTTTGTATTGTCTATTGATCCAAATGGCAAGTCTGAATTATTTGTCCAAGAGCGCTATAATGCCTTAAAAGCGAATCTCTC  
 GACAGCTTAACGGTAAAGATTTTATGCTTTCCCAACAAAGAAAGACAGTAGTAATTTTGGAGCAGATAAATATGGTATTGAGAAAT  
 ACAAGATTGTTGAAGACATGGAAAAAGTAAAGCAACAGAGAGGTTCTTACCAACTCATCCTACTGGTCTTCTCAAAACAGGAAC  
 AACTGATAGGCACCAAAAAACATTTGATTACAAACAGATATTTCCGTTTGGAAAGGACTTTATAGAGGTGAGAATTCGGTGGCAGT  
 TGTGTAATTTTCTGATCCATCATCTCAAAAATTACGATGATTACTTTAAACATTATGGTGTGAAGGAGTTAGAAATTGAGAGC  
 ATTGCTTTAGGATTAGGTGCTAATAGCAAAGAAAACACACTGATAAAGATGGCAGATTATCGTTTGAAAAATTGGGAGAGACCCGA  
 TACCAAAACCTTTTTTAAAGACTCCTATTATAGTATTAAGAAAGAAATGGTCTAAAGAAAGAGAGAGAACATATGGTCCA

## SEQ ID NO. 2805: SAG1552 FROM THE A909 GBS TYPE Ia STRAIN

## (REVERSE COMPLEMENT)

AAGGGCTTATTAAAAGAAAATACAAGAACTAATCTTGTGTTAAAGGTGATACTGTACTTCACAAGCCCAACCAATAAACCTTTTGT  
 TGTAAAGGAGTAGACGTTGAGTCTTCCTTAGCGGGTTATCATCACAACGATTTTCTATTACTCAAAAAACGTATCGTGAATGGT  
 TCCATTTAATTTCCAACATGGGGGCAATACTGTAAGAGTCAAGGTACCGATGAATGTTGCATTTTACGATGCCTTATATCACCAC  
 AACAAAGCATCAAAGAGGCCACTGTATTTGTTGCAAGGAATACGTATAGATTCTTATCGCAATAATGCTTCTATAACAGCTTTTAA  
 TGATAATTATAGGGGTATTTAAACGAGAAGCAAAAGCGTTGTGGATATTCTCCATGGGCGTAAGCAAGTATGGAATACTGATT  
 TGGGTAGCCGTCAATTATCATTATGATCTTAGTCCTTGGGTACTTGGTTATGTCGTAGGGGATGATTGGAATAGTGGTACTGTGCT  
 TATACTAATCATCAAGAGAAAAAACGCAATATAAAGGACGTTATTTTAAACTTCTGTGGCAGCTAATCCATTTGAGGTCATGCT  
 AGCTCAAGTAATGGATGAATTGACACATTATGAGACAGCTAAATATGGTTGGCAACATTTGATTAGTTTTCAAACTCACCACAA  
 CAGACCCTTTTCATTATCGAAAACCATTTGAGGCACAGGCTCCTAAATACGTACAACATAATGTAGAAAATATTCAAGCTAATTCA  
 AATGTTAAAGCAGGTATGTTGTCAGCATATAAAGCTATTGATTTCCATCCTCGATACAAGGATTATCTATTATTTGATAAAGAGAA  
 TCTCAGTAAAGAAGATAGACAAAAGATTAAAGAACTTTCTTGTGACAGGGATACGTTAAACTGCTAAATGCTTATCACAAAATCC  
 CTGTTCTAGTCACGGGTTATGGCTATTTCGACAGCGAGAGGTATTGCCCAAAAAGAAATTGATAAACGTCCTCTGCCGATTAAAGAA  
 AAAGAACAAGGTCAGCGTTTACTAGAAGATTATGAATCTTTTATATCATCCGGTAGTTTGGAGCGACTATCAATGCATGGCAAGA  
 CGATTGGAATGCAAGGGCGTGAATACATCTTTCGCCACAATAAACATAGTCAATTCCTATGGGGGGATGCACAAGTATTTAATC  
 AAGGTTATGGTTTATTAGGCTTTAAACCGCAAAACATCATTTCAAGTTGATGGTAAAAGAGGCAAGGAGAGTGGAAACATCCT  
 CTGATGACTAGTGCAACAGGAGATGACTTATATGCTAGCAGTATGAAAGCTATCTCTACCTTGCATTAAAACAAAACCTGAAAA  
 ACTAAAAGAAAAACGATTATTACCAATAGATATTACACCAAAATCTGGTAGTAGAAAAATGAATGGTAGTAAGGTACATTTTCTA  
 AATCTAGTGACTTTGTATTGTCTATTGATCCAAATGGCAAGTCTGAATTATTTGTCCAAGAGCGCTATAATGCCTTAAAAGCGAAC  
 TATCTTCGACAGCTTAACGGTAAAGATTTTATGCTTTCCCAACAAAGAAAGACAGTAGTAATTTTGGAGCAGATAAATATGGTATT  
 GAGAAATACAAAGATTGTTGAAGACATGGAAAAAGTAAAGCAACAGAGAGGTTCTTACCAACTCATCCTACTGGTCTTCTCAAAA  
 CAGGAACAACATGATAGGCACCAAAAAACATTTGATTACAAACAGATATTTGCTTTGGAAAGGACTTTATAGAGGTGAGAATTCGG  
 TGGCAGTTGTTGAATTTTCTGATCCATCATCTCAAGAATTACAGATGATTACTTTAAACATTATGGTGTGAAGGAGTTAGAAAA  
 TTGAGAGCCATTGCTTTAGGATTAGGTGCTAATAGCAAAGAAAACACACTGATAAAGATGGCAGATTATCGTTTGAAAAATTGGGA  
 GAGACCCGATACCAAAACCTTTTTTAAAGA

## SEQ ID NO. 2806: SAG1552 FROM THE CJB110 GBS NONTYPEABLE STRAIN

TATTACTTTGATGGTAGTTTGTATTTACCAAAGGGCTTATTAAGAGAAATACAAGAACTAATCTTGTGTTAAAGGTGATACTGT  
 ACTTCACAAGCCCAACCAATAAACCTTTTGTGTTAAAGGAGTAGACGTTGAGTCTTCCTTAGCGGGTTATCATCACAACGATTTTC  
 CTATTACTCAAAAAACGTATCGTGAATGGTTCATTTAATTTCCAACATGGGGGCAATACTGTAAGAGTCAAGGTACCGATGAAT  
 GTTGCAATTTACGATGCCTTATATCACCACAACAAAGCATCAAGAGGCCACTGTATTTGTTGCAAGGAATACGTATGATATTCTTA  
 TCGCAATAATGCTTCTATAACAGCTTTTATGATAAATTATAGGGGTTCTTAAAACAGAGAAGCAAAAGCGTTGTGGATATTCTCC  
 ATGGGCGTAAGCAAGTATGGAATACAGATTTTGGTAGCCGTCATTATCATTATGATCTTAGTCCTTGGGTACTTGGTTATGTCGTA  
 GGGGATGATTGGAATAGTGGTACTGTGCTTATACTAATCATCAAGAGAAAAAACGCAATATAAAGGACGTTATTTTAAACTTC  
 TGTGGCAGCTAATCCATTTGAGGTCATGCTAGCTCAAGTAATGGATGAATTGACACATTATGAGACAGCTAAATATGGTTGGCAAC  
 ATTTGATTAGTTTTCAAACTCACCACAACAGACCCCTTTTCAATTGATCGAATTTGAGGCACAGGCTCCTTAAATACGTACAA  
 CTAATGTAGAAAAATATTCAAGCTAATTCAAATGTTAAAGCAGGTATGTTTGCAGCATATAAAGCTATTGATTTCCATCCTCGATA

## SEQUENCE LISTING

CAAGGATTATCTATTATTTGATAAAGAGAATATCAGTAAAGAAGATAGACAAAAGATTAAAGAACTTTCTTTGTGCACAGGGATACG  
 TTAACTGCTAAATGCTTATCACAAATCCCTGTTCTAGTCACGGGTATGGCTATTCGACAGCGAGAGGTATTGCCAAAAAGAA  
 ATTGATAAACGTCCTCTGCCGATTAAATGAAAAAGAACAAGGTACGCGTTTACTAGAAGATTATGAATCTTTTATATCATCCGGTAG  
 TTTTGGAGCGACTATCAATGCATGGCAAGACGATTGGAATGCAAGGGCGTGGAATACATCTTTCGCCACAAATAAACATAATCAAT  
 TCCTATGGGGGATGCACAAGTATTTAATCAAGGTTATGGTTTATTAGGCTTTAAAAACGCAAAACATCATTATCAAGTTGATGGT  
 AAAAGAGGCAAGGAGAGTGGAACATCCTCTGATGACTAGTGCAACAGGAGATGACTTATATGCTAGCAGTGATGAAAGCTATCT  
 CTACCTTGCGATTAAAAACAACTGAAAACTAAAAAGAAAACGATTATTACCAATAGATATTACACCAAAATCTGGTAGTAGAA  
 AAATGAATGGTAGTAAGGTACATTTTCTAAATCTAGTGACTTTGTATTGTCTATTGATCCAAATGGCAAGTCTGAATTATTTGTC  
 CAAGAGCGCTATAATGCCTTAAAGCGAACTATCTTCGACAGCTTAACGGTAAAGATTTTATGCTTTCCACCAAGAAGAAGACAG  
 TAGTAATTTTGGAGCAGATAAATATGGTATTGAGAAATACAAAGATTGTGAAGACATGGAAAAAGTAAAGCAACAGAGAGGTTCT  
 TACCAACTCATCCTACTGGTCTTCTCAAAACAGGAACAACCTGATAGGCACCAAAAAACATTGATTACAAACAGATATTTCTGTT  
 GGAAGGACTTTATAGAGGTGAGAATCCGTGGCAGTTGTGAATTTTCTGATCCATCATCTCAAAAAATTCACGATGATTACTT  
 TAAACATTATGGTGTGAAGGAGTTAGAAATTGAGAGCATTTGCTTTAGGATTAGGTGCTAATAGCAAAAGAAACACACTGATAAAGA  
 TGGCAGATTATCGTTTGAAAAATTGGGAGAGACCCGATACCAAAACCTTTTAAAGACTCCTATTATGTATTAAGAAAGA

## SEQ ID NO. 2807: SAG1552 FROM THE COH1 GBS TYPE III STRAIN

TTTACCACAGGGCTTATTTAAAGAAAATACAAGAACTAACTTTGTTGTTAAAGGTGATACTGTACTTCACAAGCCCACCAATAAAC  
 CTTTGTGTTGTTAAAGGAGTAGACGTTGAGTCTTCTTAGCGGGTTATCATCACAACGATTTTCTATTACTCAAAAAACGTATCGT  
 GAATGGTTCATTTAATTTCCAACATGGGGGCAAATACTGTAAGAGTCAAGGTACCGATGAATGTTGCATTTTACGATGCCTTATA  
 TCACCACAACAAAGAATCAAGAGGCCACTGTATTTGTTGCAAGGAATACGTATAGATTCTTATCGCAATAATGCTTCTATAACAG  
 CTTTAAATGATAATTATAGGGGGTATTTAAACGAGAAGCAAAAGCGTTGTGGATATTCTCCATGGGCGTAAGCAAGTATGGAAT  
 ACTGATTTTGGTAGCCGTATTATCATTATGATCTTAGTCCTTGGGTACTTGGTTATGTCGTAGGGGATGATTGGAATAGTGGTAC  
 TGTGCTTATACTAATCATCAAGAGAAAAAACGCAATATAAAGGACGTTATTTTAAACTTCTGTGGCAGCTAATCCATTGAGG  
 TCATGCTAGCTCAAGTAATGGATGAATTGACACATTATGAGACAGCTAAATATGGTTGGCAACATTTGATTAGTTTTTCAAACCTCA  
 CCAACAACAGACCCCTTTTATTATCGAAAACCATTTGAGGCACAGGCTCCTAAATACGTACAATAAATGTAGAAAAATTTCAAGC  
 TAATTCAAATGTTAAAGCAGGTATGTTTGCAGCATATAAAGCTATTGATTCCATCCTCGATACAAGGATTATCTATTATTGATA  
 AAGAGAATATCAGTAAGAAGATAGACAAAAGATTAAAGAACTTTCTTTGTGCACAGGGATACGTTAAACTGCTAAATGCTTATCAC  
 AAAATCCCTGTTCTAGTCACGGGTATGGCTATTTCGACAGCGAGAGGTATTGCCAAAAAGAAATTGATAAACGTCCTCTGCCGAT  
 TAATGAAAAAGAACAGGTACGCGTTTACTAGAAGATTATGAATCTTTTATATCATCCGGTAGTTTGGAGCGACTATCAATGCAT  
 GGCAAGACGATTGGAATGCAAGGGCGTGGAATACATCTTTCGCCACAAATAAACAATAGTCAATTCTATGGGGGATGCACAAGTA  
 TTTAATCAAGGTTATGGTTTATTAGGCTTTAAAAACGCAAAACATCATTATCAAGTTGATGGTAAAGAGGCAAGGAGAGTGGAA  
 ACATCCTCTGATGACTAGTGCAACAGGAGATGACTTATATGCTAGCAGTGATGAAAGCTATCTCTACCTTGCGATTAAAAACAAAC  
 CTGAAAAACTTAAAGAAAAACGATTATTACCAATAGATATTACACCAAAATCTGGTAGTAGAAAAATGAATGGTAGTAAGGTACAC  
 TTTTCTAAATCTAGTGACTTTGTATTGTCTATTGATCCAAATGGCAAGTCTGAATTATTTGTCCAAGAGCGCTATAATGCCTTAAA  
 AGCGAATATCTTCGACAGTTTAAAGGTAAGATTTTATGCTTTCCACCAAGAAGAAGACAGTAGTAATTTTGGAGCAGATAAATA  
 TGGTATTGAGAAATACAAAGATTGTTGAAGACATGGAAAAAGTAAAGCAACAGAGAGGTTCTTACCAACTCATCCTACTGGTCTT  
 CTCAAAACAGGAACAACCTGATAGGCACCAAAAAACATTTGATTACAACAGATATTTCTGTTTGGAAAGGACTTTATAGAGGTGAG  
 AATTCCGTGGCAGTTGTTGAATTTTCTGATCCATCATCTCAAAAAATTCACGATGATTACTTTAAACATTATGGTGTGAAGGAGT  
 TAGAAATTGAGAGCATTGCTTTAGGATTAGGTGCTAATAGCAAAAGAAACACACTGATAAAGATGGCAGATTATCGTTTGAAAAAT  
 TGGGAGAGACCCGATACCAAAACCTTTTAAAGACT

## SEQ ID NO. 2808: SAG1552 FROM THE H36b GBS TYPE Ib STRAIN

AAGGGGCTTATTTAAAGAAAATACAAGAACTAACTTTGTTGTTAAAGGTGATACTGTACTTCACAAGCCCACCAATAAACCTTTTG  
 TTGTTAAAGGAGTAGACGTTGAGTCTTCTTAGCGGGTTATCATCACAACGATTTTCTATTACTCAAAAAACGTATCGTGAATGG  
 TTCCATTTAATTTCCAACATGGGGGCAAATACTGTAAGAGTCAAGGTACCGATGAATGTTGCATTTTACGATGCCTTATATCACCA  
 CAACAAAGCATCAAAGAGGCCACTGTATTTGTTGCAAGGAATACGTATAGATTCTTATCGCAATAATGCTTCTATAACAGCTTTTA  
 ATGATAATTATAGGGGGTATTTAAACGAGAAGCAAAAGGCGTTGTGGATATTCTCCATGGGCGTAAGCAAGTATGGAATACTGAT  
 TTTGGTAGCAGTCATTATCATTATGATCTTAGTCCTTGGGTACTTGGTTATGTCGTAGGGGATGATGGACATAGTGGTACTGTGCG  
 TTTATACTAATCATCAAGAGGAGAAAAACGCAATATAAAGGACGTTATTTTAAACTTCTGTGGCAGCTAATCCATTTGAGGTCAT  
 GCTAGCTCAAGTAATGGATGAATTGACACATTATGAGACAGCTAAATATGGTTGGCAACATTTGATTAGTTTTTCAAACCTCACCA  
 CAACAGACCCCTTTTATTATCGAAAACCATTTGAGGCACAGGCTCCTAAATACGTACAATAAATGTAGAAAAATTTCAAGCTAAT  
 TCGAATGTTAAAGCAGGTATGTTTGCAGCATATAAAGCTATTGATTTCCTCCTCGATACAAGGATTATCTATTATTTGATAAAGA  
 GAATATCAGTAAGAAGATAGACAAAAGATTAAAGAACTTTCTTTGTCACAGGATACGTTAAACTGCTAAATGCTTATCACAAAA  
 TCCCTGTTCTAGTCAAGCGGTTATGGCTACTCGACAGCGAGAGGTTATGCCCAAAAGAAATTGATAAACGTCCTCTGCCGATTAAAT  
 GAAAAAGAACAGGTACGCGTTTACTAGAAGATTATGAATCTTTTATATCATCCGGTAGTTTGGAGCGACTATCAATGCATGGCA  
 AGACGATTGGAATGCAAGGGTGTGGAATACATCCTTCGCCACAAATAAACAATAGTCAATTCTATGGGGGATGCACAAGTATTTA  
 ATCAAGGTTATGGTTTATTAGGCTTTAAAAACGCAAAACATCATTATCAGGTTGATGGTAAAGAGGCAAGAAGAGTGGAAACAT  
 CCTCTGATAGTCAACAGGAGATGACTTATATGCTAGCAGTGATGAAAGCTATCTCTACCTTGGCATTAAACAAAACCTGA  
 AAACTAAAAAGAAAACGATTATTACCAATAGATATTACACCAAAATCTGGTAGTAGAAAAATGAATGGTAGTAAGGTACATTTT  
 CTAATCTAGTGACTTTGTATTGTCTATTGATCCAAATGGCAAGTCTGAATTATTTGTCCAAGAGCGCTATAACGCCTTAAAGCG  
 AACTATCTTCGACAGCTTAATGGTAAAGATTTTATGCTTTCCACCAAGAAGAAGACAGTAGTAATTTTGGAGCAGATAAATATGGT  
 ATTGAGAAATACAAAGATTGTTGAAGACATGGAAAAAGTAAAGCAACAGAGAGGTTCTTACCAACTCATCTCTAGGTTCTCTCA  
 AAACAGGAACAACATGATAGGCACCAAAAAACATTTGATTACAACACAGATATTTCTGTTTGGAAAGGACTTTATAGAGGTGAGAATT  
 CCGTGGCAGTTGTTGAATTTTCTGATCCATCATCTCAAAAAATTCACGATGATTACTTTAAACATTATGGTGTGAAGGAGTTAGA



## SEQUENCE LISTING

AATTGAGAGCATTGCTTTAGGATTAGGTGCTAATAGCAAAGAAAACACACTGATAAAGATGGCAGATTATCGTTTGAAAAATTGGG  
AGAGACCCGATACCAAAACCTTTTTAAAGACTCCTATTATAGT

## SEQ ID NO. 2809: SAG1552 FROM THE JM9130013 GBS TYPE VIII STRAIN

ACTTTGTTGTTAAAGGTGATACTGTACTTCACAAGCCCACCAATAAACCTTTTGTGTTAAAGGAGTAGACGTTGAGTCTTCCTTA  
GCGGGTTATCATCACACGATTTTCTATTACTCAAAAACCGTATCGTGAATGGTTCATTTAATTTCCAACATGGGGGCAAATAC  
TGTAAGAGTCAAGGTACCGATGAATGTTGCATTTTACGATGCCTTATATCACCACAACAAAGCATCAAAGAGGCCACTGTATTTGT  
TGCAAGGAATACGTATAGATTCTTATCGCAATAATGCTTCTATAACAGCTTTTAAATGATAATTATAGGGGGTATTTAAACGAGAA  
GCAAAGGCGTTGTGGATATTCTCCATGGGCGTAAGCAAGTATGGAATACTGATTTTGGTAGCAGTCATTATCATTATGATCTTAG  
TCCTTGGGTACTTGGTTATGTCTAGGGGATGATTGGAATAGTGGTACTGTCTGCTTATACTAATCATCAAGAGAAAAAACGCAAT  
ATAAAGGACGTTATTTTAAACTTCTGTGGCAGCTAATCCATTTGAGGTGATGCTAGCTCAAGTAATGGATGAATTGACACATTAT  
GAGACAGCTAAATATGGTTGGCAACATTTGATTAGTTTTTCAAACCTACCAACAACAGACCCCTTTTCATTATCGAAAAACCATTTGA  
GGCAGAGCCTCCTAAATACGTACAACATAAATGTAGAAAAATTTCAAGCTAATTCGAATGTTAAAGCAGGTATTTGTCAGCATATA  
AAGCTATTGATTTCCATCCTCGATACAAGGATTATCTATTATTTGATAAAGAGAATATCAGTAAAGAAGATAGACAAAAGATTAAA  
GAACCTTTCTTTGTACAGGGATACGTTAACTGCTAAATGCTTATCACAATAATCCCTGTCTAGTCACGGGTATGGCTACTCGAC  
AGCGAGAGGTATTGCCCCAAAAGAAATTGATAAACGTCCTCTGCCGATTAATGAAAAAGAACAAAGGTGAGCGTTTACTAGAAGATT  
ATGACTCTTTTATATCATCCGTTAGTTTGGAGCGCATCAATGCATGGCAAGACGATGGAATGCAAGGGTGTGGAATACATCC  
TTCCGCCACAAATAAACATAGTCAATTCCTATGGGGGATGCAAGTATTTAATCAAGGTTATGGTTTATAGGCTTTTAAAAACGC  
AAAACATCATTATCAGGTTGATGTTAAAGAGGCAAGAAGAGTGGAAACATCCTCTGATGACTAGTGCAACAGGAGATGACTTAT  
ATGCTAGCAGTGATGAAAGCTATCTCTACCTTGCGATTAAAAACAAACCTGAAAAACTAAAAGAAAAACGATTATTACCAATAGAT  
ATTACACCAAAATCTGGTAGTAAAAATGAATGGTAGTAAGGTCACATTTTCTAAATCTAGTGACTTTGTATTGTCTATTGATCC  
AAATGGCAAGTCTGAATTATTTGTCCAAGAGCGCTATAACGCCCTTAAAGCGCAACTATCTCGACAGCTTAATGGTAAAGATTTTT  
ATGCTTTCCACCAAAGAAGAACAGTAGTAATTTTGAGCAGATAAATATGGTATTGAGAAATACAAAGATTGTTGAAGACATGGAA  
AAAGTAAAGCAACAGAGAGGTTCTTACCAACTCATCTACTGGTCTTCTCAAACAGGAACAACGATAGGCACCAAAAAACATT  
TGATTACAAACAGATATTTCGTTTGGAAAGGACTTTATAGAGGTGAGAAATCCGTTGGCAGTTGTTGAAATTTTCTGATCCATCAT  
CTCAAAAAATTCAGCATGATTACTTTAAACATTATGGTGTGAAGGAGTTAGAAATTGAGAGCATTGCTTTAGGATTAGGTGCTAAT  
AGCAAGAAAAACACACTGATAAAGATGGCAGATTATCGTTTGAAAAATTGGGAGAGACCCGATACCAAAACCTTTTTTAAAGACTC  
CTATTATAGTATTAAGAAAG

## SEQ ID NO. 2810: SAG1552 FROM THE M732 GBS TYPE III STRAIN

TACAAGAATAACTTTTGTGTTAAAGGTGATACTGTACTTCACAAGCCCACCAATAAACCTTTTGTGTTAAAGGAGTAGACGTTG  
AGTCTTCCTTAGCGGGTTATCATCACACGATTTTCTATTACTCAAAAACCGTATCGTGAATGGTTCATTTAATTTCCAACATG  
GGGGCAAATACTGTAAGAGTCAAGGTACCGATGAATGTTGCATTTTACGATGCCTTATATCACCACAACAAAGATCAAAGAGGCC  
ACTGTATTTGTGCAAGGAATACGTATAGATTCTTATCGCAATAATGCTTCTATAACAGCTTTTAAATGATAATTATAGGGGGTATT  
TAAACGAGAAGCAAAGGCGTTGTGGATATTCTCCATGGGCGTAAGCAAGTATGGAATACTGATTTTGGTAGCCGTCATTATCAT  
TATGATCTTAGTCTTGGGTACTTGGTTATGTCTAGGGGATGATTGCAATAGTGGTACTGTCTGCTTATCTAATCATCAAGAGAA  
AAAAACGCAATATAAGGACGTTATTTTAAACTTCTGTGGCAGCTAATCCATTTGAGGTGATGCTAGCTCAAGTAATGGATGAAT  
TGACACATTATGAGACAGCTAAATATGGTTGGCAACATTTGATTAGTTTTTCAAACCTACCAACAACAGACCCCTTTTCATTATCGA  
AAACCATTTGAGGCACAGGCTCCTAAATACGTACAATAAATGTAGAAAAATTTCAAGCTAATTCAAATGTTAAAGCAGGTATGTT  
TGACAGCATATAAGACTATTGATTCTTCCATCCTCGATACAAGGATATTCTATTATTGATAAAGAGAATATCAGTAAAGAAGATAGAC  
AAAAGATTAAAGAACTTTCTTTGTACAGGGATACGTTAACTGCTAATGCTTATCACAATAATCCCTGTTCTAGTCACGGGTAT  
GGCTATTCGACAGCGAGAGGTATTGCCCAAAAAGAAATTGATAAACGTCCTCTGCCGATTAATGAAAAAGAACAAAGGTGAGCGTTT  
ACTAGAAGATTATGAATCTTTTATATCATCCGTTAGTTTGGAGCGACTATCAATGCATGGCAAGACGATTGGAATGCAAGGGCGT  
GGAATACATCTTTCGCCACAAATAAACATAGTCAATTCCTATGGGGGATGCACAAGTATTTAATCAAGGTTATGGTTTATTAGGC  
TTTAAAAAACGCCAAAACATCATTAAGTTGATGGTAAAGAGGCAAGAGAGTGGAACATCCTCTGATGACTAGTGCAACAGG  
AGATGACTTATATGCTAGCAGTGATGAAAGCTATCTCTACCTTGCGATTAAAAACAAACCTGAAAACTAAAAGAAAAACGATTAT  
TACCAATAGATATTACACCAAAATCTGGTAGTAGAAAAATGAATGGTAGTAAGGTGACATTTTCTAAATCTAGTGACTTTGTATTG  
TCTATTGATCCAAATGGCAAGTCTGAATTATTTGTCCAAGAGCGCTATAATGCCTTAAAGCGCAACTATCTTCGACAGCTTAACGG  
TAAAGATTTTTATGCTTTCCCAACAAAGAAGAACAGTAGTAATTTTGAGCAGATAAATATGGTATTGAGAAATACAAGATTGTTG  
AAGACATGGAAGAAAGTAAAGCAACAGAGAGGTTCTTACCAACTCATCCTACTGCTTCTCTCAAAACAGGAACAACTGATAGGCAC  
CAAAAAACATTTGATTACAAACAGATATTTCGTTTGGAAAGGACTTTATAGAGGTGAGAAATCCGTTGGCAGTTGTTGAATTTTCT  
TGATCCATCATCTCAAAAAATTCAGCATGATTACTTTAAACATTATGGTGTGAAGGAGTTAGAAATTGAGAGCATTGCTTTAGGAT  
TAGGTGCTAATAGCAAAGAAAAACACACTGATAAAGATGGCAGATTATCGTTTGAAAAATTGGGAGAGACCCGATACCAAAACCTTT  
TTAAAGACTCCTATTATAGTATTAAG

## SEQ ID NO. 2811: SAG1552 FROM THE M781 GBS TYPE III STRAIN

TTTGATGGTAGTTTGTATTTACCACAGGGCTTATTAAGAAAATACAAGAATAACTTTTGTGTTAAAGGTGATACTGTACTTCA  
CAAGCCCACCAATAAACCTTTTGTGTTAAAGGAGTAGACGTTGAGTCTTCTTAGCGGGTTATCATCACACGATTTTCTTATTA  
CTCAAAAACCGTATCGTGAATGGTTCATTTAATTTTCAAGATGGGGCAAATACGTGTAAGAGTCAAGGTACCGATGAATGATGCA  
TTTTACGATGCCTTATATCACCACAACAAAGATCAAAGAGGCCACTGTATTTGTGCAAGGAATACGTATAGATTCTTATCGCAA  
TAATGCTTCTATAACAGCTTTTAAATGATAATTATAGGGGGTATTTAAACGAGAAGCAAAGGCGTTGTGGATATTCTCCATGGGC  
GTAAGCAAGTATGGAATACTGATTTTGGTAGCCGTCATTATCATTATGATCTTAGTCTTGGGTACTTGGTTATGTCTGAGGGGAT  
GATTGGAATAGTGGTCTGCTTACTAATCATCAAGAGAAAAACGCAATATAAAGGACGTTATTTTAAACTTCTGTGGC  
AGCTAATCCATTTGAGGTGATGCTAGCTCAAGTAATGGATGAATTGACACATTATGAGACAGCTAAATATGGTTGGCAACATTTGA

## SEQUENCE LISTING

TTAGTTTTTCAAACCTACCAACAACAGACCCCTTTTCATTATCGAAAACCATTGTGAGGCACAGGCTCCTAAATACGTACAACCTAAAT  
 GTAGAAAATATTCAAGCTAATTCAAATGTTAAAGCAGGTATGTTTGACAGCATATAAAGCTATTGATTTCCATCCTCGATACAAGGA  
 TTATCTATTATTTGATAAAGAGAATATCAGTAAAGAAGATAGACAAAAGATTAAAGAACTTTCTTTGTACAGGGATACGTTAAAC  
 TGCTAAATGCTTATCACAAAATCCCTGTTCTAGTCACGGGTTATGGCTATTCGACAGCGAGAGGTATTGCCCAAAAAGAAATTGAT  
 AAACGTCCTCTGCCGATTAAATGAAAAAGAACAGGTACAGCGTTTACTAGAAGATTATGAATCTTTTATATCATCCGGTAGTTTGG  
 AGCGACTATCAATGCATGGCAAGACGATTGGAATGCAAGGGCGTGGAATACATCTTTCCGCCACAAATAAACATAGTCAATTCCTAT  
 GGGGGGATGCACAAGTATTAATCAAGGTTATGGTTTATTAGGCTTTAAAAACGCAAAACATCATTATCAAGTTGATGGTAAAAGA  
 GGCAAAGGAGAGTGGAACATCCTCTGATGACTAGTGCAACAGGAGATGACTTATATGCTAGCAGTGATGAAAGCTATCTTACCT  
 TCGGATTAAAAACAAACCTGAAAACTAAAAAGAAAAACGATTATTACCAATAGATATTACACCAAAATCTGGTAGTAGAAAAATGA  
 ATGGTAGTAAGGTCACATTTTCTAAATCTAGTGACTTTGTATTGTCTATTGATCCAAATGGCAAGTCTGAATTATTTGTCCAAGAG  
 CGCTATAATGCCTTAAAAGCGAAGTATCTTCGACAGCTTAACGGTAAAGATTTTATGCTTTCCACCAAGAAGAACAGTAGTAA  
 TTTTGAGCAGATAAATATGGTATTGAGAAATACAAAGATTGTTGAAGACATGGAAGAAAGTAAAGCAACAGAGAGGTTCTTACCAA  
 CTCATCCTACTGTTCTTCTCAAAACAGGAACAACCTGATAGGCACCAAAAAACATTGATTCAACAAACAGATATTTTCGTTTGGAAAG  
 GACTTTATAGAGGTCAGAATTCCTGGCAGTTGTTGAATTTTCTGATCCATCATCTCAAAAAATTACGATGATTACTTTAAACA  
 TTATGGTGTGAAGGAGTTAGAAATTGAGAGCATTGCTTTAGGATTAGGTGCTAATAGCAAAGAAAAACACTGATAAAGATGGCAG  
 ATTATCGTTTGAAGAAATTGGGAGAGACCCGATACCAAAACCTTTTAAAGACTCCTATTATAGTATTAAGAAAGAATGG

>SEQ ID NO 2850:62\_1169NT frame: 1

FVVKGDTVLHKPTNKPFFVVKGVDESSLAGYHHNDFPITQKTYREWFHLISNMGANTVRV  
 KVPNMVAFYDALYHHNKASKRPLYLLQGIRIDSYRNNASITAFNDNYRGYLKREAGVVD  
 ILHGRKQVWNTDFGSRHYHYDLSPWVLGYVVGDDWNSGTVAYTNHQEKKTOYKGRYFKTS  
 AAANPFEVMLAQVMDDELTHYETAKYGWQHLSFSNSPTTDPFHYRKPFQAQPKYVQLNV  
 ENIQANSNVKAGIFAAYKAIDFHPRYKDYLLFDKENISKEDRQKIKELSLSQGYVKLLNA  
 YHKIPVLVTGYGYSTARGIAQKEIDKRPLPINEKEQGQRLLEDYESFISSGSFGATINAW  
 QDDWNARAWNTSFATNKHSQFLWGDAQVFNQGYGLLGFKNAKHYYQVDGKRKGKEWKHPL  
 MTSATGDDLYASSDESILYLAIKTKPEKLKEKRLLPIDITPKSGSRKMNGSKVTFKSSD  
 FVLSIDPNGKSELFVQERYNALKANYLRQLNGKDFYAFPPKKNSSNFEQINMVLNRNTKIV  
 EDMKVKATERFLPTHPTGLLKTGTIDRHQKTFDSQTDISFGKDFIEVRIPWQLLNFSDF  
 SSQKIHHDDYFKHYGVKELEIESIALGLGANSKENTLIKMAKYRLKNWERPDTKTFLKDSY  
 YSI.ER

>SEQ ID NO 2851:62\_18RS21 frame: 1

KGLLKENTRTNFVVKGDTVLHKPTNKPFFVVKGVDESSLAGYHHNDFPITQKTYREWFHL  
 ISNMGANTVRVKVPMNVAFYDALYHHNKASKRPLYLLQGIRIDSYRNNASITAFNDNYRG  
 YLKREAGVVDILHGRKQVWNTDLGSRHYHYDLSPWVLGYVVGDDWNSGTVAYTNHQEKK  
 TOYKGRYFKTSVAANPFEVMLAQVMDDELTHYETAKYGWQHLSFSNSPTTDPFHYRKPF  
 QAQPKYVQLNVENIQANSNVKAGMFAAYKAIDFHPRYKDYLLFDKENISKEDRQKIKELS  
 LSQGYVKLLNAYHKIPVLVTGYGYSTARGIAQKEIDKRPLPINEKEQGQRLLEDYESFIS  
 SGSFGATINAWQDDWNARAWNTSFATNKHSQFLWGDAQVFNQGYGLLGFKNAKHYYQVDG  
 KRKGKEWKHPLMTSATGDDLYASSDESILYLAIKTKPEKLKEKRLLPIDITPKSGSRKM  
 NGSKVTFSKSSDFVLSIDPNGKSELFVQERYNALKANYLRQLNGKDFYAFPPKKNSSNFEQ  
 INMVLNRNTKIVEDMEKVKATERFLPTHPTGLLKTGTIDRHQKTFDSQTDISFGKDFIEVR  
 IPWQLLNFSDFSSQKIHHDDYFKHYGVKELEIESIALGLGANSKENTLIKMAKYRLKNWER  
 PDTKTFLKDSYVYVLRK

>SEQ ID NO 2852:62\_2603 frame: 3

LKENTRTNFVVKGDTVLHKPTNKPFFVVKGVDESSLAGYHHNDFPITQKTYREWFHLISN  
 MGANTVRVKVPMNVAFYDALYHHNKASKRPLYLLQGIRIDSYRNNASITAFNDNYRGY  
 REAGVVDILHGRKQVWNTDLGSRHYHYDLSPWVLGYVVGDDWNSGTVAYTNHQEKKTOY  
 KGRYFKTSVAANPFEVMLAQVMDDELTHYETAKYGWQHLSFSNSPTTDPFHYRKPFQAQ  
 PKYVQLNVENIQANSNVKAGMFAAYKAIDFHPRYKDYLLFDKENISKEDRQKIKELSLSQ  
 GYVKLLNAYHKIPVLVTGYGYSTARGIAQKEIDKRPLPINEKEQGQRLLEDYESFISSGS  
 FGATINAWQDDWNARAWNTSFATNKHSQFLWGDAQVFNQGYGLLGFKNAKHYYQVDGKR  
 GKEWKHPLMTSATGDDLYASSDESILYLAIKTKPEKLKEKRLLPIDITPKSGSRKMNGSK  
 VTFKSSDFVLSIDPNGKSELFVQERYNALKANYLRQLNGKDFYAFPPKKNSSNFEQINM  
 VLRNTKIVEDMEKVKATERFLPTHPTGLLKTGTIDRHQKTFDSQTDISFGKDFIEVRIPW  
 QLLNFSDFSSQKIHHDDYFKHYGVKELEIESIALGLGANSKENTLIKMAKYRLKNWERPDT  
 KTFKDSYYSIKKEWSKERERTYGP

>SEQ ID NO 2853:62\_A909 frame: 1

KGLLKENTRTNFVVKGDTVLHKPTNKPFFVVKGVDESSLAGYHHNDFPITQKTYREWFHL  
 ISNMGANTVRVKVPMNVAFYDALYHHNKASKRPLYLLQGIRIDSYRNNASITAFNDNYRG  
 YLKREAGVVDILHGRKQVWNTDLGSRHYHYDLSPWVLGYVVGDDWNSGTVAYTNHQEKK  
 TOYKGRYFKTSVAANPFEVMLAQVMDDELTHYETAKYGWQHLSFSNSPTTDPFHYRKPF

## SEQUENCE LISTING

AQAPKYVQLNVENIQANSNVKAGMFAAYKAIDFHPRYKDYLLFDKENISKEDRQKIKELS  
LSQGYVKLLNAYHKIPVLVTGYGYSTARGIAQKEIDKRPLPINEKEQGQRLLEDYESFIS  
SGSFGATINAWQDDWNARAWNTSFATNKHSQFLWGDAQVFNQGYGLLGFKNAKHHYQVDG  
KRGKGEWKHPLMTSATGDDLYASSDESILYLAIKTKPEKLKEKRLLPIDITPKSGSRKMN  
GSKVTFKSSDFVLSIDPNGKSELFVQERYNALKANYLRQLNGKDFYAFPPKKNSSNFEQ  
INMVLNRNTKIVEDMEKVKATERFLPTHPTGLLKTGTDRHQKTFSQTDISFGKDFIEVR  
IPWQLLNFSDPSSQRIHDDYFKHYGVKELEN.EPLL.D.VLIAKKTH..RWQIIV.KIGR  
DPIPKPF.K

## &gt;SEQ ID NO 2854:62\_A909 frame: 1

KGLLKENTRTNFVVKGDTVLHKPTNKPFFVVKGVDESSLAGYHHNDFPITQKTYREWFHL  
ISNMGANTVRVKVPMNVAFYDALYHHNKASKRPLYLLQGIRIDSYRNNASITAFNDNYRG  
YLKREAKGVVDILHGRKQVWNTDLGSRHYHYDLSPPVVGDDWNSGTVAITNHQEKK  
TQYKGRYFKTSVAANPFEVMLAQVMDELTHYETAKYGWQHLISFSNSPTTDPFHYRKPFE  
AQAPKYVQLNVENIQANSNVKAGMFAAYKAIDFHPRYKDYLLFDKENISKEDRQKIKELS  
LSQGYVKLLNAYHKIPVLVTGYGYSTARGIAQKEIDKRPLPINEKEQGQRLLEDYESFIS  
SGSFGATINAWQDDWNARAWNTSFATNKHSQFLWGDAQVFNQGYGLLGFKNAKHHYQVDG  
KRGKGEWKHPLMTSATGDDLYASSDESILYLAIKTKPEKLKEKRLLPIDITPKSGSRKMN  
GSKVTFKSSDFVLSIDPNGKSELFVQERYNALKANYLRQLNGKDFYAFPPKKNSSNFEQ  
INMVLNRNTKIVEDMEKVKATERFLPTHPTGLLKTGTDRHQKTFSQTDISFGKDFIEVR  
IPWQLLNFSDPSSQRIHDDYFKHYGVKELEN.EPLL.D.VLIAKKTH..RWQIIV.KIGR  
DPIPKPF.K

## &gt;SEQ ID NO 2855:62\_CJB110 frame: 1

YYFDGSLYLPKGLLKENTRTNFVVKGDTVLHKPTNKPFFVVKGVDESSLAGYHHNDFPIT  
QKTYREWFHLISNMGANTVRVKVPMNVAFYDALYHHNKASKRPLYLLQGIRIDSYRNNAS  
ITAFNDNYRGYLYKREAKGVVDILHGRKQVWNTDLGSRHYHYDLSPPVVGDDWNSGT  
VAITNHQEKKTQYKGRYFKTSVAANPFEVMLAQVMDELTHYETAKYGWQHLISFSNSPTT  
DPFHYRKPFEAQAPKYVQLNVENIQANSNVKAGMFAAYKAIDFHPRYKDYLLFDKENISK  
EDRQKIKELSLSQGYVKLLNAYHKIPVLVTGYGYSTARGIAQKEIDKRPLPINEKEQGQRL  
LEDYESFISSGSFGATINAWQDDWNARAWNTSFATNKHNQFLWGDAQVFNQGYGLLGFK  
NAKHHYQVDGKRGKGEWKHPLMTSATGDDLYASSDESILYLAIKTKPEKLKEKRLLPIDI  
TPKSGSRKMNGSKVTFKSSDFVLSIDPNGKSELFVQERYNALKANYLRQLNGKDFYAFP  
PKKNSSNFEQINMVLNRNTKIVEDMEKVKATERFLPTHPTGLLKTGTDRHQKTFSQTDI  
SFGKDFIEVRIPWQLLNFSDPSSQRIHDDYFKHYGVKELEIESIALGLGANSKENTLIK  
MADYRLKNWERPDTKTFLKDSYVLRK

## &gt;SEQ ID NO 2856:62\_COH1 frame: 2

LPQGLLKENTRTNFVVKGDTVLHKPTNKPFFVVKGVDESSLAGYHHNDFPITQKTYREWF  
HLISNMGANTVRVKVPMNVAFYDALYHHNKASKRPLYLLQGIRIDSYRNNASITAFNDNY  
RGYLYKREAKGVVDILHGRKQVWNTDLGSRHYHYDLSPPVVGDDWNSGTVAITNHQEK  
KKTQYKGRYFKTSVAANPFEVMLAQVMDELTHYETAKYGWQHLISFSNSPTTDPFHYRKP  
FEAQAPKYVQLNVENIQANSNVKAGMFAAYKAIDFHPRYKDYLLFDKENISKEDRQKIKE  
LSLSQGYVKLLNAYHKIPVLVTGYGYSTARGIAQKEIDKRPLPINEKEQGQRLLEDYESF  
ISSGSFGATINAWQDDWNARAWNTSFATNKHSQFLWGDAQVFNQGYGLLGFKNAKHHYQV  
DGKRGKGEWKHPLMTSATGDDLYASSDESILYLAIKTKPEKLKEKRLLPIDITPKSGSRK  
MNGSKVTFKSSDFVLSIDPNGKSELFVQERYNALKANYLRQLNGKDFYAFPPKKNSSNF  
EQINMVLNRNTKIVEDMEKVKATERFLPTHPTGLLKTGTDRHQKTFSQDPDISFGKDFIE  
VRIPWQLLNFSDPSSQRIHDDYFKHYGVKELEIESIALGLGANSKENTLIKADYRLKNW  
ERPDTKTFLKD

## &gt;SEQ ID NO 2857:62\_H36B frame: 2

RGLLKENTRTNFVVKGDTVLHKPTNKPFFVVKGVDESSLAGYHHNDFPITQKTYREWFHL  
ISNMGANTVRVKVPMNVAFYDALYHHNKASKRPLYLLQGIRIDSYRNNASITAFNDNYRG  
YLKREAKGVVDILHGRKQVWNTDLGSSHYHYDLSPPVVGDDGHS GTVALY

## &gt;SEQ ID NO 2858:62\_JM9130013 frame: 3

FVVKGDTVLHKPTNKPFFVVKGVDESSLAGYHHNDFPITQKTYREWFHLISNMGANTVRV  
KVPNMVAFYDALYHHNKASKRPLYLLQGIRIDSYRNNASITAFNDNYRGYLYKREAKGVVD  
ILHGRKQVWNTDLGSSHYHYDLSPPVVGDDWNSGTVAITNHQEKKTQYKGRYFKTS  
VAANPFEVMLAQVMDELTHYETAKYGWQHLISFSNSPTTDPFHYRKPFEAQAPKYVQLNV  
ENIQANSNVKAGMFAAYKAIDFHPRYKDYLLFDKENISKEDRQKIKELSLSQGYVKLLNA  
YHKIPVLVTGYGYSTARGIAQKEIDKRPLPINEKEQGQRLLEDYESFISSGSFGATINAW  
QDDWNARVWNTSFATNKHSQFLWGDAQVFNQGYGLLGFKNAKHHYQVDGKRGKEWKHPL

## SEQUENCE LISTING

MTSATGDDLYASSDESYLYLAIKTKPEKLKEKRLLPIDITPKSGSRKMNGSKVTFKSSD  
FVLSIDPNGKSELFVQERYNALKANYLRQLNGKDFYAFPPKKNSSNFEQINMVLNRNTKIV  
EDMEKVKATERFLPTHPTGLLKTGTTDRHQKTFDSQTDISFGKDFIEVRIPWQLLNFSDF  
SSQKIHHDDYFKHYGVKELEIESIALGLGANSKENTLIKADYRLKNWERPDTKTFLKDSY  
YSIKK

## &gt;SEQ ID NO 2859:62\_M732 frame: 2

TRTNFVVGKDTVLHKPTNKPFFVVGVDVSSLAGYHHNDFPITQKTYREWFHLLISNMGAN  
TVRVKVPNMNFAFYDALYHHNKEKRPLYLLQGIRIDSYRNNASITAFNDNYRGYLKREAK  
GVVDILHGRKQVWNTDFGSRHYHYDLSPWVLGYVVGDDCNSGTVAITNHQEKKTQYKGRY  
FKTSVAANPFVEMLAQVMDELTHYETAKYGWQHLISFSNSPTTDPFHYRKPFEAQAPKYV  
QLNVENIQANSNVKAGMFAAYKAIDFHPRYKDYLLFDKENISKEDRQKIKELSLSQGYVK  
LLNAYHKIPVLVTGYGYSTARGIAQKEIDKRPLPINEKEQGQRLLEDYESFISGSGFGAT  
INAWQDDWNARAWNTSFATNKHSQFLWGDAQVFNQGYGLLGFKNAKHYYQVDGKRKGGEW  
KHPLMTSATGDDLYASSDESYLYLAIKTKPEKLKEKRLLPIDITPKSGSRKMNGSKVTF  
KSSDFVLSIDPNGKSELFVQERYNALKANYLRQLNGKDFYAFPPKKNSSNFEQINMVLNRN  
TKIVEDMEKVKATERFLPTHPTGLLKTGTTDRHQKTFDSQTDISFGKDFIEVRIPWQLLN  
FSDPSSQKIHHDDYFKHYGVKELEIESIALGLGANSKENTLIKADYRLKNWERPDTKTFL  
KDSYYSIK

## &gt;SEQ ID NO 2860:62\_M781 frame: 1

FDGSLYLPQGLLKENTRTNFVVGKDTVLHKPTNKPFFVVGVDVSSLAGYHHNDFPITQK  
TYREWFHLLISNMGANTVRVKVPNMNFAFYDALYHHNKEKRPLYLLQGIRIDSYRNNASIT  
AFNDNYRGYLKREAKGVVDILHGRKQVWNTDFGSRHYHYDLSPWVLGYVVGDDWNSGTVA  
YTNHQEKKTQYKGRYFKTSVAANPFVEMLAQVMDELTHYETAKYGWQHLISFSNSPTTDP  
FHYRKPFEAQAPKYVQLNVENIQANSNVKAGMFAAYKAIDFHPRYKDYLLFDKENISKED  
RQKIKELSLSQGYVKLLNAYHKIPVLVTGYGYSTARGIAQKEIDKRPLPINEKEQGQRL  
EDYESFISGSGFGATINAWQDDWNARAWNTSFATNKHSQFLWGDAQVFNQGYGLLGFKNA  
KHYYQVDGKRKGGEWKHPLMTSATGDDLYASSDESYLYLAIKTKPEKLKEKRLLPIDITP  
KSGSRKMNGSKVTFKSSDFVLSIDPNGKSELFVQERYNALKANYLRQLNGKDFYAFPPK  
KNSSNFEQINMVLNRNTKIVEDMEKVKATERFLPTHPTGLLKTGTTDRHQKTFDSQTDISF  
GKDFIEVRIPWQLLNFSDFSSQKIHHDDYFKHYGVKELEIESIALGLGANSKENTLIKAD  
YRLKNWERPDTKTFLKDSYYSIKKEW

## SEQ ID NO. 2901: SAG1641 FROM THE 090 GBS TYPE Ia STRAIN

AATCAAGAAGTTTCAGCAAGCTCAACTTCAAGTAAAGTTGTTAAAGTTGGTGTTATGACCTTTTCTGACACTGAAAAAGCACGTTG  
GGATAAAATTGAAAAGCTAGTAGGCGATAAAGCTAAAATCAAATTCACAGAATTTACAGATTATACACAACCAAATCAAGCGACAG  
CCAATAAGGATGTGGATATTAATGCCTTTCAACATTACAATTTCTTAGAAAAGCTGGAATAAGGAAAATAAGAAAAACTTAATTCAC  
CTTGAAAAGACTTACTTAGCCCCAATTCGTATCTATTCTGAGAAGGTAAAATCTCTTAAAAAATTGAAAAAGGAGCCACTATTGC  
AATTCCAAATGATGCAACAAATGGTAGCCGTGCATTGTATGTCCTTCAGTCAGCAGGTTTAATCAAATTGAATGTTTCTGGTAAGA  
AGGTTGCAACAGTTGCTAATATCACATCTAATAAAAAAGATATTAATATTAGGAGTTAGATGCGAGTCAACACACCAGTGCCTC  
AAAGATGTAGATGCAGCTATTATTAATAATACATACATTGAGCAAGCTAATTTAAACCTTCAGATGCTATCTTTGTTGAGAAATC  
AGATAAAATTCAAAACAATGGATTAATATCATTGCGGGACGTAAAATTTGAAAAAGCAAAAGAACGCTAAAGCTATCCAAGCTA  
TCTTGGATGCTTATCACACAGATGAAGTGAAAAAGTTATCAAAGATACTTCAGCTGATATTCACAATGGAACCCAGCTTTCTTG  
TACAA

SEQ ID NO. 2902: SAG1641 FROM THE 1169NT1 GBS TYPE V STRAIN  
(REVERSE COMPLEMENT)

ATCAAGAAGTTTCAGCAAGCTCAACTTCAAGTAAAGTTGTTAAAGTTGGTGTTATGACCTTTTCTGACACTGAAAAAGCACGTTGG  
GATAAAATTGAAAAGCTAGTAGGTGATAAAGCTAAAATCAAATTTACAGAATTTACAGATTATACACAACCAAATCAAGCGACAGC  
CAATAAGGATGTGGATATTAATGCCTTTCAACATTACAATTTCTTAGAAAAGCTGGAATAAGGAAAATAAGAAAAACTTAATTCAC  
TTGAAAAGACTTACTTAGCTCCAATTCGTATCTATTCTGAGAAGGTAAAATCTCTTAAAAAATTGAAAAAGGAGCCACTATTGCA  
ATTCCAAATGATGCAACAAATGGTAGCCGTGCATTGTATGTCCTTCAGTCAGCAGGTTTAATCAAATTGAATGTTTCTGGTAAGAA  
GGTTGCAACAGTTGCTAATATCACATCTAATAAAAAAGGATATTAATATTAGGAGTTAGATGCGAGTCAACACACCAGTGCCTCA  
AAGATGTAGATGCAGCTATTATTAATAATACATACATTGAGCAAGCTAATTTAAACCTTCAGATGCTATCTTTGTTGAGAAATCA  
GATAAAATTCAAAACAATGGATTAATATCATTGCGGGACGTAAAATTTGAAAAAGCAAAAGAACGCTAAAGCTATCCAAGCTAT  
CTTGGATGCTTATCACACAGATGAAGTGAAAAAGTTATCAAAGATACTTCAGCTGATATTCACAATGGAACCCAGCTTTCTTG

## SEQ ID NO. 2903: SAG1641 FROM THE 18RS21 GBS TYPE II STRAIN

AATCAAGAAGTTTCAGCAAGCTCAACTTCAAGTAAAGTTGTTAAAGTTGGTGTTATGACCTTTTCTGACACTGAAAAAGCACGTTG  
GGATAAAATTGAAAAGCTAGTAGGTGATAAAGCTAAAATCAAATTTACAGAATTTACAGATTATACACAACCAAATCAAGCGACAG  
CCAATAAGGATGTGGATATTAATGCCTTTCAACATTACAATTTCTTAGAAAAGCTGGAATAAGGAAAATAAGAAAAACTTAATTCAC  
CTTGAAAAGACTTACTTAGCTCCAATTCGTATCTATTCTGAGAAGGTAAAATCTCTTAAAAAATTGAAAAAGGAGCCACTATTGC  
AATTCCAAATGATGCAACAAATGGTAGCCGTGCATTGTATGTCCTTCAGTCAGCAGGTTTAATCAAATTGAATGTTTCTGGTAAGA

## SEQUENCE LISTING

AGGTTGCAACAGTTGCTAATATCACATCTAATAAAAAGGATATTAAATATTCAGGAGTTAGATGCGAGTCAAACACCACGTGCACTC  
 AAAGATGTAGATGCACTATTATTAATAATACATACATTGAGCAAGCTAATTTAAACCTTCAGATGCTATCTTTGTTGAGAAATC  
 AGATAAAAATTCAAAACATGGATTAATATCATTGCGGGACGTAAAAATTTGAAAAAGCAAAGAACGCTAAAGCTATCCAAGCTA  
 TCTTGGATGCTTATCACACAGATGAAGTGAAAAAAGTTATCAAAGATACTTCAGCTGATATTCCAC

## SEQ ID NO. 2904: SAG1641 FROM THE 2603 V/R GBS TYPE V STRAIN

AATCAAGAAGTTTCAGCAAGCTCAACTTCAAGTAAAGTTGTTAAAGTTGGTGTATGACCTTTTCTGACACTGAAAAAGCACGTTG  
 GGATAAAATTGAAAAGCTAGTAGGTGATAAAGCTAAAATCAAATTTACAGAATTTACAGATTATACACAACCAAATCAAGCGACAG  
 CCAATAAGGATGTGGATATTAATGCCTTTCAACATTACAATTTCTTAGAAAACCTGGAATAAGGAAAATAAGAAAACTTAATTCCA  
 CTTGAAAAGACTTACTTAGCTCCAATTCGTATCTATTCTGAGAAGGTAAAATCTCTTAAAAAATTGAAAAAGGAGCCACTATTGC  
 AATTCCAAATGATGCAACAAATGGTAGCCGTGCATTGTATGTCTTCAGTCAGCAGGTTAATCAAATGAATGTTTCTGGTAAGA  
 AGGTTGCAACAGTTGCTAATATCACATCTAATAAAAAGGATATTAAATATTCAGGAGTTAGATGCCAGTCAAACACCACGTGCACTC  
 AAAGATGTAGATGCACTATTATTAATAATACATACATTGAGCAAGCTAATTTAAACCTTCAGATGCTATCTTTGTTGAGAAATC  
 AGATAAAAATTCAAAACATGGATTAATATCATTGCGGGACGTAAAAATTTGAAAAAGCAAAGAACGCTAAAGCTATCCAAGCTA  
 TCTTGGATGCTTATCACACAGATGAAGTGAAAAAAGTTATCAAAGATACTTCAGCTGATATTCCACAATGG

## SEQ ID NO. 2905: SAG1641 FROM THE A909 GBS TYPE Ia STRAIN

AATCAAGAAGTTTCAGCAAGCTCAACTTCAAGTAAAGTTGTTAAAGTTGGTGTATGACCTTTTCTGACACTGAAAAAGCACGTTG  
 GGATAAAATTGAAAAGCTAGTAGGTGATAAAGCTAAAATCAAATTTACAGAATTTACAGATTATACACAACCAAATCAAGCGACAG  
 CCAATAAGGATGTGGATATTAATGCCTTTCAACATTACAATTTCTTAGAAAACCTGGAATAAGGAAAATAAGAAAACTTAATTCCA  
 CTTGAAAAGACTTACTTAGCTCCAATTCGTATCTATTCTGAGAAGGTAAAATCTCTTAAAAAATTGAAAAAGGAGCCACTATTGC  
 AATTCCAAATGATGCAACAAATGGTAGCCGTGCATTGTATGTCTTCAGTCAGCAGGTTAATCAAATGAATGTTTCTGGTAAGA  
 AGGTTGCAACAGTTGCTAATATCACATCTAATAAAAAGGATATTAAATATTCAGGAGTTAGATGCGAGTCAAACACCACGTGCACTC  
 AAAGATGTAGATGCACTATTATTAATAATACATACATTGAGCAAGCTAATTTAAACCTTCAGATGCTATCTTTGTTGAGAAATC  
 AGATAAAAATTCAAAACATGGATTAATATCATTGCGGGACGTAAAAATTTGAAAAAGCAAAGAACGCTAAAGCTATCCAAGCTA  
 TCTTGGATGCTTATCACACAGATGAAGTGAAAAAAGTTATCAAAGATACTTCAGCTGATATTCCACAATGG

## SEQ ID NO. 2906: SAG1641 FROM THE CJB110 GBS NONTYPEABLE STRAIN

AAGTAAAGTTGTTAAAGTTGGTGTATGACCTTTTCTGACACTGAAAAAGCACGTTGGGATAAAATTGAAAAGCTAGTAGCGGATA  
 AAGCTAAAATCAAATTCACAGAATTTACAGATTATACACAACCAAATCAAGCGACAGCCAATAAGGATGTGGATATTAATGCCTTT  
 CAACATTACAATTTCTTAGAAAACCTGGAATAAGGAAAATAAGAAAACTTAATCCACTTGAAAAGACTTACTTAGCCCCAATTCG  
 TATCTATTCTGAGAAGGTAAAATCTCTTAAAAAATTGAAAAAGGAGCCACTATTGCAATTCAAATGATGCAACAAATGGTAGCC  
 GTGCATTGTATGTCTTCAGTCAGCAGGTTAATCAAATGAATGTTTCTGGTAAGAAGTTGCAACAGTTGCTAATATCACATCT  
 AATAAAAAAGATATTAATATTCAGGAGTTAGATGCGAGTCAAACACCACGTGCACTCAAAGATGTAGATGCACTATTATTAATAA  
 TACATACATTGAGCAAGCTAATTTAAACCTTCAGATGCTATCTTTGTTGAGAAATCAGATAAAAATTCAAAACATGGATTAATA  
 TCATTGCGGGACGTAAAAATTTGAAAAAGCAAAGAACGCTATCCAAGCTATCTTGGATGCTTATCACACAGATGAAGTG  
 AAAAAAGTTATCAAAGATACTTCAGCTGATATTCCACAATGGAA

SEQ ID NO. 2907: SAG1641 FROM THE COH1 GBS TYPE III STRAIN  
 (REVERSE COMPLEMENT)

AGTTTCAGCAAGCTCAACTTCAAGTAAAGTTGTTAAAGTTGGTGTATGACCTTTTCTGACACTGAAAAAGCACGTTGGGATAAAA  
 TTGAAAAGCTAGTAGGTGATAAAGCTAAAATCAAATTTACAGAATTTACAGATTATACACAACCAAATCAAGCGACAGCCAATAAG  
 GATGTGGATATTAATGCCTTTCAACATTACAATTTCTTAGAAAACCTGGAATAAGGAAAATAAGAAAACTTAATCCACTTGAAA  
 GACTTACTTAGCTCCAATTCGTATCTATTCTGAGAAGGTAAAATCTCTTAAAAAATTGAAAAAGGAGCCACTATTGCAATTC  
 ATGATGCAACAAATGGTAGCCGTGCATTGTATGTACTTCAGTCAGCAGGTTAATCAAATGAATGTTTCTGGTAAGAAGGTTGCA  
 ACAGTTGCTAATATCACATCTAATAAAAAGGATATTAAATATTCAGGAGTTAGATGCGAGTCAAACACCACGTGCACTCAAAGATGT  
 AGATGCACTATTATTAATAATACATACATTGAGCAAGCTAATTTAAACCTTCAGATGCTATCTTTGTTGAGAAATCAGATAAAA  
 ATTCAAAACATGGATTAATATCATTGCGGGACGTAAAAATTTGAAAAAGCAAAGAACGCTAAAGCTATCCAAGCTATCTTGGAT  
 GCTTATCACACAGATGAAGTGAAAAAAGTTATCAAAGATACTTCAGCTGATATTCCACAATGG

## SEQ ID NO. 2908: SAG1641 FROM THE H36b GBS TYPE Ib STRAIN

AAGAAGTTTCAGCAAGCTCAACTTCAAGTAAAGTTGTTAAAGTTGGTGTATGACCTTTTCTGACACTGAAAAAGCACGTTGGGAT  
 AAAATTGAAAAGCTAGTAGGTGATAAAGCTAAAATCAAATTTACAGAATTTACAGATTATACACAACCAAATCAAGCGACAGCCAA  
 TAAGGATGTGGATATTAATGCCCTTTCAACATTACAATTTCTTAGAAAACCTGGAATAAGGAAAATAAGAAAACTTAATCCACTTG  
 AAAAGACTTACTTAGCTCCAATTCGTATCTATTCTGAGAAGGTAAAATCTCTTAAAAAATTGAAAAAGGAGCCACTATTGCAAT  
 CCAAATGATGCAACAAATGGTAGCCGTGCATTGTATGTCTTCAGTCAGCAGGTTAATCAAATGAATGTTTCTGGTAAGAAGGT  
 TGCAACAGTTGCTAATATCACATCTAATAAAAAGGATATTAAATATTCAGGAGTTAGATGCGAGTCAAACACCACGTGCACTCAAAG  
 ATGTAGATGCACTATTATTAATAATACATACATTGAGCAAGCTAATTTAAACCTTCAGATGCTATCTTTGTTGAGAAATCAGATAAAA  
 AAAAATTCAAAACATGGATTAATATCATTGCGGGACGTAAAAATTTGAAAAAGCAAAGAACGCTAAAGCTATCCAAGCTATCTT  
 GGATGCTTATCACACAGATGAAGTGAAAAAAGTTATCAAAGATACTTCAGCTGATATTCCACAATGG

## SEQ ID NO. 2909: SAG1641 FROM THE JM3190013 GBS TYPE VIII STRAIN

TTCAGCAAGCTCAACTTCAAGTAAAGTTGTTAAAGTTGGTGTATGACCTTTTCTGACACTGAAAAAGCACGTTGGGATAAAATTG  
 AAAAGCTAGTAGGTGATAAAGCTAAAATCAAATTTACAGAATTTACAGATTATACACAACCAAATCAAGCGACAGCCAATAAGGAT

## SEQUENCE LISTING

GTGGATATTAATGCCTTTCAACATTACAATTTCTTAGAAAACCTGGAATAAGGAAAATAAGAAAACTTAATTCCTTGAAGAC  
 TTACTTAGCTCCAATTCGTATCTATTCTGAGAAGGTAAAATCTCTTAAAAAATTGAAAAAGGAGCCACTATTGCAATTCCAAATG  
 ATGCAACAAATGGTAGCCGTGCATTGTATGTCCTTCAGTCAGCAGGTTTAATCAAATTGAATGTTTCTGGTAAGAAGGTTGCAACA  
 GTTGCTAATATCACATCTAATAAAAAGGATATTAATATTAGGAGTTAGATGCGAGTCAAACACCACGTGCACTCAAAGATGTAGA  
 TGCAGCTATTATTAATAATACATACATTGAGCAAGCTAATTTAAACCTTCAGATGCTATCTTTGTTGAGAAATCAGATAAAAT  
 CAAAACAAATGGATTAATATCATTGCGGGACGTAAAAATTGGAAGCAAGCAAGCTAAAGCTATCCAAGCTATCTTGGATGCT  
 TATCACACAGATGAAGTGAAAAAGTTATCAAAGATACTTCAGCTGATATTCACAATGG

## SEQ ID NO. 2910: SAG1641 FROM THE M732 GBS TYPE III STRAIN

AATCAAGAAGTTTCAGCAAGCTCAACTTCAAGTAAAGTTGTTAAAGTTGGTGTATGACCTTTTCTGACACTGAAAAAGCACGTTG  
 GGATAAAATTGAAAAGCTAGTAGGTGATAAAGCTAAAATCAAATTTACAGAATTTACAGATTATACACAACCAAATCAAGCGACAG  
 CCAATAAGGATGTGGATATTAATGCCCTTTCAACATTACAATTTCTTAGAAAACCTGGAATAAGGAAAATAAGAAAACTTAATCCA  
 CTTGAAAAGACTTACTTAGCTCCAATTCGTATCTATTCTGAGAAGGTAAAATCTCTTAAAAAATTGAAAAAGGAGCCACTATTGC  
 AATTCCAAATGATGCAACAAATGGTAGCCGTGCATTGTATGTCCTTCAGTCAGCAGGTTTAATCAAATTGAATGTTTCTGGTAAGA  
 AGGTTGCAACAGTTGCTAATATCACATCTAATAAAAAGGATATTAATATTAGGAGTTAGATGCGAGTCAAACACCACGTGCACTC  
 AAAGATGTAGATGCAGCTATTATTAATAATACATACATTGAGCAAGCTAATTTAAACCTTCAGATGCTATCTTTGTTGAGAAATC  
 AGATAAAATTCAAAACAATGGATTAATATCATTGCGGGACGTAAAAATTGGAAGCAAGCAAGCTAAAGCTATCCAAGCTA  
 TCTTGGATGCTTATCACACAGATGAAGTGAAAAAGTTATCAAAGATACTTCAGCTGATATTCACAATGG

## SEQ ID NO. 2911: SAG1641 FROM THE M781 GBS TYPE III STRAIN

AGTTTCAGCAAGCTCAACTTCAAGTAAAGTTGTTAAAGTTGGTGTATGACCTTTTCTGACACTGAAAAAGCACGTTGGGATAAAA  
 TTGAAAAGCTAGTAGGTGATAAAGCTAAAATCAAATTTACAGAATTTACAGATTATACACAACCAAATCAAGCGACAGCCAAATAG  
 GATGTGGATATTAATGCCCTTTCAACATTACAATTTCTTAGAAAACCTGGAATAAGGAAAATAAGAAAACTTAATTCCTTGA  
 GACTTACTTAGCTCCAATTCGTATCTATTCTGAGAAGGTAAAATCTCTTAAAAAATTGAAAAAGGAGCCACTATTGCAATTC  
 ATGATGCAACAAATGGTAGCCGTGCATTGTATGTCCTTCAGTCAGCAGGTTTAATCAAATTGAATGTTTCTGGTAAGAAGGTTGCA  
 ACAGTTGCTAATATCACATCTAATAAAAAGGATATTAATATTAGGAGTTAGATGCGAGTCAAACACCACGTGCACTCAAAGATGT  
 AGATGCAAGCTATTATTAATAATACATACATTGAGCAAGCTAATTTAAACCTTCAGATGCTATCTTTGTTGAGAAATCAGATAAAA  
 ATTCAAACAATGGATTAATATCATTGCGGGACGTAAAAATTGGAAGCAAGCAAGCTAAAGCTATCCAAGCTATCTGGGAT  
 GCTTATCACACAGATGAAGTGAAAAAGTTATCAAAGATACTTCAGCTGATATTCACAATGG

## &gt;SEQ ID NO 2950: 35\_090 frame: 1

NQEVSSSTSSKVVKVGVMFSDTEKARWDKIEKLVGDKAKIKFTEFTDYTQPNQATANK  
 DVDINAFQHYNFLENWNNKENKNLIPLEKTYLAPIRIYSEKVKSLKLLKKGATIAIPNDA  
 TNGSRALYVLQSAGLIKLVSGKKVATVANITSNKKDINIQLDASQTPRALKDVDAAII  
 NNTYIEQANLKPDAIFVEKSDKNSKQWINIIAGRKNWKKQKNAKAIQAILDAYHTDEVK  
 KVIKDTSDIPQWNPFLY

## &gt;SEQ ID NO 2951: 35\_1169NT frame: 3

QEVSSSTSSKVVKVGVMFSDTEKARWDKIEKLVGDKAKIKFTEFTDYTQPNQATANKD  
 VDINAFQHYNFLENWNNKENKNLIPLEKTYLAPIRIYSEKVKSLKLLKKGATIAIPNDAT  
 NGRALYVLQSAGLIKLVSGKKVATVANITSNKKDINIQLDASQTPRALKDVDAAIIN  
 NNTYIEQANLKPDAIFVEKSDKNSKQWINIIAGRKNWKKQKNAKAIQAILDAYHTDEVK  
 VIKDTSADIPQW

## &gt;SEQ ID NO 2952: 35\_18RS21 frame: 1

NQEVSSSTSSKVVKVGVMFSDTEKARWDKIEKLVGDKAKIKFTEFTDYTQPNQATANK  
 DVDINAFQHYNFLENWNNKENKNLIPLEKTYLAPIRIYSEKVKSLKLLKKGATIAIPNDA  
 TNGSRALYVLQSAGLIKLVSGKKVATVANITSNKKDINIQLDASQTPRALKDVDAAII  
 NNTYIEQANLKPDAIFVEKSDKNSKQWINIIAGRKNWKKQKNAKAIQAILDAYHTDEVK  
 KVIKDTSDIP

## &gt;SEQ ID NO 2953: 35\_2603 frame: 1

NQEVSSSTSSKVVKVGVMFSDTEKARWDKIEKLVGDKAKIKFTEFTDYTQPNQATANK  
 DVDINAFQHYNFLENWNNKENKNLIPLEKTYLAPIRIYSEKVKSLKLLKKGATIAIPNDA  
 TNGSRALYVLQSAGLIKLVSGKKVATVANITSNKKDINIQLDASQTPRALKDVDAAII  
 NNTYIEQANLKPDAIFVEKSDKNSKQWINIIAGRKNWKKQKNAKAIQAILDAYHTDEVK  
 KVIKDTSDIPQW

## &gt;SEQ ID NO 2954: 35\_A909 frame: 1

NQEVSSSTSSKVVKVGVMFSDTEKARWDKIEKLVGDKAKIKFTEFTDYTQPNQATANK  
 DVDINAFQHYNFLENWNNKENKNLIPLEKTYLAPIRIYSEKVKSLKLLKKGATIAIPNDA  
 TNGSRALYVLQSAGLIKLVSGKKVATVANITSNKKDINIQLDASQTPRALKDVDAAII  
 NNTYIEQANLKPDAIFVEKSDKNSKQWINIIAGRKNWKKQKNAKAIQAILDAYHTDEVK  
 KVIKDTSDIPQW

## SEQUENCE LISTING

>SEQ ID NO 2955:35\_CJB110 frame: 2

SKVVKVGVMFSDTEKARWDKIEKLVGDKAKIKFTEFTDYTPNQATANKDVDINAFQHY  
NFLENWNKENKKNLIPIRYSEKVKSLKKLKKGATIAIPNDATNGSRALYVL  
QSAGLIKLVSGKKVATVANITSNKKDINIQLDASQTPRALKDVDAAIINNNTYIEQANL  
KPSDAIFVEKSDKNSKQWINIIAGRKNWKKQKNAKAIQAILDAYHTDEVKKVIKDTSDI  
PQW

>SEQ ID NO 2956:35\_COH1 frame: 2

VSASSTSSKVVKVGVMFSDTEKARWDKIEKLVGDKAKIKFTEFTDYTPNQATANKDVD  
INAFQHYNFLENWNKENKKNLIPIRYSEKVKSLKKLKKGATIAIPNDATNG  
SRALYVLQSAGLIKLVSGKKVATVANITSNKKDINIQLDASQTPRALKDVDAAIINNNT  
YIEQANLKPSDAIFVEKSDKNSKQWINIIAGRKNWKKQKNAKAIQAILDAYHTDEVKKVI  
KDTSDIPQW

>SEQ ID NO 2957:35\_H36B frame: 3

EVSASSTSSKVVKVGVMFSDTEKARWDKIEKLVGDKAKIKFTEFTDYTPNQATANKDV  
DINAFQHYNFLENWNKENKKNLIPIRYSEKVKSLKKLKKGATIAIPNDATN  
GSRALYVLQSAGLIKLVSGKKVATVANITSNKKDINIQLDASQTPRALKDVDAAIINN  
TYIEQANLKPSDAIFVEKSDKNSKQWINIIAGRKNWKKQKNAKAIQAILDAYHTDEVKKV  
IKDTSDIPQW

>SEQ ID NO 2958:35\_JM9130013 frame: 2

SASSTSSKVVKVGVMFSDTEKARWDKIEKLVGDKAKIKFTEFTDYTPNQATANKDVDI  
NAFQHYNFLENWNKENKKNLIPIRYSEKVKSLKKLKKGATIAIPNDATNGS  
RALYVLQSAGLIKLVSGKKVATVANITSNKKDINIQLDASQTPRALKDVDAAIINNNTY  
IEQANLKPSDAIFVEKSDKNSKQWINIIAGRKNWKKQKNAKAIQAILDAYHTDEVKKVI  
KDTSDIPQW

>SEQ ID NO 2959:35\_M732 frame: 1

NQEVSASSTSSKVVKVGVMFSDTEKARWDKIEKLVGDKAKIKFTEFTDYTPNQATANK  
DVDINAFQHYNFLENWNKENKKNLIPIRYSEKVKSLKKLKKGATIAIPNDA  
TNGSRALYVLQSAGLIKLVSGKKVATVANITSNKKDINIQLDASQTPRALKDVDAAI  
NNNTYIEQANLKPSDAIFVEKSDKNSKQWINIIAGRKNWKKQKNAKAIQAILDAYHTDEV  
KVIKD

>SEQ ID NO 2960:35\_M781 frame: 2

VSASSTSSKVVKVGVMFSDTEKARWDKIEKLVGDKAKIKFTEFTDYTPNQATANKDVD  
INAFQHYNFLENWNKENKKNLIPIRYSEKVKSLKKLKKGATIAIPNDATNG  
SRALYVLQSAGLIKLVSGKKVATVANITSNKKDINIQLDASQTPRALKDVDAAIINNNT  
YIEQANLKPSDAIFVEKSDKNSKQWINIIAGRKNWKKQKNAKAIQAIWDAYHTDEVKKVI  
KDTSDIPQW

SEQ ID NO. 3001: SAG2147 FROM THE 1169NT1 GBS TYPE V STRAIN  
(REVERSE COMPLEMENT)

AAAAGTTCACAAGTTACTACTGAATCTTTGTCAAAGCAGATAAAGTTCGCGTAGCC  
AAAAAATCAAAAATGACTAAGGCGACATCTAAATCAAAAGTAGAAGATGTAAACAGGCT  
CCAAAACCTTCTCAGGCATCTAATGAAGTCCCAAAATCAAGTTCTCAATCTACAGAAGCT  
AATTCAGCAACAAGTTACTGCGAGTGAAGAGGCGGCTGTAGAACAAGCAGTTGTAACA  
GAAAATACCCCTGCTACAGTCAGGCACAACAACAACTTATGCTGTTACTGAGACAACCTAC  
AAACCTGCTCAACACCAGACAAGTGGCCAAGTATTGAGCAATGGAAATACTGCAGGGGCG  
GTCGGATCTGCTGCTGCAGCACAAATGGCTGCTGCAACAGGAGTCCCTCAGTCTACTTGG  
GAACATATTATTGCCCCGTAATCAAATGGTAATCCTAATGTTGCTAATGCCTCAGGAGCT  
TCAGGACTTTTCCAAACGATGCCAGGTTGGGGTTCAACAGCTACAGTTCAAGGATCAAGTT  
AATTCAGCTATTAAAGCTTATCGTGCTCAAGGTTTATCAGCTTGGGGTTAC

SEQ ID NO. 3002: SAG2147 FROM THE 18RS21 GBS TYPE II STRAIN  
(REVERSE COMPLEMENT)

AAAAGTTCACAAGTTACTACTGAATCTTTGTCAAAGCAGATAAAGTTC  
GCGTAGCCAAAAAATCAAAAATGACTAAGGCGACATCTAAATCAAAAGTAGAAGATGTAA  
AACAGGCTCCAAAACCTTCTCAGGCATCTAATGAAGCCCCAAATCAAGTTCTCAATCTA  
CAGAAGCTAATTCAGCAACAAGTTACTGCGAGTGAAGAGGCGAGCTGTAGAACAAGCAG  
TTGTAACAGAAAACCCCTGCTACAGTCAGGCACAACAAGCTTATGCTGTTACTGAGA  
CAACTTATAGACTGCTCAACACCAGACGAGTGGCCAAGTATTGAGTAATGGAAATACTG



## SEQUENCE LISTING

CAGGGGCTATTGGCTCAGCAGCTGCAGCACAAATGGCTGCTGCAACAGGAGTCCCTCAGT  
CTACTTGGGAACATATATTGCCCCGTGAATCAAATGGTAATCCTAATGTTGCTAATGCCT  
CAGGAGCTTCAGGACTTTTCAAACGATGCCAGGTTGGGGTTCAACAGCTACAGTTCAGG  
ATCAAGTTAATTCAGCTATTAAAGCTTATCGTGCTCAAGGTTTATCAGCTTGGGGTTAC

SEQ ID NO. 3003: SAG2147 FROM THE 2603 V/R GBS TYPE V STRAIN  
(REVERSE COMPLEMENT)

AAAAGTTCACAAGTTACTACTGAATCTTTGTCAAAAGCAGATAAAGT  
TCGCGTAGCCAAAAATCAAAATGACTAAGGCGACATCTAAATCAAAAGTAGAAGATGT  
AAAACAGGCTCCAAAACCTTCTCAGGCATCTAATGAAGCCCCAAAATCAAGTTCTCAATC  
TACAGAAGCTAATTCTCAGCAACAAGTTACTGCGAGTGAAGAGGCAGCTGTAGAACAAGC  
AGTTGTAACAGAAAAACCCCTGCTACCAGTCAGGCACAACAAGCTTATGCTGTTACTGA  
GACAACCTATAGACCTGCTCAACACCAGACGAGTGGCCAAGTATTGAGTAATGGAAATAC  
TGCAGGGGCTATTGGCTCAGCAGCTGCAGCACAAATGGCTGCTGCAACAGGAGTCCCTCA  
GTCTACTTGGGAACATATATTGCCCCGTGAATCAAATGGTAATCCTAATGTTGCTAATGC  
CTCAGGAGCTTCAGGACTTTTCAAACGATGCCAGGTTGGGGTTCAACAGCTACAGTTCAG  
GGATCAAGTTAATTCAGCTATTAAAGCTTATCGTGCTCAAGGTTTATCAGCTTGGGGTTA  
C

SEQ ID NO. 3004: SAG2147 FROM THE 090 GBS TYPE Ia STRAIN  
(REVERSE COMPLEMENT)

TAGCCAAAAATCAAAAATGATTAAGGCGACATCTAAATCAAAAGTAGAAGATGTAAAAC  
AGGCTCCAAAACCTTCTCAGGCATCTAATGAAGCCCCAAAATCAAGTTCTCAATCTACAG  
AAGCTAATTCTCAGCAACAAGTTACTGCGAGTGAAGAGGCAGCTGTAGAACAAGCAGTTG  
TAACAGAAAAACCCCTGCTACCAGTCAGGCACAACAAGCTTATGCTGTTACTGAGACAA  
CTTATAGACCTGCTCAACACCAGACGAGTGGCCAAGTATTGAGTAATGGAAATACTGCAG  
GGGCTATTGGCTCAGCAGCTGCAGCACAAATGGCTGCTGCAACAGGAGTCCCTCAGTCTA  
CTTGGGAACATATTATTGCCCCGTGAATCAAATGGTAATCCTAATGTTGCTAATGCCTCAG  
GAGCTTCAGGACTTTTCAAACGATGCCAGGTTGGGGTTCAACAGCTACAGTTCAGGA

SEQ ID NO. 3005: SAG2147 FROM THE A909 GBS TYPE Ia STRAIN  
(REVERSE COMPLEMENT)

AAGGCGACATCTAAATCAAAAGTAGAAGATGTAAAACAGGCTCCAAAACCTTCTCAGGCA  
TCTAATGAAGCCCCAAAATCAAGTTCTCAATCTACAGAAGCTAATTCTCAGCAACAAGTT  
ACTGCGAGTGAAGAGGCAGCTGTAGAACAAGCAGTTGTAACAGAAAAACCCCTGCTACC  
AGTCAGGCACAACAAGCTTATGCTGTTACTGAGACAACCTTATAGACCTGCTCAACACCAG  
ACAAGTGGCCAAGTATTGAGTAATGGAAATACTGCAGGGGCTATTGGCTCAGCAGCTGCA  
GCACAAATGGCTGCTGCAACAGGAGTCCCTCAGTCTACTTGGGAACATATTATTGCCCCGT  
GAATCAAATGGTAATCCTAATGTTGCTAATGCCTCAGGAGCTTCAGGACTTTTCAAACG  
ATGCCAGGTTGGGGTTCAACAGCTACAGTTCAGAATCAAGTTAATTCAGCTATTAAAGCT  
TATCGTGCTCAAGGTTTATCA

SEQ ID NO. 3006: SAG2147 FROM THE CJB110 GBS NONTYPEABLE STRAIN  
(REVERSE COMPLEMENT)

AATCTTTGTCAAAAGCAGATAAAGTTTCGCGTAGCCAAAAATCAAAAATGACTAAGGCGA  
CATCTAAATCAAAAGTAGAAGATGTAAAACAGGCTCCAAAACCTTCTCAGGCATCTAATG  
AAGCCCCAAAATCAAGTTCTCAATCTACAGAAGCTAATTCTCAGCAACAAGTTACTGCGA  
GTGAAGAGGCAGCTGTAGAACAAGCAGTTGTAACAGAAAAACCCCTGCTACCAGTCAGG  
CACAAACAGCTTATGCTGTTACTGAGACAACCTTATAGACCTGCTCAACACCAGACGAGTG  
GCCAAGTATTGAGTAATGGAAATACTGCAGGGGCTATTGGCTCAGCAGCTGCAGCACAAA  
TGGCTGCTGCAACAGGAGTCCCTCAGTCTACTTGGGAACATATTATTGCCCCGTGAATCAA  
ATGGTAATCCTAATGTTGCTAATGCCTCAGGAGCTTCAGGACTTTTCAAACGATGCCAG  
GTTGGGGTTCAACAGCTACAGTTCAGGATCAAGTTAATTCAGCTATTAAAGCTTATCGTG  
CTCAAGGTTTATCAGCTTGGGGTTAC

SEQ ID NO. 3007: SAG2147 FROM THE COH1 GBS TYPE III STRAIN  
(REVERSE COMPLEMENT)

AAAAGTTCACAAGTTACTACTGAATCTTTGTCAAAAGCAGATAA  
AGTTTCGCGTAGCCAAAAATCAAAAATGACTAAGGCGACATCTAAATCAAAAGTAGAAGA  
TGTAACAGGCTCCAAAACCTTCTCAGGCATCTAATGAAGCCCCAAAATCAAGTTCTCA  
ATCTACAGAAGCTAATTCTCAGCAACAAGTTACTGCGAGTGAAGAGGCGGCTGTAGAACA  
AGCAGTTGTAACAGAAAAATCCCTGCTACCAGTCAGGCACAACAACCTTATGCTGTTAC  
TGAGACAACCTTACAAAACCTGCTCAACACCAGACAAGTGGCCAAGTATTGAGCAATGGAAA  
TACTGCAGGGGCGGTCGATCTGCTGCTGCAGCACAAATGGCTGCTGCAACAGGAGTCCC

## SEQUENCE LISTING

TCAGTCTACTTGGGAACATATTATTGCCCCGTGAATCAAATGGTAATCCTAATGTTGCTAA  
TGCCTCAGGAGCTTCAGGACTTTTCCAAACGATGCCAGGTTGGGGTTCAACAGCTACAGT  
TCAGGATCAAGTTAATTTCAGCTATTAAAGCTTATCGTGCTCAAGGTTTATCAGCTTGGGG  
TTAC

**SEQ ID NO. 3008: SAG2147 FROM THE H36b GBS TYPE Ib STRAIN  
(REVERSE COMPLEMENT)**

AAAAGTTCACAAGTTACTACTGAATCTTTGTCAAAAGC  
AGATAAAGTTCGCGTAGCCAAAAATCAAAATGACTAAGGCGACATCTAAATCAAAAGT  
AGAAGATGTAAAACAGGCTCCAAACCTTCTCAGGCATCTAATGAAGCCCCAAATCAAG  
TTCTCAATCTACAGAAGCTAATTCTCAGCAACAAGTTACTGCGAGTGAAGAGGCAGCTGT  
AGAACAAGCAGTTGTAAACAGAAAAACCCCTGCTACCAGTCAGGCACAACAAGCTTATGC  
TGTTACTGAGACAACCTTATAGACCTGCTCAACACCAGACAAGTGGCCAAGTATTGAGTAA  
TGGAATACTGCAGGGGCTATTGGCTCAGCAGCTGCAGCACAATGGCTGCTGCAACAGG  
AGTCCCTCAGTCTACTTGGGAACATATTATTGCCCCGTGAATCAAATGGTAATCCTAATGT  
TGCTAATGCCTCAGGAGCTTCAGGACTTTTCCAAACGATGCCAGGTTGGGGTTCAACAGC  
TACAGTTCAGGATCAAGTTAATTTCAGCTATTAAAGCTT

**SEQ ID NO. 3009: SAG2147 FROM THE M732 GBS TYPE III STRAIN  
(REVERSE COMPLEMENT)**

AAAAGTTCACAAGTTACTACTGAATCTTTGTCAAAAGCAGATAAAGTTCGCGTAGC  
CAAAAAATCAAAAATGACTAAGGCGACATCTAAATCAAAAGTAGAAGATGTAAAACAGGC  
TCCAAACCTTCTCAGGCATCTAATGAAGCCCCAAATCAAGTTCTCAATCTACAGAAGC  
TAATTCTCAGCAACAAGTTACTGCGAGTGAAGAGGCGCTGTAGAACAAGCAGTTGTAAAC  
AGAAAATACCCCTGCTACCAGTCAGGCACAACAACTTATGCTGTTACTGAGACAACCTTA  
CAAACCTGCTCAACACCAGACAAGTGGCCAAGTATTGAGCAATGGAATACTGCAGGGGC  
GGTCGGATCTGCTGCTGCAGCACAATGGCTGCTGCAACAGGAGTCCCTCAGTCTACTTG  
GGAACATATTATTGCCCCGTGAATCAAATGGTAATCCTAATGTTGCTAATGCCTCAGGAGC  
TTCAGGACTTTTCCAAACGATGCCAGGTTGGGGTTCAACAGCTACAGTTCAGGATCAAGT  
TAATTCAGCTATTAAAGCTTATCGTGCTCAAGGTTTATCAGCTTGGGGTTA

**SEQ ID NO. 3010: SAG2147 FROM THE M781 GBS TYPE III STRAIN  
(REVERSE COMPLEMENT)**

GTAACCCCAAGCTGATAAACCTTGAGCAGGATAAGCTTTAATAGCTGAATTAACCTTGATC  
CTGAAGTGTAGCTGTTGAACCCCAACCTGGCATCGTTTGGAAAAGTCCTGAAGCTCCTGA  
GGCATTAGCAACATTAGGATTACCATTTGATTACGGGCAATAATATGTTCCCAAGTAGA  
CTGAGGGACTCCTGTTGCAGCAGCCATTTGTGCTGCAGCAGCAGATCCGACCGCCCCTGC  
AGTATTTCCATTGCTCAATACTTGGCCACTTGTCTGGTGTGAGCAGGTTTGTAAAGTTGT  
CTCAGTAACAGCATAAGTTTGTGCTGCTGACTGGTAGCAGGGGTATTTCTGTTACAAC  
TGCTTGTCTCAGCGCCCTCTTCACTCGCAGTAACCTTGTGCTGAGAATTAGCTTCTGT  
AGATTGAGAAGTTGATTTTGGGGCTTCATTAGATGCCTGAGAAGGTTTGGAGCCTGTTT  
TACATCTTCTACTTTTGATTTAGATGTCGCCTTAGTCATTTTGTATTTTGGCTACGCG  
AACTTTATCTGCTTTTGACAAAGA

**>SEQ ID NO 3050: 25\_1169NT frame: 1**

KSSQVTTESLSKADKVRVAKKSKMTKATSKSKVEDVKQAPKPSQASNEVPKSSSQSTEAN  
SQQQVTASEEAAVEQAVVTENTPATSSQAQQTAYAVTETTYKPAQHQTSGQVLSNGNTAGAV  
GSAAAAQMAAATGVPQSTWEHIIARESNGNPNVANASGASGLFQTMPGWGSTATVQDQVN  
SAIKAYRAQGLSAWGY

**>SEQ ID NO 3051:25\_18RS21 frame: 1**

KSSQVTTESLSKADKVRVAKKSKMTKATSKSKVEDVKQAPKPSQASNEAPKSSSQSTEAN  
SQQQVTASEEAAVEQAVVTENTPATSSQAQQAYAVTETTYRPAQHQTSGQVLSNGNTAGAI  
GSAAAAQMAAATGVPQSTWEHIIARESNGNPNVANASGASGLFQTMPGWGSTATVQDQVN  
SAIKAYRAQGLSAWGY

**>SEQ ID NO 3052:25\_2603 frame: 1**

KSSQVTTESLSKADKVRVAKKSKMTKATSKSKVEDVKQAPKPSQASNEAPKSSSQSTEAN  
SQQQVTASEEAAVEQAVVTENTPATSSQAQQAYAVTETTYRPAQHQTSGQVLSNGNTAGAI  
GSAAAAQMAAATGVPQSTWEHIIARESNGNPNVANASGASGLFQTMPGWGSTATVQDQVN  
SAIKAYRAQGLSAWGY

**>SEQ ID NO 3053:25\_090 frame: 3**

AKSKMIKATSKSKVEDVKQAPKPSQASNEAPKSSSQSTEANSQQQVTASEEAAVEQAVV

## SEQUENCE LISTING

TENTPATSQAAQYAVTETTYRPAQHQTSGQVLSNGNTAGAIQSAAAAQMAAATGVPQST  
WEHIIARESNPNVANASGASGLFQTMPGWGSTATVQ

>SEQ ID NO 3054:25\_A909 frame: 1

KATSKSKVEDVKQAPKPSQASNEAPKSSSQSTEANSQQQVTASEEAAVEQAVVTENTPAT  
SQAQYAVTETTYRPAQHQTSGQVLSNGNTAGAIQSAAAAQMAAATGVPQSTWEHIIAR  
ESNGNPNVANASGASGLFQTMPGWGSTATVQNVNSAIKAYRAQGLS

>SEQ ID NO 3055:25\_CJB110 frame: 3

SLSKADKVRVAKKSKMTKATSKSKVEDVKQAPKPSQASNEAPKSSSQSTEANSQQQVTAS  
EEAAVEQAVVTENTPATSQAAQYAVTETTYRPAQHQTSGQVLSNGNTAGAIQSAAAAQMA  
AAATGVPQSTWEHIIARESNPNVANASGASGLFQTMPGWGSTATVQDQVNSAIKAYRA  
QGLSAWGY

>SEQ ID NO 3056:25\_COH1 frame: 1

KSSQVTTESLSKADKVRVAKKSKMTKATSKSKVEDVKQAPKPSQASNEAPKSSSQSTEAN  
SQQVVTASEEAAVEQAVVTENTPATSQAAQTYAVTETTYKPAQHQTSGQVLSNGNTAGAV  
GSAAAAQMAAATGVPQSTWEHIIARESNPNVANASGASGLFQTMPGWGSTATVQDQVN  
SAIKAYRAQGLSAWGY

>SEQ ID NO 3057:25\_H36B frame: 1

KSSQVTTESLSKADKVRVAKKSKMTKATSKSKVEDVKQAPKPSQASNEAPKSSSQSTEAN  
SQQVVTASEEAAVEQAVVTENTPATSQAAQYAVTETTYRPAQHQTSGQVLSNGNTAGAI  
GSAAAAQMAAATGVPQSTWEHIIARESNPNVANASGASGLFQTMPGWGSTATVQDQVN  
SAIKA

>SEQ ID NO 3058:25\_M732 frame: 1

KSSQVTTESLSKADKVRVAKKSKMTKATSKSKVEDVKQAPKPSQASNEAPKSSSQSTEAN  
SQQVVTASEEAAVEQAVVTENTPATSQAAQTYAVTETTYKPAQHQTSGQVLSNGNTAGAV  
GSAAAAQMAAATGVPQSTWEHIIARESNPNVANASGASGLFQTMPGWGSTATVQDQVN  
SAIKAYRAQGLSAWGY

>SEQ ID NO 3059:25\_M781 frame: 4

SLSKADKVRVAKKSKMTKATSKSKVEDVKQAPKPSQASNEAPKSSSQSTEANSQQQVTAS  
EEAAVEQAVVTENTPATSQAAQTYAVTETTYKPAQHQTSGQVLSNGNTAGAVGSAAAAQM  
AAATGVPQSTWEHIIARESNPNVANASGASGLFQTMPGWGSTATVQDQVNSAIKAYRA  
QGLSAWGY

SEQ ID NO. 3101: SAG2148 FROM THE 1169NT1 GBS TYPE V STRAIN

GCATCTTATACCGTGAAATCAGGTGATACCTTATCAGCTATTGCTAAAAATCATAAACTACGGTACAAGAGTTAGTGTCTCTCAA  
TAGTATCAGTAACGCTGATGTCATCAGTATAGGTGATGTTTTAAATTTGGATAATTCTACAGCTAGTCAAGCAGAAGCAAAATCTC  
AACCAACAATTGAAAATTCATGAATTCCTCATCAAATTTGAGTTCAAGTGATTTCAGCTGCAAAAGAAGAAATAGCTCGTCGTGAA  
TCAAATGGTAGTTATACTGCACAGAATGGACAATATTATGGAAGATATCAACTGTCTCAATCTTACCTAAATGGCGACTTATCTCC  
TGAAAATCAAGAAAAAGTAGCGGACAATTATGTGGCTTCTCGTTACGGATCTTGGTCGGCAGCGCTATCATTTTGAATAGTAACG  
GCTGGTAT

SEQ ID NO. 3102: SAG2148 FROM THE 18RS21 GBS TYPE II STRAIN

GCATCTTATACCGTGAAATCAGGTGATACCTTATCAGCTATTGCTAAAAATCATAAACTACGGTACAAGAGTTAGTGTCTCTCAA  
TAGTATCAGTAACGCTGATGTCATCAGTATAGGTGATGTTTTAAATTTGGATAATTCTACAGCTAGTCAAGCAGAAGCAAAATCTC  
AACCAACAATTGAAAATTCATGAATTCCTCATCAAATTTGAGTTCAAGTGATTTCAGCCGCAAAAGAAGAAATAGCTCGTCGTGAA  
TCAAATGGTAGTTATACTGCACAGAATGGACAATATTATGGAAGATATCAACTGTCTCAATCTTACCTAAATGGCGACTTATCTCC  
TGAAAATCAAGAAAAAGTAGCGGACAATTATGTGGTTTCTCGTTACGGATCTTGGTCGGCAGCGCTATCATTTTGAATAGTAACG  
GCTGGTAT

SEQ ID NO. 3103: SAG2148 FROM THE 2603 V/R GBS TYPE V STRAIN

GCATCTTATACCGTGAAATCAGGTGATACCTTATCAGCTATTGCTAAAAATCATAAACTACGGTACAAGAGTTAGTGTCTCTCAA  
TAGTATCAGTAACGCTGATGTCATCAGTATAGGTGATGTTTTAAATTTGGATAATTCTACAGCTAGTCAAGCAGAAGCAAAATCTC  
AACCAACAATTGAAAATTCATGAATTCCTCATCAAATTTGAGTTCAAGTGATTTCAGCCGCAAAAGAAGAAATAGCTCGTCGTGAA  
TCAAATGGTAGTTATACTGCACAGAATGGACAATATTATGGAAGATATCAACTGTCTCAATCTTACCTAAATGGCGACTTATCTCC  
TGAAAATCAAGAAAAAGTAGCGGACAATTATGTGGTTTCTCGTTACGGATCTTGGTCGGCAGCGCTATCATTTTGAATAGTAACG  
GCTGGTAT

SEQ ID NO. 3104: SAG2148 FROM THE 090 GBS TYPE Ia STRAIN

## SEQUENCE LISTING

GCATCTTATACCGTGAAATCAGGTGATACCTTATCAGCTATTGCTAAAAATCATAAACTACGGTACAAGAGTTAGTGTCTCTCAA  
TAGTATCAGTAACGCTGATGTCATCAGTATAGGTGATGTTTTAAATTTGGATAATTCTAAAGCTAGTCAAGCAGAAGCAAAATCTC  
AACCAACAATTGAAAATTCAATGAATTTCTTCATCAAATTTGAGTTCAAGTGATTTCAGCCGCAAAAGAAGAAATAGCTCGTCGTGAA  
TCAAATGGTAGTTTACTGCACAGAATGGACAATATTATGGAAGATATCAACTGTCTCAATCTTACCTAAATGGCGACTTATCTCC  
TGAAAATCAAGAAAAAGTAGCGGACAATTATGTGGTTTCTCGTTACGGATCTTGGTCGGCAGCGCTATCATTTTGAATAGTAACG  
GCTGGTAT

## SEQ ID NO. 3105: SAG2148 FROM THE A909 GBS TYPE Ia STRAIN

GCATCTTATACCGTGAAATCAGGTGATACCTTATCAGCTATTGCTAAAAATCATAAACTACGGTACAAGAGTTAGTGTCTCTCAA  
TAGTATCAGTAACGCTGATGTCATCAGTATAGGTGATGTTTTAAATTTGGATAATTCTAAAGCTAGTCAAGCAGAAGCAAAATCTC  
AACCAACAATTGAAAATTCAATGAATTTCTTCATCAAATTTGAGTTCAAGTGATTTCAGCCGCAAAAGAAGAAATAGCTCGTCGTGAA  
TCAAATGGTAGTTTACTGCACAGAATGGACAATATTATGGAAGATATCAACTGTCTCAATCTTACCTAAATGGCGACTTATCTCC  
TGAAAATCAAGAAAAAGTAGCGGACAATTATGTGGCTTCTCGTTACGGATCTTGGTCGGCAGCGCTATCATTTTGAATAGTAACG  
GCTGGTAT

## SEQ ID NO. 3106: SAG2148 FROM THE CJB110 GBS NONTYPEABLE STRAIN

GCATCTTATACCGTGAAATCAGGTGATACCTTATCAGCTATTGCTAAAAATCATAAACTACGGTACAAGAGTTAGTGTCTCTCAA  
TAGTATCAGTAACGCTGATGTCATCAGTATAGGTGATGTTTTAAATTTGGATAATTCTAAAGCTAGTCAAGCAGAAGCAAAATCTC  
AACCAACAATTGAAAATTCAATGAATTTCTTCATCAAATTTGAGTTCAAGTGATTTCAGCCGCAAAAGAAGAAATAGCTCGTCGTGAA  
TCAAATGGTAGTTTACTGCACAGAATGGACAATATTATGGAAGATATCAACTGTCTCAATCTTACCTAAATGGCGACTTATCTCC  
TGAAAATCAAGAAAAAGTAGCGGACAATTATGTGGTTTCTCGTTACGGATCTTGGTCGGCAGCGCTATCATTTTGAATAGTAACG  
GCTGGTAT

## SEQ ID NO. 3107: SAG2148 FROM THE COH1 GBS TYPE III STRAIN

GCATCTTATACCGTGAAATCAGGTGATACCTTATCAGCTATTGCTAAAAATCATAAACTACGGTACAATAGTTAGTGTCTCTCAA  
TAGTATCAGTAACGCTGATGTCATCAGTATAGGTGATGTTTTAAATTTGGATAATTCTACAGCTAGTCAAGCAGAAGCAAAATCTC  
AACCAACAATTGAAAATTCAATGAATTTCTTCATCAAATTTGAGTTCAAGTGATTTCAGCTGCAAAAGAAGAAATAGCTCGTCGTGAA  
TCAAATGGTAGTTTACTGCACAGAATGGACAATATTATGGAAGATATCAACTGTCTCAATCTTACCTAAATGGCGACTTATCTCC  
TGAAAATCAAGAAAAAGTAGCGGACAATTATGTGGCTTCTCGTTACGGATCTTGGTCGGCAGCGCTATCATTTTGAATAGTAACG  
GCTGGTAT

## SEQ ID NO. 3108: SAG2148 FROM THE H36b GBS TYPE Ib STRAIN

(REVERSE COMPLEMENT)

GCATCTTATACCGTGAAATCAGGTGATACCTTATCAGCTATTGCTAAAAATCATAAACTACGGTACAAGAGTTAGTGTCTCTCAA  
TAGTATCAGTAACGCTGATGTCATCAGTATAGGTGATGTTTTAAATTTGGATAATTCTACAGCTAGTCAAGCAGAAGCAAAATCTC  
AACCAACAATTGAAAATTCAATGAATTTCTTCATCAAATTTGAGTTCAAGTGATTTCAGCCGCAAAAGAAGAAATAGCTCGTCGTGAA  
TCAAATGGTAGTTTACTGCACAGAATGGACAATATTATGGAAGATATCAACTGTCTCAATCTTACCTAAATGGCGACTTATCTCC  
TGAAAATCAAGAAAAAGTAGCGGACAATTATGTGGCTTCTCGTTACGGATCTTGGTCGGCAGCGCTATCATTTTGAATAGTAACG  
GCTGGTAT

## SEQ ID NO. 3109: SAG2148 FROM THE JM9130013 GBS TYPE VIII STRAIN

(REVERSE COMPLEMENT)

GCATCTTATACCGTGAAATCAGGTGATACCTTATCAGCTATTGCTAAAAATCATAAACTACGGTACAAGAGTTAGTGTCTCTCAA  
TAGTATCAGTAACGCTGACGTCATCAGTATAGGTGATGTTTTAAATTTGGATAATTCTACAACTAGTCAAGCAGAAGCAAAATCTC  
AACCAACAATTGAAAATTCAATGAATTTCTTCATCAAATTTGAGTTCAAGTGATTTCAGCCGCAAAAGAAGAAATAGCTCGTCGTGAA  
TCAAATGGTAGTTTACTGCACAGAATGGACAATATTATGGAAGATATCAACTGTCTCAATCTTACCTAAATGGCGACTTATCTCC  
TGAAAATCAAGAAAAAGTAGCGGACAATTATGTGGCTTCTCGTTACGGATCTTGGTCGGCAGCGCTATCATTTTGAATAGTAACG  
GCTGGTAT

## SEQ ID NO. 3110: SAG2148 FROM THE M732 GBS TYPE III STRAIN

GCATCTTATACCGTGAAATCAGGTGATACCTTATCAGCTATTGCTAAAAATCATAAACTACGGTACAATAGTTAGTGTCTCTCAA  
TAGTATCAGTAACGCTGATGTCATCAGTATAGGTGATGTTTTAAATTTGGATAATTCTACAGCTAGTCAAGCAGAAGCAAAATCTC  
AACCAACAATTGAAAATTCAATGAATTTCTTCATCAAATTTGAGTTCAAGTGATTTCAGCTGCAAAAGAAGAAATAGCTCGTCGTGAA  
TCAAATGGTAGTTTACTGCACAGAATGGACAATATTATGGAAGATATCAACTGTCTCAATCTTACCTAAATGGCGACTTATCTCC  
TGAAAATCAAGAAAAAGTAGCGGACAATTATGTGGCTTCTCGTTACGGATCTTGGTCGGCAGCGCTATCATTTTGAATAGTAACG  
GCTGGTAT

## SEQ ID NO. 3111: SAG2148 FROM THE M781 GBS TYPE III STRAIN

(REVERSE COMPLEMENT)

GCATCTTATACCGTGAAATCAGGTGATACCTTATCAGCTATTGCTAAAAATCATAAACTACGGTACAATAGTTAGTGTCTCTCAA  
TAGTATCAGTAACGCTGATGTCATCAGTATAGGTGATGTTTTAAATTTGGATAATTCTACAGCTAGTCAAGCAGAAGCAAAATCTC  
AACCAACAATTGAAAATTCAATGAATTTCTTCATCAAATTTGAGTTCAAGTGATTTCAGCTGCAAAAGAAGAAATAGCTCGTCGTGAA  
TCAAATGGTAGTTTACTGCACAGAATGGACAATATTATGGAAGATATCAACTGTCTCAATCTTACCTAAATGGCGACTTATCTCC

## SEQUENCE LISTING

TGAAAATCAAGAAAAAGTAGCGGACAATTATGTGGCTTCTCGTTACGGATCTTGGTCGGCAGCGCTATCATTTTGGAAATAGTAACG  
GCTGGTAT

>SEQ ID NO 3150:15\_1169NT frame: 1  
ASYTVKSGDTLSAIAKNHKTTVQELVSLNSISNADVISIGDVLKLDNSTASQAEAKSQPT  
IENSMNSSSNLSSSDSAAKEEIIARRESNGSYTAQNGQYYGRYQLSQSYLNGDLSPENQEK  
VADNYVASRYGWSAALSFWNSNGWY

>SEQ ID NO 3151:15\_18RS21 frame: 1  
ASYTVKSGDTLSAIAKNHKTTVQELVSLNSISNADVISIGDVLKLDNSTASQAEAKSQPT  
IENSMNSSSNLSSSDSAAKEEIIARRESNGSYTAQNGQYYGRYQLSQSYLNGDLSPENQEK  
VADNYVVSRYGWSAALSFWNSNGWY

>SEQ ID NO 3152:15\_2603 frame: 1  
ASYTVKSGDTLSAIAKNHKTTVQELVSLNSISNADVISIGDVLKLDNSTASQAEAKSQPT  
IENSMNSSSNLSSSDSAAKEEIIARRESNGSYTAQNGQYYGRYQLSQSYLNGDLSPENQEK  
VADNYVVSRYGWSAALSFWNSNGWY

>SEQ ID NO 3153:15\_090 frame: 1  
ASYTVKSGDTLSAIAKNHKTTVQELVSLNSISNADVISIGDVLKLDNSKASQAEAKSQPT  
IENSMNSSSNLSSSDSAAKEEIIARRESNGSYTAQNGQYYGRYQLSQSYLNGDLSPENQEK  
VADNYVVSRYGWSAALSFWNSNGWY

>SEQ ID NO 3154:15\_A909 frame: 1  
ASYTVKSGDTLSAIAKNHKTTVQELVSLNSISNADVISIGDVLKLDNSTASQAEAKSQPT  
IENSMNSSSNLSSSDSAAKEEIIARRESNGSYTAQNGQYYGRYQLSQSYLNGDLSPENQEK  
VADNYVASRYGWSAALSFWNSNGWY

>SEQ ID NO 3155:15\_CJB110 frame: 1  
ASYTVKSGDTLSAIAKNHKTTVQELVSLNSISNADVISIGDVLKLDNSKASQAEAKSQPT  
IENSMNSSSNLSSSDSAAKEEIIARRESNGSYTAQNGQYYGRYQLSQSYLNGDLSPENQEK  
VADNYVVSRYGWSAALSFWNSNGWY

>SEQ ID NO 3156:15\_COH1 frame: 1  
ASYTVKSGDTLSAIAKNHKTTVQ.LVSLNSISNADVISIGDVLKLDNSTASQAEAKSQPT  
IENSMNSSSNLSSSDSAAKEEIIARRESNGSYTAQNGQYYGRYQLSQSYLNGDLSPENQEK  
VADNYVASRYGWSAALSFWNSNGWY

>SEQ ID NO 3157:15\_H36B frame: 1  
ASYTVKSGDTLSAIAKNHKTTVQELVSLNSISNADVISIGDVLKLDNSTASQAEAKSQPT  
IENSMNSSSNLSSSDSAAKEEIIARRESNGSYTAQNGQYYGRYQLSQSYLNGDLSPENQEK  
VADNYVASRYGWSAALSFWNSNGWY

>SEQ ID NO 3158:15\_JM9130013 frame: 1  
ASYTVKSGDTLSAIAKNHKTTVQELVSLNSISNADVISIGDVLKLDNSTTSQAEAKSQPT  
IENSMNSSSNLSSSDSAAKEEIIARRESNGSYTAQNGQYYGRYQLSQSYLNGDLSPENQEK  
VADNYVASRYGWSAALSFWNSNGWY

>SEQ ID NO 3159:15\_M732 frame: 1  
ASYTVKSGDTLSAIAKNHKTTVQ.LVSLNSISNADVISIGDVLKLDNSTASQAEAKSQPT  
IENSMNSSSNLSSSDSAAKEEIIARRESNGSYTAQNGQYYGRYQLSQSYLNGDLSPENQEK  
VADNYVASRYGWSAALSFWNSNGWY

>SEQ ID NO 3160:15\_M781 frame: 1  
ASYTVKSGDTLSAIAKNHKTTVQ.LVSLNSISNADVISIGDVLKLDNSTASQAEAKSQPT  
IENSMNSSSNLSSSDSAAKEEIIARRESNGSYTAQNGQYYGRYQLSQSYLNGDLSPENQEK  
VADNYVASRYGWSAALSFWNSNGWY

SEQ ID NO 4001 : SAG0653 FROM THE 2603 V/R GBS TYPE V STRAIN  
ATGAAGAAAGTGTTAGTGAGTAGTCTTTTGGTTTATAGGGATTACGATA  
ACGTTACAAACAGTAGTTGAGGCTAAGGGGCCAAAAGTAGCTTATACACAAGAGGGAATG  
ACTGCTCTTTCCGACACAAATAAAGATAAAGTCACTACTATTTCTATTGACGAGATTCAA  
AAAAGCTTAGAAGGTAAGAAGCCGATTACTGTTAGTTTGTATTTGATGATACACTGCTT  
TTCAGTAGTCAATATTTTCAATATGGTAAAGAATATGTAACCTCCTGGATCGTTTGATTTT

## SEQUENCE LISTING

CTTCATAAAACAAAATTCTGGGATCTTGTTGCAAAACGAGGAGATCAAGATTCCATTCCC  
 AAAGAATATGCTAAAAAATTAATTGCTATGCATCAAAAACGAGGAGATAAAATTGTTTTT  
 ATAACAGGTAGGACAAAGAGGGTCAATGTATAAGGAGGCGAGGTTGATAAAACAGCTAAA  
 GCCTTAGCTAAAGATTTTAAATTAGACAAACCAATTGCTGTAAATTATACAGGCGATAAA  
 CCTAAAAAGCCATACAAATATGATAAATCATATTATTAAGAAATATGGTTCAGACATT  
 CATTATGGAGATAGTGATGACGATATTCATGCAGCTAGGGAGGCCGGTGCTAGACCAATT  
 AGAATTTTAAGAGCACCTAATTCTACAAATCTACCTTTACCAGAAGCTGGAGGCTACGGT  
 GAAGAGGTTCTCGAAAATTCAGCTTAC

## SEQ ID NO 4002 : SAG0653 FROM THE 090 GBS TYPE III STRAIN

AAGGGGCCAAAAGTAGCTTATACACAAGAGGGAATGAC  
 TGCTCTTTTCGGACACAAATAAGATAAAGTCACTACTATTTCTATTGACG  
 AGATTCAAAAAGCTTAGAAGGTAAGAAGCCGATTACTGTTAGTTTTGAT  
 ATTGATGATACACTACTTTTCAGTAGTCAATATTTTCAATATGGTAAAGA  
 ATATGTAACCTCCTGGATCGTTTGATTTTCTTCATAAAACAAAATTCTGGG  
 ATCTTGTTGCAAAACGAGGAGATCAAGATTCCATTCCCAAGAATATGCT  
 AAAAAATTAATTGCTATGCATCAAAAACGAGGAGATAAAATTGTTTTTAT  
 AACAGGTAGGACAAAGAGGGTCAATGTATAAGGAGGCGAGGTTGATAAAA  
 CAGCTAAAGCCTTAGCTAAAGATTTTAAATTAGACAAACCAATTGCTGTA  
 AATTATACAGGCGATAAACCTAAAAAGCCATACAAATATGATAAATCATA  
 TTATATTAAGAAATATGGTTCAGACATTCATTATGGAGATAGTGATGACG  
 ATATTCATGCAGCTAGGGAGGCCGGTGCTAGACCAATTAGAATTTTAAGA  
 GCACCTAATTCTACAAATCTACCTTTACCAGAAGCTGGAGGCTACGGTGA  
 AGAGGTTCTCGAAAATTCAGCTTAC

## SEQ ID NO 4003 : SAG0653 FROM THE A909 GBS TYPE Ia STRAIN

AAGGGGCCAAAAGTAGCTTATACACA  
 AGAGGGAATGACTGCTCTTTTCGGACACAAATAAGATAAAGTCACTACTA  
 TTTCTATTGACGAGATTCAAAAAGCTTAGAAGGTAAGAAGCCGATTACT  
 GTTAGTTTTGATATTGATGATACACTGCTTTTCAGTAGTCAATATTTTCA  
 ATATGGTAAAGAATATGTAACCTCCTGGATCGTTTGATTTTCTTCATAAAC  
 AAAAATTCTGGGATCTTGTTGCAAAACGAGGAGATCAAGATTCCATTCCC  
 AAAGAATATGCTAAAAAATTAATTGCTATGCATCAAAAACGAGGAGATAA  
 AATTGTTTTTATAACAGGTAGGACAAGAGGGTCAATGTATAAGGAGGGCG  
 AGGTTGATAAAAACAGCTAAAGCCTTAGCTAAAGATTTTAAATTAGACAAA  
 CCAATTGCTGTAAATTATACAGGCGATAAACCTAAAAAGCCATACAAATA  
 TGATAAATCATATTATATTAAGAAATATGGTTCAGACATTCATTATGGAG  
 ATAGTGATGACGATATTCATGCAGCTAGGGAGGCCGGTGCTAGACCAATT  
 AGAATTTTAAGAGCACCTAATTCTACAAATCTACCTTTACCAGAAGCTGG  
 AGGCTACGGTGAAGAGGTTCTCGAAAATTCAGCTTAC

## SEQ ID NO 4004 : SAG0653 FROM THE 18RS21 GBS TYPE II STRAIN

AAGGGGCCAAAAGTAGCTTATACACAAGA  
 GGAATGACTGCTCTTTTCGGACACAAATAAGATAAAGTCACTACTATTT  
 CTATTGACGAGATTCAAAAAGCTTAGAAGGTAAGAAGCCGATTACTGTT  
 AGTTTTGATATTGATGATACACTGCTTTTCAGTAGTCAATATTTTCAATA  
 TGGTAAAGAATATGTAACCTCCTGGATCGTTTGATTTTCTTCATAAACAAA  
 AATTCTGGGATCTTGTTGCAAAACGAGGAGATCAAGATTCCATTCCCAAA  
 GAATATGCTAAAAAATTAATTGCTATGCATCAAAAACGAGGAGATAAAAT  
 TGTTTTTATAACAGGTAGGACAAGAGGGTCAATGTATAAGGAGGGCGAGG  
 TTGATAAAACAGCTAAAGCCTTAGCTAAAGATTTTAAATTAGACAAACCA  
 ATTGCTGTAAATTATACAGGCGATAAACCTAAAAAGCCATACAAATATGA  
 TAAATCATATTATATTAAGAAATATGGTTCAGACATTCATTATGGAGATA  
 GTGATGACGATATTCATGCAGCTAGGGAGGCCGGTGCTAGACCAATTAGA  
 ATTTTAAGAGCACCTAATTCTACAAATCTACCTTTACCAGAAGCTGGAGG  
 CTACGGTGAAGAGGTTCTCGAAAATTCAGCTTAC

## SEQ ID NO 4005 : SAG0653 FROM THE M732 GBS TYPE III STRAIN

AAGGGGCCAAAAGTAGCTTATACACAAGA  
 GGAATGACTGCTCTTTTCGGACACAAATAAGATAAAGTCACTACTATTT  
 CTATTGACGAGATTCAAAAAGCTTAGAAGGTAAGAAGCCGATTACTGTT  
 AGTTTTGATATTGATGATACACTGCTTTTCAGTAGTCAATATTTTCAATA  
 TGGTAAAGAATATGTAACCTCCTGGATCGTTTGATTTTCTTCATAAACAAA  
 AATTCTGGGATCTTGTTGCAAAACGAGGAGATCAAGATTCCATTCCCAAA

## SEQUENCE LISTING

GAATATGCTAAAAAATTAATTGCTATGCATCAAAAACGAGGAGATAAAAT  
 TGTTTTTATAACAGGTAGGACAAGAGGGTCAATGTATAAGGAGGGCGAGG  
 TTGATAAAACAGCTAAAGCCTTAGCTAAAGATTTTAAATTAGACAAACCA  
 ATTGCTGTAAATTATACAGGCGATAAACCTAAAAAGCCATACAAATATGA  
 TAAATCATATTATATTAAGAAATATGGTTCAGACATTCAATTATGGAGATA  
 GTGATGACGATATTCATGCAGCTAGGGAGGCCGGTGCTAGACCAATTAGA  
 ATTTTAAGAGCACCTAATTCTACAAATCTACCTTTACCAGAAGCTGGAGG  
 CTACGGTGAAGAGGTTCTCGAAAATTCAGCTTAC

## SEQ ID NO 4006 : SAG0653 FROM THE COH1 GBS TYPE III STRAIN

AAGGGGCCAAAAGTAGCTTATACACAAGAGGGAATGACT  
 GCTCTTTTCGGACACAAATAAAGATAAAGTCACTACTATTTCTATTGACGA  
 GATTCAAAAAGCTTAGAAGGTAAGAAGCCGATTACTGTTAGTTTTTGATA  
 TTGATGATACACTGCTTTTCAGTAGTCAATATTTTCAATATGGTAAAGAA  
 TATGTAACCTCCTGGATCGTTTGATTTTCTTCATAAACAAAAATTCTGGGA  
 TCTTGTTGCAAAACGAGGAGATCAAGATTCCATTCCCAAAGAATATGCTA  
 AAAAATTAATTGCTATGCATCAAAAACGAGGAGATAAAATTGTTTTTATA  
 ACAGGTAGGACAAGAGGGTCAATGTATAAGGAGGGCGAGGTTGATAAAAC  
 AGCTAAAGCCTTAGCTAAAGATTTTAAATTAGACAAACCAATTGCTGTAA  
 ATTATACAGGCGATAAACCTAAAAAGCCATACAAATATGATAAATCATAT  
 TATATTAAGAAATATGGTTCAGACATTCAATTATGGAGATAGTGATGACGA  
 TATTCATGCAGCTAGGGAGGCCGGTGCTAGACCAATTAGAATTTTAAGAG  
 CACCTAATTCTACAAATCTACCTTTACCAGAAGCTGGAGGCTACGGTGAA  
 GAGGTTCTCGAAAATTCAGCTTAC

## SEQ ID NO 4007 : SAG0653 FROM THE M781 GBS TYPE III STRAIN

AAGGGGCCAAAAGTAGCTTATACACA  
 AGAGGGAATGACTGCTCTTTTCGGACACAAATAAAGATAAAGTCACTACTA  
 TTTCTATTGACGAGATTCAAAAAGCTTAGAAGGTAAGAAGCCGATTACT  
 GTTAGTTTTGATATTGATGATACACTGCTTTTCAGTAGTCAATATTTTCA  
 ATATGGTAAAGATATGTAACCTCCTGGATCGTTTGATTTTCTTCATAAAC  
 AAAAATCTGGGATCTTGTTGCAAAACGAGGAGATCAAGATTCCATTCCC  
 AAAGAAATATGCTAAAAAATTAATTGCTATGCATCAAAAACGAGGAGATAA  
 AATTGTTTTTATAACAGGTAGGACAAGAGGGTCAATGTATAAGGAGGGCG  
 AGGTTGATAAAACAGCTAAAGCCTTAGCTAAAGATTTTAAATTAGACAAA  
 CCAATTGCTGTAAATTATACAGGCGATAAACCTAAAAAGCCATACAAATA  
 TGATAAATCATATTATATTAAGAAATATGGTTCAGACATTCAATTATGGAG  
 ATAGTGATGACGATATTCATGCAGCTAGGGAGGCCGGTGCTAGACCAATT  
 AGAATTTTAAGAGCACCTAATTCTACAAATCTACCTTTACCAGAAGCTGG  
 AGGCTACGGTGAAGAGGTTCTCGAAAATTCAGCTTAC

## SEQ ID NO 4008 : SAG0653 FROM THE CJB110 GBS NONTYPEABLE STRAIN

AAGGGGCCAAAAGTAGCTTATACACAAGA  
 GGAATGACTGCTCTTTTCGGACACAAATAAAGATAAAGTCACTACTATTT  
 CTATTGACGAGATTCAAAAAGCTTAGAAGGTAAGAAGCCGATTACTGTT  
 AGTTTTGATATTGATGATACACTGCTTTTCAGTAGTCAATATTTTCAATA  
 TGGTAAAGAATATGTAACCTCCTGGATCGTTTGATTTTCTTCATAAACAAA  
 AATTCTGGGATCTTGTTGCAAAACGAGGAGATCAAGATTCCATTCCCAA  
 GAATATGCTAAAAAATTAATTGCTATGCATCAAAAACGAGGAGATAAAAT  
 TGTTTTTATAACAGGTAGGACAAGAGGGTCAATGTATAAGGAGGGCGAGG  
 TTGATAAAACAGCTAAAGCCTTAGCTAAAGATTTTAAATTAGACAAACCA  
 ATTGCTGTAAATTATACAGGCGATAAACCTAAAAAGCCATACAAATATGA  
 TAAATCATATTATATTAAGAAATATGGTTCAGACATTCAATTATGGAGATA  
 TGATGACGATATTCATGCAGCTAGGGAGGCCGGTGCTAGACCAATTAGA  
 ATTTTAAGAGCACCTAATTCTACAAATCTACCTTTACCAGAAGCTGGAGG  
 CTACGGTGAAGAGGTTCTCGAAAATTCAGCTTAC

## SEQ ID NO 4009 : SAG0653 FROM THE JM9130013 GBS TYPE VIII STRAIN

AAGGGGCCAAAAGTAGCTTATACACAAGAGGGAAT  
 GACTGCTCTTTTCGGACACAAATAAAGATAAAGTCACTACTATTTCTATTG  
 ACGAGATTCAAAAAGCTTAGAAGGTAAGAAGCCGATTACTGTTAGTTTT  
 GATATTGATGATACACTGCTTTTCAGTAGTCAATATTTTCAATATGGTAA  
 AGAATATGTAACCTCCTGGATCGTTTGATTTTCTTCATAAACAAAAATTCT  
 GGGATCTTGTTGCAAAACGAGGAGATCAAGATTCCATTCCCAAAGAATAT



## SEQUENCE LISTING

GCTAAAAAATTAATTGCTATGCATCAAAAACGAGGAGATAAAATGTTTT  
 TATAACAGGTAGGACAAGAGGGTCAATGTATAAGGAGGGCGAGGTTGATA  
 AAACAGCTAAAGCCTTAGCTAAAGATTTTAAATTAGACAAACCAATTGCT  
 GTAAATTATACAGGCGATAAACCTAAAAAGCCATACAAATATGATAATC  
 ATATTATATTAAGAAATATGGTTCAGACATTCATTATGGAGATAGTGATG  
 ACGATATTCATGCAGCTAGGGAGGCCGGTGTAGACCAATTAGAATTTTA  
 AGAGCACCTAATTCTACAAATCTACCTTTACCAGAAGCTGGAGGCTACGG  
 TGAAGAGGTTCTCGAAAATTCAGCTTAC

SEQ ID NO 4010 : SAG0653 FROM THE 2603 V/R GBS TYPE V STRAIN  
 KGPKVAYTQEGMTALSDTNKDKVTTISIDEIQKSLEGKKPITVSFDIDDTLLFSSQYFQY  
 GKEYVTPGSFDFLHKQKFWDLVAKRGDQDSIPKEYAKKLIAMHQKRGDKIVFITGRTRGS  
 MYKEGEVDKTAKALAKDFKLDKPIAVNYTGD KPKPKPYKYDKSYIYIKKYGSDIHYGSDDD  
 IHAAREAGARPIRILRAPNSTNLPLPEAGGYGEEVLENSAY

SEQ ID NO 4011 : SAG0653 FROM THE 090 GBS TYPE III STRAIN  
 KGPKVAYTQEGMTALSDTNKDKVTTISIDEIQKSLEGKKPITVSFDIDDTLLFSSQYFQY  
 GKEYVTPGSFDFLHKQKFWDLVAKRGDQDSIPKEYAKKLIAMHQKRGDKIVFITGRTRGS  
 MYKEGEVDKTAKALAKDFKLDKPIAVNYTGD KPKPKPYKYDKSYIYIKKYGSDIHYGSDDD  
 IHAAREAGARPIRILRAPNSTNLPLPEAGGYGEEVLENSAY

SEQ ID NO 4012 : SAG0653 FROM THE A909 GBS TYPE Ia STRAIN  
 KGPKVAYTQEGMTALSDTNKDKVTTISIDEIQKSLEGKKPITVSFDIDDTLLFSSQYFQY  
 GKEYVTPGSFDFLHKQKFWDLVAKRGDQDSIPKEYAKKLIAMHQKRGDKIVFITGRTRGS  
 MYKEGEVDKTAKALAKDFKLDKPIAVNYTGD KPKPKPYKYDKSYIYIKKYGSDIHYGSDDD  
 IHAAREAGARPIRILRAPNSTNLPLPEAGGYGEEVLENSAY

SEQ ID NO 4013 : SAG0653 FROM THE 18RS21 GBS TYPE II STRAIN  
 KGPKVAYTQEGMTALSDTNKDKVTTISIDEIQKSLEGKKPITVSFDIDDTLLFSSQYFQY  
 GKEYVTPGSFDFLHKQKFWDLVAKRGDQDSIPKEYAKKLIAMHQKRGDKIVFITGRTRGS  
 MYKEGEVDKTAKALAKDFKLDKPIAVNYTGD KPKPKPYKYDKSYIYIKKYGSDIHYGSDDD  
 IHAAREAGARPIRILRAPNSTNLPLPEAGGYGEEVLENSAY

SEQ ID NO 4014 : SAG0653 FROM THE COH1 GBS TYPE III STRAIN  
 KGPKVAYTQEGMTALSDTNKDKVTTISIDEIQKSLEGKKPITVSFDIDDTLLFSSQYFQY  
 GKEYVTPGSFDFLHKQKFWDLVAKRGDQDSIPKEYAKKLIAMHQKRGDKIVFITGRTRGS  
 MYKEGEVDKTAKALAKDFKLDKPIAVNYTGD KPKPKPYKYDKSYIYIKKYGSDIHYGSDDD  
 IHAAREAGARPIRILRAPNSTNLPLPEAGGYGEEVLENSAY

SEQ ID NO 4015 : SAG0653 FROM THE M781 GBS TYPE III STRAIN  
 KGPKVAYTQEGMTALSDTNKDKVTTISIDEIQKSLEGKKPITVSFDIDDTLLFSSQYFQY  
 GKEYVTPGSFDFLHKQKFWDLVAKRGDQDSIPKEYAKKLIAMHQKRGDKIVFITGRTRGS  
 MYKEGEVDKTAKALAKDFKLDKPIAVNYTGD KPKPKPYKYDKSYIYIKKYGSDIHYGSDDD  
 IHAAREAGARPIRILRAPNSTNLPLPEAGGYGEEVLENSAY

SEQ ID NO 4016 : SAG0653 FROM THE CJB110 GBS NONTYPEABLE STRAIN  
 KGPKVAYTQEGMTALSDTNKDKVTTISIDEIQKSLEGKKPITVSFDIDDTLLFSSQYFQY  
 GKEYVTPGSFDFLHKQKFWDLVAKRGDQDSIPKEYAKKLIAMHQKRGDKIVFITGRTRGS  
 MYKEGEVDKTAKALAKDFKLDKPIAVNYTGD KPKPKPYKYDKSYIYIKKYGSDIHYGSDDD  
 IHAAREAGARPIRILRAPNSTNLPLPEAGGYGEEVLENSAY

SEQ ID NO 4017 : SAG0653 FROM THE JM9130013 GBS TYPE VIII STRAIN  
 KGPKVAYTQEGMTALSDTNKDKVTTISIDEIQKSLEGKKPITVSFDIDDTLLFSSQYFQY  
 GKEYVTPGSFDFLHKQKFWDLVAKRGDQDSIPKEYAKKLIAMHQKRGDKIVFITGRTRGS  
 MYKEGEVDKTAKALAKDFKLDKPIAVNYTGD KPKPKPYKYDKSYIYIKKYGSDIHYGSDDD  
 IHAAREAGARPIRILRAPNSTNLPLPEAGGYGEEVLENSAY

SEQ ID NO 4018 : SAG0653 FROM THE M732 GBS TYPE III STRAIN  
 KGPKVAYTQEGMTALSDTNKDKVTTISIDEIQKSLEGKKPITVSFDIDDTLLFSSQYFQY  
 GKEYVTPGSFDFLHKQKFWDLVAKRGDQDSIPKEYAKKLIAMHQKRGDKIVFITGRTRGS  
 MYKEGEVDKTAKALAKDFKLDKPIAVNYTGD KPKPKPYKYDKSYIYIKKYGSDIHYGSDDD  
 IHAAREAGARPIRILRAPNSTNLPLPEAGGYGEEVLENSAY

SEQ ID NO. 4101: SAG0649 FROM 2603 V/R GBS TYPE V STRAIN

## SEQUENCE LISTING

ATGAAAAAGAGACAAAAATA  
 TGGAGAGGGTTATCAGTTACTTTACTAATCCTGTCCCAAATTCATTTGGTATATTGGTA  
 CAAGGTGAAACCCAAGATACCAATCAAGCACTTGGAAAAGTAATTGTTAAAAAACGGGA  
 GACAATGCTACACCATTAGGCAAAGCGACTTTTGTGTTAAAAAATGACAATGATAAGTCA  
 GAAACAAGTCACGAAACGGTAGAGGGTCTGGAGAAGCAACCTTTGAAAACATAAAACCT  
 GGAGACTACACATTAAGAGAAGAAACAGCACCAATTGGTTATAAAAAAACTGATAAAACC  
 TGGAAAGTTAAAGTTGCAGATAACGGAGCAACAATAATCGAGGGTATGGATGCAGATAAA  
 GCAGAGAAACGAAAAGAAGTTTGAATGCCAATATCCAAAATCAGCTATTTATGAGGAT  
 ACAAAGAAAATTACCCATTAGTTAATGTAGAGGGTTCCAAAGTTGGTGAACAATACAAA  
 GCATTGAATCCAATAAATGGAAAAGATGGTCGAAGAGAGATTGCTGAAGGTTGGTTATCA  
 AAAAAAATTACAGGGGTCAATGATCTCGATAAGAATAAATATAAAATTGAATTAACCTGTT  
 GAGGGTAAACCACTGTTGAAACGAAAGAACTTAATCAACCACTAGATGTCGTTGTGCTA  
 TTAGATAAATCAAATAGTATGAATAATGAAAGAGCCAATAATTCTCAAAGAGCATTAATA  
 GCTGGGGAAGCAGTTGAAAAGCTGATTGATAAAATTACATCAAATAAAGACAATAGAGTA  
 GCTCTTGTGACATATGCCTCAACCAATTTTGATGGTACTGAAGCGACCGTATCAAAGGGA  
 GTTGCCGATCAAAATGGTAAAGCGCTGAATGATAGTGTATCATGGGATTATCATAAACCT  
 ACTTTTACAGCAACTACACATAATTACAGTTATTAAATTTAACAATGATGCTAACGAA  
 GTTAATATTCTAAAGTCAAGAAATCCAAAGGAAGCGGAGCATATAAATGGGGATCGCAG  
 CTCTATCAATTTGGTGCACATTTACTCAAAAAGCTCTAATGAAAGCAAATGAAATTTTA  
 GAGACACAAAGTCTAATGCTAGAAAAAACTTATTTTTCACGTAACCTGATGTTGTCCT  
 ACGATGTCCTTATGCCATAAATTTAATCCTTATATATCAACATCTTACCAAAACAGTTT  
 AATTCTTTTTTAAATAAAATACCAGATAGAAGTGGTATTCTCCAAGAGGATTTTATAATC  
 AATGGTGATGATTATCAAATAGTAAAAGGAGATGGAGAGAGTTTAACTGTTTTCGGAT  
 AGAAAAGTTCCTGTTACTGGAGGAACGACACAAGCAGCTTATCGAGTACCGCAAAATCAA  
 CTCTCTGTAATGAGTAATGAGGGATATGCAATTAATAGTGGATATATTTATCTCTATTGG  
 AGAGATTACAACCTGGGCTCTATCCATTTGATCCTAAGACAAAGAAAGTTTCTGCAACGAAA  
 CAAATCAAAACTCATGGTGAGCCAACAACATTTATACTTTAATGGAAATATAAGACCTAAA  
 GGTATGACATTTTACTGTTGGGATTGGTGTAAACGGAGATCCTGGTGCACTCCTCTT  
 GAAGCTGAGAAATTTATGCAATCAATATCAAGTAAAACAGAAATTTATACTAATGTTGAT  
 GATACAAATAAAATTTATGATGAGCTAAATAAATACTTTAAACAATTTGTTGAGGAAAA  
 CATTTCTATTGTTGATGGAAATGTGACTGATCCTATGGGAGAGATGATTGAATTTCCAATTA  
 AAAAATGGTCAAAGTTTACACATGATGATTACGTTTTGTTGGAAATGATGGCAGTCAA  
 TTAAAAATGGTGTGGCTCTTGGTGGACCAACAGTGATGGGGGAATTTTAAAGATGTT  
 ACAGTGACTTATGATAAGACATCTCAAACCATCAAATCAATCATTTGAACCTTAGGAAGT  
 GGACAAAAGTAGTCTTACCTATGATGTACGTTTAAAGATAACTATATAAGTAACAAA  
 TTTTACAATAACAATAATCGTACAACGCTAAGTCCGAAGAGTGAAAAAGAACCAATACT  
 ATTCGTGATTTCCCAATTCCCAAAATTCGTGATGTTTCGTGAGTTTCCGGTACTAACCATC  
 AGTAATCAGAAGAAATGGGGTGAAGTTGATTTAATAAAGTTAATAAGACAAACATTC  
 GAATCGCTTTTGGGAGCTAAGTTTCACTTCAGATAGAAAAGATTTTCTGGGTATAAG  
 CAATTTGTTCCAGAGGGAAGTGATGTTACAACAAAGAAATGATGGTAAAATTTATTTAA  
 GCACCTCAAGATGGTAACTATAAATTATATGAAATTTCAAGTCCAGATGGCTATATAGAG  
 GTTAAACGAAACCTGTTGTGACATTACAATTCAAATGGAGAAGTTACGAACCTGAAA  
 GCAGATCCAAATGCTAATAAAATCAAATCGGGTATCTTGAAGGAAATGGTAAACATCTT  
 ATTACCAACACTCCCAACGCCACCAGGTGTTTTCTTAAACAGGGGGAATTTGGTACA  
 ATTGCTTATATTAGTTGGTTCTACTTTTATGATACTTACCATTTGTTCTTTCCGTCGT  
 AAACAATTG

## SEQ ID NO. 4102: SAG0649 FROM 090 GBS TYPE Ia STRAIN

GGTGAAACCCAAGATACCAATCAAGCACTTGGAAAAG  
 TAATTGTTAAAAAACGGGAGACAATGCTACACCATTAGGCAAAGCGACT  
 TTTGTGTTAAAAAATGACAATGATAAGTCAGAAACAAGTCACGAAACGGT  
 AGAGGGTCTCGGAGAAGCAACCTTTGAAAACATAAAACCTGGAGACTACA  
 CATTAAGAGAAGAAACAGCACCAATTGGTTATAAAAAAACTGATAAAACC  
 TGGAAAGTTAAAGTTGTCAGATAACGGAGCAACAATAATCGAGGGTATGGA  
 TGCAGATAAAGCAGAGAAACGAAAAGAAGTTTGAATGCCAATATCCAA  
 AATCAGCTATTTATGAGGATACAAAAGAAAATTACCCATTAGTTAATGTA  
 GAGGGTTCCAAAGTTGGTGAACAATACAAAGCATTGAATCCAATAAATGG  
 AAAAGATGGTCGAAGAGAGATTGCTGAAGGTTGGTTATCAAAAAAATTA  
 CAGGGGTCAATGATCTCGATAAGAATAAATATAAAATTGAATTAACCTGTT  
 GAGGGTAAACCACTGTTGAAACGAAAGAACTTAATCAACCACTAGATGT  
 CGTTGTGCTATTAGATAATTCAAATAGTATGAATAATGAAAGAGCCAATA  
 ATTCTCAAAGAGCATTAAGGCTGGGGAAGCAGTTGAAAAGCTGATTGAT  
 AAAATTACATCAAATAAAGACAATAGAGTAGCTCTTGTGACATATGCCTC  
 AACCATTTTGTGATGGTACTGAAGCGACCGTATCAAAGGGAGTTGCCGATC

## SEQUENCE LISTING

AAAATGGTAAAGCGCTGAATGATAGTGTATCATGGGATTATCATAAAAC  
ACTTTTACAGCACTACACATAATTACAGTTATTTAAATTTAACAAATGA  
TGCTAACGAAGTTAATATTCTAAAGTCAAGAATTCCAAAGGAAGCGGAGC  
ATATAAATGGGGATCGCACGCTCTATCAATTTGGTGCGACATTTACTCAA  
AAAGCTCTAATGAAAGCAAATGAAATTTTAGAGACACAAAGTTCTAATGC  
TAGAAAAAACTTATTTTTCACGTAAGTGTGGTGTCCCTACGATGTCTT  
ATGCCATAAATTTAATCCTTATATATCAACATCTTACCAAACCAGTTT  
AATTCCTTTTTTAAATAAAATACCAGATAGAAGTGGTATTCTCCAAGAGGA  
TTTTATAATCAATGGTGATGATTATCAAATAGTAAAAGGAGATGGAGAGA  
GTTTTAAACTGTTTTTCGGATAGAAAAGTTCTGTACTGGAGGACGACA  
CAAGCAGCTTATCGAGTACCGCAAAATCAACTCTCTGTAATGAGTAATGA  
GGGATATGCAATTAATAGTGGATATATTTaTCTCTATTGGAGAGATTACA  
ACTGGGTCTATCCATTTGATCCTAAGACAAAGAAAGTTTCTGCACGAAA  
CAAATCAAACCTCATGGTGAGCCAAACATTATACTTTAATGGAAATAT  
AAGACCTAAAGGTTATGACATTTTACTGTTGGGATTGGTGTAACGGAG  
ATCCTGGTGCAACTCCTCTGAAGCTGAGAAATTTATGCAATCAATATCA  
AGTAAAAACAGAAAAATTATACTAATGTTGATGATACAAATAAAATTTATGA  
TGAGCTAAATAAATACTTTAAACAATTGTTGAGGAAAAACATTCTATTG  
TTGATGGAAATGTGACTGATCCTATGGGAGAGATGATTGAATTCGAATTA  
AAAAATGGTCAAAGTTTTACACATGATGATTACGtTTTGGtTGGAAATGA  
tGGCAGTCAATTAATAAATGGTGTGGCTCTTGGTGGACCAACAGTGATG  
GGGGAATTTTAAAGATGTTACAGTGACTTATGATAAGACATCTCAAACC  
ATCAAATCAATCATTTGAACCTAGGAAGTGGACAAAAAGTAGTTCTTAC  
CTATGATGTACGTTTTAAAAGATAACTATATAAGTAACAAATTTTACAATA  
CAAATAATCGTACAACGCTAAGTCCGAAGAGTGAAAAAGAACCAATACT  
ATTCGTGATTTCCCAATTTCCCAAAATTCGTGATGTTCTGTGAGTTTCCGGT  
ACTAACCATCAGTAATCAGAAGAAATGGGTGAGGTTGAATTTATTAAG  
TTAATAAGACAAACATTCAGAATCGCTTTTGGGAGCTAAGTTTCAACTT  
CAGATAGAAAAAGATTTTCTGGGTATAAGCAATTTGTTCCAGAGGGAAG  
TGATGTTACAACAAGAATGATGGTAAAATTTATTTTAAAGCACTTCAAG  
ATGGTAACATAAATTTATATGAAATTTCAAGTCCAGATGGCTATATAGAG  
GTTAAACGAAACCTGTTGTGACATTTACAATTCAAATGGAGAAGTTAC  
GAACCTGAAAGCAGATCCAAATGCTAATAAAATCAAATCGGGTATCTTG  
AAGGAAATGGTAAACATCTTATTACCAACACTCCCAAACGCCACCAGGT  
GTT

## SEQ ID NO. 4103: SAG0649 FROM A909 GBS TYPE 1a STRAIN

GGTGAAACCCAGATACCAATCAAGCACTTGGAAAA  
GTAATTGTTAAAAAACGGGGGACAATGCTACACCATTAGGCAAAGCGAC  
TTTTGTGTTAAAAAATGACAATGATAAGTCagAAACAAGTCACGAAACGG  
TAGAGGGTCTTGAGAAgCAACCTTTGAAAACATAAAACCTGGAGACTAC  
ACATTAAGAGAAGAAACAGCACCAATTGGTTATAAAAAAACTGATAAAAC  
CTGGAAAGTTAAAGTTGCAGATAACGGAGCAACAATAATCGAGGGTATGG  
ATGCAGATAAAGCAGAGAAACGAAAAGAAGTTTTGAATGCCCAATATCCA  
AAATCAGCTATTTATGAGGATACAAAAGAAAATTACCCATTAgTTAATGT  
AGAGGGTCCAAAGTTGGTGAACAATACAAAGCATTGAATCCAATAAATG  
GAAAAGATGGTGAAGAGAGATTGCTGAAGGTTGGTTATCAAAAAAAATT  
ACAGGGGTCAATGATCTCGATAAGAATAAATATAAAATTTGAATTAAGTGT  
TGAGGGTAAAACCACTGTTGAAACGAAAGAACTTAATCAACCACTAGATG  
TCGTTGTGCTATTAGATAAATCAAATAGTATGAATAATGAAAGAGCCAAT  
AATTCCTCAAAGAGCATTAAAAGCTGGGGAAGCAGTTGAAAAGCTGATTGA  
TAAATTCATCAAATAAGACAATAGAGTAGCTCTTGTGACATATGCCT  
CAACCATTTTGTGATGGTACTGAAGCGACCGTATCAAAGGGAGTTGCCGAT  
CAAATGGTAAAGCGCTGAATGATAGTGTATCATGGGATTATCATAAAAC  
TACTTTTACAGCACTACACATAATTACAGTTATTTAAATTTAACAAATG  
ATGCTAACGAAGTTAATATTCTAAAGTCAAGAATTCCAAAGGAAGCGGAG  
CATATAAATGGGGATCGCACGCTCTATCAATTTGGTGCGACATTTACTCA  
AAAAGCTCTAATGAAAGCAAATGAAATTTTAGAGACACAAAGTTCTAATG  
CTAGAAAAAACTTATTTTTCACGTAAGTGTGGTGTCCCTACGATGTCT  
TATGCCATAAATTTAATCCTTATATATCAACATCTTACCAAACCAGTT  
TAATTCCTTTTTTAAATAAAATACCAGATAGAAGTGGTATTCTCCAAGAGG  
ATTTTATAATCAATGGTGATGATTATCAAATAGTAAAAGGAGATGGAGAG  
AGTTTTAACTGTTTTTCGGATAGAAAAGTTCTGTACTGGAGGAACGAC  
ACAAGCAGCTTATCGAGTACCGCAAAATCAACTCTCTGTAATGAGTAATG

## SEQUENCE LISTING

AGGGATATGCAATTAATAGTGGATATATTTATCTCTATTGGAGAGATTAC  
 AACTGGGTCTATCCATTGATCCTAAGACAAAGAAAGTTTCTGCAACGAA  
 ACAAATCAAACTCATGGTGAGCCAAACATTATACCTTTAATGGAAATA  
 TAAGACCTAAAGTTTATGACATTTTACTGTTGGGATTGGTGTAACGGA  
 GATCCTGGTGCAACTCCTCTTGAAGCTGAGAAATTTATGCAATCAATATC  
 AAGTAAACAGAAAATTATACTAATGTTGATGATACAAAATAAAATTTATG  
 ATGAGCTAAATAAATACCTTTAAACAATTGTTGAGGAAAACATTCTATT  
 GTTGATGGAAATGTGACTGATCCTATGGGAGAGATGATTGAATTCGAATT  
 AAAAAATGGTCAAAGTTTACACATGATGATTACGTTTGGTGGAAATG  
 ATGGCAGTCAATTAATAAATGGTGTGGCTCTTGGTGGACCAACAGTGAT  
 GGGGGAATTTTAAAGATGTTACAGTGACTTATGATAAGACATCTCAAC  
 CATCAAAATCAATCATTTGAACTTAGGAAGTGGACAAAAGTAGTTCTTA  
 CCTATGATGTACGTTTAAAGATACTATATAAGTAACAAATTTTACAAT  
 ACAAATATCGTACAACGCTAAGTCCGAAGAGTGAAAAAGAACCAATAC  
 TATTCGTGATTTCCCAATTTCCCAAAATTCGTGATGTTCTGTGAGTTTCCGG  
 TACTAACCATCAGTAATCAGAAGAAAATGGGTGAGGTTGAATTTATTTAA  
 GTTAATAAAGACAAACATTGAGATCGCTTTTGGGAGCTAAGTTTCAACT  
 TCAGATAGAAAAGATTTTCTGGGTATAAGCAATTTGTTCCAGAGGGAA  
 GTGATGTTACAACAAAGATGATGGTAAAATTTATTTAAAGCACTTCAA  
 GATGGTAACTATAAATTATATGAAATTTCAAGTCCAGATGGCTATATAGA  
 GGTAAAACGAAACCTGTTGTGACATTTACAATTCAAATGGAGAAGTTA  
 CGAACCTGAAAGCAGATCCAAATGCTAATAAAATCAAATCGGGTATCTT  
 GAAGGAAATGGTAAACATCTTATTACCAACACTCCCAACGCCACCAGG  
 TGTT

## SEQ ID NO. 4104: SAG0649 FROM 18RS21 GBS TYPE II STRAIN

GGTGAAACCCAAGATACCAATCAAGCAC  
 TTGGAAAAGTAATTGTTAAAAAACGGGAGACAAaTGCTACACCaTTAGGC  
 AAAGCGACTTTTGTGTTAAAAAATGACAATGATAAGTCAGAAACAAGTCA  
 CGAAACGGTAGAGGGTTCTGGAGAAgCAACCTTTGAAAACATAAAACCTG  
 GAGACTACACATTAAGAGAAGAAACAGCACCAATTGGTTATAAAAAAAT  
 GATAAAACCTGGAAAGTTAAAGTTGAGATAACGGAGCAACAATAATCGA  
 GGGTATGGATGCAGATAAAGCAGAGAAACGAAaAGAAAGTTTGAATGCCC  
 AATATCCAAAATCAGCTATTTATGAGGATACAAAAGAAAATTACCCATTA  
 GTTAATGAGAGGGTTCCAAAGTTGGTGAACAATACAAAGCATTGAATCC  
 AATAAATGAAAAGATGGTGAAGAGAGATTGCTGAAGGTTGGTTATCAA  
 AAAAAATTaCaGGGGTCAATGATCTCGATAAGAATAAATATAAAATGAA  
 TTAAGTGTGAGGGTAAACCACTGTTGAAACGAAAGAACTTAATCAACC  
 ACTAGATGTGCTGTTGTGCTATTAGATAATTCAAATAGTATGAATAATGAA  
 GAGCCAATAATTCTCAAAGAGCATTAAAAGCTGGGGAAGCAGTTGAAAAG  
 CTGATTGATAAAATTACATCAAATAAAGACAATAGAGTAGCTCTTGTGAC  
 ATATGCCCTCAACCATTTTGTATGGTACTGAAGCGACCGTATCAAAGGGAG  
 TTGCCGATCAAAATGGTAAAGCGCTGAATGATAGTGTATCATGGGATTAT  
 CATAAACTACTTTTACAGCAACTACACATAATTACAGTTATTTAAATTT  
 AACAAATGATGCTAACGAAGTTAATATTCTAAAGTCAAGAATTCCAAAGG  
 AAGCGGAGCATATAAATGGGGATCGCACGCTCTATCAATTTGGTGCGACA  
 TTTACTCAAAAAGCTCTAATGAAAGCAAATGAAATTTAGAGACACAAAG  
 TTCTAATGCTAGAAAAAACTTATTTTTCACGTAAGTATGGTGTCCCTA  
 CGATGTCTTATGCCATAAAATTTAATCCTTATATATCAACATCTTACCAA  
 AACCAGTTAATTCTTTTAAATAAAATACCAGATAGAAGTGGTATTCT  
 CCAAGAGGATTTTATAATCAATGGTATGATTATCAAATAGTAAAAGGAG  
 ATGGAGAGAGTTTAAACTGTTTTCGGATAGAAAAGTTCTGTACTGGA  
 GGAACGACACAAGCAGCTTATCGAGTACCGCAAAATCAACTCTCTGTAAT  
 GAGTAATGAGGGATATGCAATTAATAGTGGATATATTTATCTCTATTGGA  
 GAGATTACAACCTGGGCTATCCATTTGATCCTAAGACAAAGAAAGTTTCT  
 GCAACGAAACAAATCAAACTCATGGTGAGCCAACAACATTATACCTTTAA  
 TGGAATATAAGACTAAAGGTTATGACATTTTACTGTTGGGATTGGTG  
 TAAACGGAGATCCTGGTGCAACTCCTCTGAAGCTGAGAAATTTATGCAA  
 TCAATATCAAGTAAACAGAAAATTATACTAATGTTGATGATACAAATAA  
 AATTTATGATGAGCTAAATAAATACCTTTAAACAATTGTTGAGGAAAAAC  
 ATTCTATTGTTGATGGAATGTGACTGATCCTATGGGAGAGATGATTGAA  
 TTCCAATTAAAAAATGGTCAAGTTTACACATGATGATTACGTTTGGT  
 TGGAATGATGGCAGTCAATTAATAAATGGTGTGGCTCTTGGTGGACCAA  
 ACAGTGATGGGGGAATTTTAAAGATGTTACAGTGACTTATGATAAGACA

## SEQUENCE LISTING

TCTCAAACCATCAAATCAATCATTGAACTTAGGAAGTGGACAAAAAGT  
 AGTTCTTACCTATGATGTACGTTTAAAAGATAACTATATAAGTAACAAAT  
 TTTACAATACAAATAATCGTACAACGCTAAGTCCGAAGAGTAAAAAGAA  
 CCAAATACTATtGtGATTtCCCAATCCCAAAATTCGTGATGTTTCGTGA  
 GTTTCGGGTACTAACCATCAGTAATCAGAAGAAAATGGGTGAGGTGAAT  
 TTATTAAAGTTAATAAAGACAAACATTCAGAATCGCTTTTGGGAGCTAAG  
 TTTCAACTTCAGATAGAAAAAGATTTTCTGGGTATAAGCAATTTGTTCC  
 AGAGGGAAGTGATGTTACAACAAAGAATGATGGTAAAATTTATTTTAAAG  
 CACTTCAAGATGGTAACATAAATTATATGAAATTTCAAGTCCAGATGGC  
 TATATAGAGGTTAAACGAAACCTGTTGTGACATTTACAATTCAAAATGG  
 AGAAGTTACGAACCTGAAAGCAGATCCAAATGCTAATAAAAAATCAAATCG  
 GGTATCTTGAAGGAAATGGTAAACATCTTATTACCAACACTCCCAACGC  
 CCACCAGGTGTT

SEQ ID NO. 4105: SAG0649 FROM M732 GBS TYPE III STRAIN

GGTGAAACCCAAGATACCAATCAAGCACT  
 TGGAAAAGTAATTGTTAAAAAACGGGAGACAaTGCTACACCATTAGGCA  
 AAGCGACTTTTGTGTTAAAAAATGACAATGATAAGTCAGAAACAAGTCAC  
 GAAACGGTAGAGGGTTCTGGAGAAGCAACCTTTGAAAACATAAAACCTGG  
 AGACTACACATTAGAGAAGAAACAGCACCAATTGGTTATAAAAAAACTG  
 ATAAACCTGGAAAAGTTAAAGTTGCAGATAACGGAGCAACAATAATCGAG  
 GGTATGGATGCAGATAAAGCAGAGAAACGAAAAGAAGTTTGAATGCCCA  
 ATATCCAAAATCAGCTATTTATGAGGATACAAAAGAAAATTACCCATTAg  
 TTAATGTAGAGGGTTCCAAAGTTGGTGAACAATACAAAGCATTTGAATCCA  
 ATAAATGGAAAAGATGGTGAAGAGAGATTGCTGAAGGTTGGTTATCAAA  
 AAAAAaTaCaGGGGTCAATGATCTCGATAAGAATAAATATAAAATGAAT  
 TAACTGTTGAGGGTAAAACCACTGTTGAAACGAAAGAACTTAATCAACCA  
 CTAGATGTCGTTGTGCTATTAGATAAATCAAATAGTATGAATAATGAAAG  
 AGCCAATAATTCTCAAAGAGCATTAAAaGCTGGGGAAGCAGTTGAAAAGC  
 TGATTGATAAAAATTACATCAAATAAAGACAATAGAGTAGCTCTGTGACA  
 TATGCCTCAACATTTTGTGATGTTACTGAAGCGACCGTATCAAGGGAGT  
 TGCCGATCAAAATGGTAAAGCGCTGAATGATAGTGTATCATGGGATTATC  
 ATAAACTACTTTTACAGCAACTACACATAATTACAGTTATTTAAATTTA  
 ACAATGATGCTAACAAGTAAATATTCTAAAGTCAAGAATTCCAAAGGA  
 AGCGGAGCATATAAATGGGGATCGCACGCTCTATCAATTTGGTGCGACAT  
 TTAATCAAAAAGCTCTAATGAAAGCAAATGAAATTTTAGAGACACAAAGT  
 TCTAATGCTAGAAAAAACTTATTTTTCACGTAACGTATGGTGTCCCTAC  
 GATGCTTATGCCATAAATTTTAACTCTTATATATCAACATCTTACCAA  
 ACCAGTTTAAATCTTTTAAATAAATAACCAGATAGAAGTGGTATTCTC  
 CAAGAGGATTTTATAATCAATGGTGATGATTATCAAAATAGTAAAAGGAGA  
 TGGAGAGAGTTTTAACTGTTTTTCGGATAGAAAAGTTCCTGTTACTGGAG  
 GAACGACACAAGCAGCTTATCGAGTACCGCAAAATCAACTCTCTGTAATG  
 AGTAATGAGGGATATGCAATTAATAGTGGATATATTTATCTCTATTGGAG  
 AGATTACAACCTGGGTCTATCCATTGATCCTAAGACAAAGAAAGTTCTG  
 CAACGAAACAAATCAAACTCATGGTGAGCCAACAACATTATACTTTAAT  
 GGAAATATAAGACCTAAAGGTTATGACATTTTACTGTTGGGATGGTGT  
 AAACGGAGATCCTGGTGCAACTCCTCTGAAGCTGAGAAATTTATGCAAT  
 CAATATCAAGTAAACAGAAAATTATACTAATGTTGATGATACAAATAAA  
 ATTTATGATGAGCTAAATAAATACTTTAAACAAATGTTGAGGAAAAACA  
 TTCTATGTTGATGGAAATGTGACTGATCCTATGGGAGAGATGATTGAAT  
 TCCAATTAATAAATGGTCAAAGTTTACACATGATGATTACGtTTTGGtT  
 GGAAATGatGGCAGTCAATTAAAAATGGTGTGGCTCTTGGTGGACAAA  
 CAGTGATGGGGGAATTTTAAAGATGTTACAGTGACTTATGATAAGACAT  
 CTCAAACCATCAAAATCAATCATTGAACTTAGGAAGTGGACAAAAAGTA  
 GTTCTTACCTATGATGTACGTTTAAAAGATAACTATATAAGTAACAAATT  
 TTACAATACAAATAATCGTACAaCGCTAAGTCCGAAGAGTAAAAAGAAC  
 CAAATACTATTTCGTGATTTCCCAATTCCTCAAAATTCGTGATGTTTCGTGAG  
 TTTCCGGTACTAACCATCAGTAATCAGAAGAAAATGGGTGAGGTGAATT  
 TATTAAAGTTAATAAAGACAAACATTCAGAATCGCTTTTGGGAGCTAAGT  
 TTCAACTTCAGATAGAAAAAGATTTTCTGGGTATAAGCAATTTGTTCCA  
 GAGGGAAGTGATGTTACAACAAAGAATGATGGTAAAATTTATTTTAAAGC  
 ACTTCAAGATGGTAACTATAAATTATATGAAATTTCAAGTCCAGATGGCT  
 ATATAGAGGTTAAACGAAACCTGTTGTGACATTTACAATTCAAAATGGA  
 GAAGTTACGAACCTGAAAGCAGATCCAAATGCTAATAAAAAATCAAATCGG

## SEQUENCE LISTING

GTATCTTGAAGGAAATGGTAAACATCTTATTACCAACACTCCCAAACGCC  
CACCAGGTGTT

## SEQ ID NO. 4106: SAG0649 FROM COH1 GBS TYPE III STRAIN

GGTGAACCCCAAGATACCAATCAAGCACTTGGAAAAG  
TAATTGTTAAAAAACGGGAGACAA<sub>2</sub>TGCTACACCATTAGGCAAAGCGACT  
TTTGTGTTAAAAAATGACAATGATAAGTCAGAAACAAGTCACGAAACGGT  
AGAGGGTCTGGAA<sub>2</sub>AAGCAACCTTTGAAAACATAAAACCTGGAGACTACA  
CATTAAGAGAAGAAACAGCACCAATTGGTTATAAAAAAAGTATAAAACC  
TGGAAAGTTAAAGTTGCAGATAACGGAGCAACAATAATCGAGGGTATGGA  
TGCAGATAAAGCAGAGAAACGAAAAGAAGTTTGAATGCCCAATATCCAA  
AATCAGCTATTTATGAGGATACAAAAGAAAATTACCCATTAgTTAATGTA  
GAGGGTCCAAAGTTGGTGAACAAT<sub>2</sub>CAAAGCATTGAATCCAATAAATGG  
AAAAGATGGTGAAGAGAGATTGCTGAAGGTTGGTTATCAAAAAAATA  
CAGGGGTCAATGATCTCgATAAGAATAAATATAAAATTGAATTAACGTGT  
GAGGGTAAAACCACTGTGAAACGAAAGAACTTAATCAACCACTAGATGT  
CGTTGTGCTATTAGATAATTCAAATAGTATGAATAATGAAAGAGCCAATA  
ATTCTCAAAGAGCATTAAGAGCTGGGAAGCAGTTGAAAAGCTGATTGAT  
AAAATTACATCAAATAAAGACAATAGAGTAGCTCTTGTGACATATGCCTC  
AACCATTTTGTGATGCTACTGAAGCGACCGTATCAAAGGGAGTTGCCGATC  
AAAATGGTAAAGCGCTGAATGATAGTGTATCATGGGATTATCATAAACT  
ACTTTTACAGCAACTACACATAATTACAGTTATTTAAATTTAACAAATGA  
TGCTAACGAAGTTAATATTTCTAAAGTCAGAATTCCAAAGGAAGCGGAGC  
ATATAAATGGGGATCGCAGCTCTATCAATTTGGTGCGACATTTACTCAA  
AAAGCTCTAATGAAGCAAAATGAAATTTAGAGACACAAAGTTCTAATGC  
TAGAAAAAACTTATTTTTCACGTAACGTATGGTGTCCCTACGATGTCTT  
ATGCCATAAATTTTAACTCTTATATATCAACATCTTACCAAAACAGTTT  
AATTCTTTTTTAAATAAAATACCAGATAGAAGTGGTATTCTCCAAGAGGA  
TTTTATAATCAATGGTGATGATTATCAAATAGTAAAAGGAGATGGAGAGA  
GTTTTAAACTGTTTTTCGATAGAAAAGTTCTGTACTGGAGGAACGACA  
CAAGCAGCTTATCGAGTACCGCAAAATCAACTCTCTGTATGAGTAATGA  
GGGATATGCAATTAATAGTGGATATATTATCTCTATTGGAGAGATTACA  
ACTGGGTCTATCCATTTGATCCTAAGACAAAGAAAGTTTCTGCAACGAAA  
CAAATCAAACTCATGGTGAGCCAACAACATTATACTTTAATGGAAATAT  
AAGACCTAAAGGTTATGACATTTTTACTGTTGGGATTGGTGAAACGGAG  
ATCCTGGTGCAACTCCTCTGAAGCTGAGAAATTTATGCAATCAATATCA  
AGTAAACAGAAAATTATACTAATGTTGATGATACAAATAAAATTTATGA  
TGAGCTAAATAAATACTTTAAACAATTGTTGAGGAAAACATTCTATTG  
TTGATGGAAATGTGACTGATCCTATGGGAGAGATGATTGAATTTCAATTA  
AAAAATGGTCAAAGTTTACACATGATGATTACGTTTTGGTTGGAAATGA  
TGGCAGTCAATTAAAAAATGGTGTGGCTCTTGGTGGACCAACAGTGATG  
GGGGAATTTTAAAGATGTTACAGTGACTTATGATAAGACATCTCAAACC  
ATCAAATCAATCTTGAACCTTAGGAAGTGGACAAAAGTAGTTCCTTAC  
CTATGATGTACGTTTAAAGATAACTATATAAGTAACAAATTTTACAATA  
CAAATAATCGTACAACGCTAAGTCCGAAGAGTGAAAAAGAACCAATACT  
ATTCGTGATTTCCCAATTTCCCAAAATTCGTGATGTTTCGTGAGTTTCCGGT  
ACTAACCATCAGTAATCAGAAGAAAATGGGTGAGGTTGAATTTATTAAG  
TTAATAAAGACAAACATTCagAATCGCTTTGGGAGCTAAGTTTCAACTT  
CAGATAGAAAAAGATTTTTCTGGGTATAAGCAATTTGTTCCAGAGGGAAG  
TGATGTTACAACAAAGAATGATGGTAAAATTTATTTTAAAGCACTTCAAG  
ATGGTAACATATAATTTATGAAATTTCAAGTCCAgATGGCTATATAGAG  
GTTAAACGAAACCTGTTGTGACATTTACAATTTCAAATGGGAAGTTAC  
GAACCTGAAAGCAGATCCAAATGCTAATAAAAAATCAAATCGGGTATCTTG  
AAGGAAATGGTAAACATCTTATTACCAACACTCCCAAACGCCACCAGGT  
GTT

## SEQ ID NO. 4107: SAG0649 FROM M781 GBS TYPE III STRAIN

TTGGAAAAGTAATTGTTAAAAAACGGGAGACACTGCTACACCATTAGGC  
AAAGCGACTTTTGTGTTAAAAAATGACAATGATAAGTCAGAAACAAGTCA  
CGAAACGGTAGAGGGTCTGGAAAAGCAACCTTTGAAAACATAAAACCTG  
GAGACTACACATTAAGAGAAGAAACAGCACCAATTGGTTATAAAAAAAGT  
GATAAAACCTGGAAAGTTAAAGTTGCAGATAACGGAGCAmCAATAATCGA  
GGGTATGGATGCAGATAAAGCAGAGAAACGAAAAGAAGTTTGAATGCC  
AATATCCAAATCAGCTATTTATGAGGATACAAAAGAAAATTACCCATTA

## SEQUENCE LISTING

gTTAATGTAGAGGGTTCCAAAGTTGGTGAACAATACAAAGCATTGAATCC  
 AATAAATGGAAAAGATGGTCgAAGAGAGATTGCTGAAGGTTGGTTATCAA  
 AAAAAATTACaGGGGTCAATGATCTCGATAAGAATAAATATAAAATGAA  
 TTAAGTGTGAGGGTAAAACCACTGTTGAAACgAAAGAACTTAATCAACC  
 ACTAGATGTCGTTGTGCTATTAGATAAATCAAATAGTATGAATAATGAAA  
 GAGCCAATAATCTCAAAGAGCATTAAAAGCTGGGGAAGCAGTTGAAAAG  
 CTGATTGATAAAATTACATCAAATAAAGACAATAGAGTAGCTCTTGTGAC  
 ATATGCCTCAACCATTTTTGATGGTACTGAAGCGACCGTATCAAAGGGAG  
 TTGCCGATCAAATGGTAAAGCGCTGAATGATAGTGTATCATGGGATTAT  
 CATAAACTACTTTTACAGCAACTACACATAATTACAGTTATTTAAATTT  
 AACAAATGATGCTAACGAAGTTAATATCTAAAGTCAAGAATTCCAAAGG  
 AAGCGGAGCATATAAATGGGGATCGCACGCTCTATCAATTTGGTGCGACA  
 TTTACTCAAAAAGCTCTAATGAAAGCAAATGAAATTTTAGAGACACAAAG  
 TTCTAATGCTAGAAAAAACTTATTTTTCACGTAAGTATGATGGTGTCCCTA  
 CGATGCTTATGCCATAAATTTTAACTCTTATATATCAACATCTTACCAA  
 AACCAGTTTAAATCTTTTAAATAAAATACCAGATAGAAGTGGTATTCT  
 CCAAGAGGATTTTATAATCAATGGTATGATTATCAAATAGTAAAAGGAG  
 ATGGAGAGAGTTTTAACTGTTTTCGGATAGAAAAGTTCCTGTTACTGGA  
 GGAACGACACAAGCAGCTTATCGAGTACCGCAAAATCAACTCTCTGTAAT  
 GAGTAATGAGGGATATGCAATTAATAGTGGATATATTTATCTCTATGGA  
 GAGATTACAACCTGGGTCTATCCATTGATCCTAAGACAAAAGAAAGTTCT  
 GCAACGAAACAAATCAAACCTCATGGTGAGCCAACACATTATACTTTAA  
 TGGAAATATAAGACCTAAAGGTTATGACATTTTTACTGTTGGGATTGGTG  
 TAAACGGAGATCCTGGTGCAACTCCTCTGAAGCTGAGAAATTTATGCAA  
 TCAATATCAAGTAAACAGAAAATTATACTAATGTTGATGATACAAATAA  
 AATTTATGATGAGCTAAATAAATACTTTAAACCAATGTTGAGGAAAAAC  
 ATTCTATTGTTGATGGAATGTGACTGATCCTATGGGAGAGATGATTGAA  
 TTCCAATTAaaaaatGGTCAAAGTTTACACATGATGATTACGTTTGGT  
 TGGAAATGATGGCAGTCAATTAaaaaatGGTGTGGCTCTTGGTGGACCA  
 ACAGTGATGGGGGAATTTTAAAGATGTTACAGTGACTTATGATAAGACA  
 TCTCAAACCATCAAATCAATCATTTGAAGTGGGAGTGGACAAAAGT  
 AGTTCTTACCTATGATGTACGTTTAAAGATAACTATATAAGTAACAAAT  
 TTTACAATACAAATAATCGTACAACGCTAAGTCCGAGAGTGAAAAGAA  
 CCAAATACCTATTCGTGATTTCCCAATTCCTAAATTCGTGATGTTCTGTA  
 GTTTCGGTACTAACCATCAGTAATCAGAAGAAAATGGGTGAGGTTGAAT  
 TTATTAAGTTAATAAAGACAAACATTCAGAATCGCTTTGGGAGCTAAG  
 TTTCAACTTCAGATAGAAAAGATTTTCTGGGTATAAGCAATTTGTTCC  
 AGAGGGAAGTGATGTTACAACAAGAATGATGGTAAAATTTATTTAAAG  
 CACTTCAAGATGGTAACTATAAATTATATGAAATTTCAAGTCCAGATGGC  
 TATATAGAGGTTAAAACGAAACCTGTTGTGACATTTACAATTCAAATGG  
 AGAAGTTACGAACCTGAAAGCAGATCCAAATGCTAATAAAAATCAAATCG  
 GGTATCTTGAAGGAAATGGTAAACATCTTATTACCAACACTCCCAAACGC  
 CCACCAGGTGT

## SEQ ID NO. 4108: SAG0649 FROM CJB GBS NONTYPEABLE STRAIN

GGTGAACCCCAAGATACCAATCAAGCACTTGGAAAAGT  
 AATTGTTAAAAAACGGGAGACaTGCTACACCATTAGGCAAAGCGACTT  
 TTGTGTTAAAAAATGACAATGATAAGTCAGAAAACAAGTCACGAAACGGTA  
 GAGGGTTCTGGAaAGCAACCTTTGAAAACATAAAACCTGGAGACTACAC  
 ATTAAGAGAAGAAACAGCACCATTGGTTATAAAAAAACTGATAAAACCT  
 GGAAAGTTAAAGTTGCAGATAACGGAGCAACAATAATCGAGGGTATGGAT  
 GCAGATAAAGCAGAGAAACGAAAAGAAGTTTGAATGCCAATATCCAAA  
 ATCAGCTATTTATGAGGATACAAAAGAAAATTACCCATTAgTTAATGTAG  
 AGGGTTCCAAAGTTGGTGAACAATACAAAGCATTGAATCCAATAAATGGA  
 AAAGATGGTGAAGAGAGATTGCTGAAGGTTGGTTATCAAAAAAATTAC  
 aGGGGTCAATGATCTCGATAAGAATAAATATAAAATTGAATTAAGTGTG  
 AGGGTAAAACCACTGTTGAAACGAAAGAAGTAAATCAACCACTAGATGTC  
 GTTGTGCTATTAgATAATTCAAATAGTATGAATAATGAAAGAGCCAATAA  
 TTCTCAAAGAGCATTAAGCTGGGGAAGCAGTTGAAAAGCTGATTGATA  
 AAATTACATCAAATAAGACAAATAGAGTAGCTCTTGTGACATATGCCTCA  
 ACCATTTTGTGTTACTGAAGCGACCGTATCAAAGGGAGTTGCCGATCA  
 AAATGGTAAAGCGCTGAATGATAGTGTATCATGGGATTATCATAAAATA  
 CTTTACAGCAACTACACATAATTACAGTTATTTAAATTTAACAATGAT  
 GCTAACGAAGTTAATATCTAAAGTCAAGAATTCAAAGGAAGCGGAGCA



## SEQUENCE LISTING

TATAAATGGGGATCGCACGCTCTATCAATTTGGTGCGACATTTACTCAAA  
AAGCTCTAATGAAAGCAAATGAAATTTTAGAGACACAAAGTTCTAATGCT  
AGAAAAAACTTATTTTTCACGTAACGTGATGGTGTCCCTACGATGTCTTA  
TGCCATAAATTTTAAATCCTTATATATCAACATCTTACCAAACAGTTTA  
ATTCTTTTAAATAAAATACCAGATAGAAGTGGTATTCTCCAAGAGGAT  
TTTATAATCAATGGTGATGATTATCAAATAGTAAAAGGAGATGGAGAGAG  
TTTTAAACTGTTTTCGGATAGAAAAGTTCTGTACTGGAGGAACGACAC  
AAGCAGCTTATCGAGTACCGCAAATCAACTCTCTGTAATGAGTAATGAG  
GGATATGCAATTAATAGTGGATATATTTATCTCTATTGGAGAGATTACAA  
CTGGGTCTATCCATTTGATCCTAAGACAAAGAAAGTTCTGCAACGAAAC  
AAATCAAACCTCATGGTGAGCCAACACATTATACTTAATGGAAATATA  
AGACCTAAAGGTTATGACATTTTTACTGTTGGGATTGGTGTAAACGGAGA  
TCCTGGTGCAACTCCTCTTGAAGCTGAGAAATTTATGCAATCAATATCAA  
GTAAACAGAAAATTATACTAATGTTGATGATACAAATAAAATTTATGAT  
GAGCTAAATAAATACGTTTAAACAATTTGTTGAGGAAAAACATTCTATTGT  
TGATGGAAATGTGACTGATCCTATGGGAGAGATGATTGAATTTCAATTA  
AAAATGGTCAAAGTTTACACATGATGATTACGTTTTGGTTGGAAATGAT  
GGCAGTCAATTAATAATGGTGTGGCTCTTGGTGGACCAAACAGTGATGG  
GGGAATTTTAAAGATGTTACAGTGACTTATGATAAGACATCTCAAACCA  
TCAAATCAATCATTTGAACCTTAGGAAGTGGACAAAAGTAGTTCTTACC  
TATGATGTACGTTTTAAAGATAACTATATAAGTAACAAATTTTACAATAC  
AAATAATCGTACAACCTAAGTCCGAAGAGTGAAAAGAACCAATACTA  
TTCGTGATTTCCCAATtCCCAAAATTCGTGATGTTCTGTGAGTTTCCGTA  
CTAACCATCAGTAATCAGAAGAAAATGGGTGAGGTTGAATTTATTAAGT  
TAATAAAGACAAACCTTCAGAATCGCTTTTGGGAGCTAAGTTTCAACTTC  
AGATAGAAAAGATTTTTCTGGGTATAAGCAATTTGTTCCAGAGGGAGT  
GATGTTACAACAAAGATGATGGTAAATTTATTTTAAAGCACTTCAAGA  
TGGTAACTATAAATTATATGAAATTTCAAGTCCAGATGGCTATATAGAGG  
TTAAAACGAAACCTGTGTGACATTTACAATTCAaAATGGAGAAGTTACG  
AACCTGAAAGCAGATCCAAATGCTAATAAAAATCAAATCGGGTATCTTGA  
AGGAAATGGTAACATCTTATTACCAACACTCCCAAACGCCACCAGGTG  
TT

SEQ ID NO. 4109: SAG0649 FROM JM9130013 GBS TYPE VIII STRAIN

GGTGAAACCCAAGATACCAATCAAGCACTTGGAAAAG  
TAATTGTTAAAAAACGGGAGACAATGCTACACCATTAGGCAAAGCGACT  
TTTGTGTTAAAAAATGACAATGATAAGTCAGAAACAAGTCACGAAACGGT  
AGAGGGTTCTGGAGAGCAACCTTTGAAAACATAAAACCTGGAGACTACA  
CATTAAGAGAAGAAACAGCACCAATTGGTTATAAAAAAATGATAAAACC  
TGGAAAGTTAAAGTTGAGATAACGGAGCAACAATAATCGAGGGTATGGA  
TGCAGATAAAGCAGAGAAACGAAAAGAGTTTTGAATGCCCAATATCCAA  
AATCAGCTATTATGAGGATACAAAAGAAAATTACCCATTAGTTAATGTA  
GAGGGTTCCAAAGTTGGTGAACAATACAAAGCATTGAATCCAATAAATGG  
AAAAGATGGTCAAGAGAGATTGCTGAAGGTTGGTTATCAAAAAAATTA  
CAGGGGTCAATGATCTCGATAAGAATAAATATAAAATGAATTAAGTGT  
GAGGGTAAAACCACTGTTGAAACGAAAGAACTTAATCAACCACTAGATGT  
CGTTGTGCTATTAGATAATTCAAATAGTATGAATAATGAAAGAGCCAATA  
ATTCTCAAAGAGCATTAAAAGCTGGGGAAGCAGTTGAAAAGCTGATTGAT  
AAAATTACATCAATAAAGACAATAGAGTAGCTCTTGTGACATATGCCTC  
AACCATTTTTGATGGTACTGAAGCGACCGTATCAAAGGGAGTTGCCGATC  
AAAATGGTAAAGCGCTGAATGATAGTGTATCATGGGATTATCATAAACT  
ACTTTTACAGCAACTACACATAATTACAGTTATTTAAATTTAACAATGA  
TGCTAACGAAGTTAATATTCTAAAGTCAAGAATCCAAAGGAAGCGGAGC  
ATATAAATGGGGATCGCACGCTCTATCAATTTGGTGCGACATTTACTCAA  
AAAGCTCTAATGAAAGCAAATGAAATTTTAGAGACACAAAGTTCTAATGC  
TAGAAAAAACTTATTTTTCACGTAACGTGATGGTGCCCTACGATGCTT  
ATGCCATAAATTTTAAATCCTTATATATCAACATCTTACCAAACAGGTTT  
AATCTTTTTTAAATAAAATACCAGATAGAAGTGGTATTCTCCAAGAGGA  
TTTTATAATCAATGGTGATGATTATCAAATAGTAAAAGGAGATGGAGAGA  
GTTTTAACTGTTTTCGGATAGAAAAGTTCTGTACTGGAGGAACGACA  
CAAGCAGCTTATCGAGTACCGCAAATCAACTCTCTGTAATGAGTAATGA  
GGGATATGCAATTAATAGTGGATATATTTATCTCTATTGGAGAGATTACA  
ACTGGGTCTATCCATTTGATCCTAAGACAAAGAAAGTTCTGCAACGAAA  
CAAATCAAACCTCATGGTGAGCCAACACATTATACTTAATGGAAATAT

## SEQUENCE LISTING

AAGACCTAAAGGTTATGACATTTTTACTGTTGGGATTGGTGTAACGGAG  
 ATCCTGGTGCAACTCCTCTTGAAGCTGAGAAATTTATGCAATCAATATCA  
 AGTAAACAGAAAATTATATAATGTTGATGATACAAATAAAATTTATGA  
 TGAGCTAAATAAATACTTTAAACAATTGTTGAGGAAAAACATTCTATTG  
 TTGATGGAATGTGACTGATCCTATGGGAGAGATGATTGAATTCCAATTA  
 AAAAATGGTCAAAGTTTACACATGATGATTACGTTTGGTTGGAAATGA  
 TGGCAGTCAATTAATAAAATGGTGTGGCTCTTGGTGACCAAAACAGTGATG  
 GGGGAATTTTAAAGATGTTACAGTGACTTATGATAAGACATCTCAAACC  
 ATCAAAATCAATCATTTGAACCTAGGAAGTGGACAAAAGTAGTTCTTAC  
 CTATGATGTACGTTTAAAGATAACTATATAAGTAACAAATTTTACAATA  
 CAAATAATCGTACAACGCTAAGTCCGAAGAGTGAAAAAGAACCAATACT  
 ATTCGTGATTTCCCAATTTCCCAAAATTCGTGATGTTCTGTGAGTTTCCGGT  
 ACTAACCATCAGTAATCAAAGAAAAATGGGTGAGGTTGAATTTATTAAAG  
 TTAATAAGACAAACATTCAGAATCGCTTTTGGGAGCTAAGTTTCAACTT  
 CAGATAAAAAAGATTTTCTGGGTATAAGCAATTTGTTCCAGAGGGAAG  
 TGATGTTACAACAAAGAATGATGGTAAATTTATTTTAAAGCACTTCAAG  
 ATGGTAACTATAAATTATATGAAATTTCAAGTCCAGATGGCTATATAGAG  
 GTTAAACGAAACCTGTTGTGACATTTACAATTCAAATGGAGAAGTTAC  
 GAACCTGAAAGCAGATCCAAATGCTAATAAAAAATCAAATCGGGTATCTTG  
 AA

## SEQ ID NO. 4110: SAG0649 FROM 2603 V/R GBS TYPE V STRAIN

MKKRQKIWRGLSVTLILLISQIPFGILVQGETQDTNQALGKVIVKKTGDNATPLGKATFVL  
 KNDNDKSETSHETVEGSGEATFENIKPGDYTLREETAPIGYKTKDKTWKVKVADNGATII  
 EGMADAKAEKRKEVLNAQYPKSAIYEDTKENYPLVNVEGSKVGEQYKALNPINGKDGRE  
 IAEGWLSKKITGVNDLKNKYKIELTVEGKTTVETKELNQPLDVVLLDNSNSMNERAN  
 NSQRALKAGEAVEKLIDKITSNKNRVALVYASTIFDGTEATVSKGVADQNGKALNDSV  
 SWDYHKTFTTATTHNYSYLNLTNDANEVNILKSRIPEAEHINGDRTLYQFGATFTQKAL  
 MKANEILETQSSNARKKLIHFVTDGVPMTSYAINFNPIYSTSYQNQFNSFLNKIPDRSGI  
 LOEDFIINGDDYQIVKGDGESFKLFSRKPVPVTGGTTQAAAYRVPQNQLSVMSNEGYAINS  
 GYIYLYWRDYNWVYPFDPKTKKVSATKQIKTHGEPTTLYFNGNIRPKGYDIFTVGIGVNG  
 DPGATPLEAEKFMQSISSKTENYTNVDDTNKIYDELNKYFKTIVEEKHSIVDGNVTDPMG  
 EMIEFQKNGQSFTHDDYVLVGNDSQKNGVALGGPNSDGGILKDVTVTYDKTSQTIKI  
 NHLNLGSGQKVVLTYDVRKLDNYISNKFYNTNNRTTSLPKSEKEPNTIRDFPIPKIRDVR  
 EFPVLTISNQKKMGEVEFIKVNKDKHSESLGAKFQLQIEKDFSGYKQFVPEGSVDVTKN  
 DGKIYFKALQDGNKYLYEISSPDGYIEVKTKPVVFTTQNGEVTNLKADPNANKNQIGYL  
 EGNKHLITNTPKRPPGVFPKTTGGIGTIVYILVGSTFMILTICSFRKQL

## SEQ ID NO. 4111: SAG0649 FROM 090 GBS TYPE Ia STRAIN

GETQDTNQALGKVIVKKTGDNATPLGKATFVLKNDNDKSETSHETVEGSGEATFENIKPG  
 DYTLREETAPIGYKTKDKTWKVKVADNGATIIEGMADAKAEKRKEVLNAQYPKSAIYEDT  
 KENYPLVNVEGSKVGEQYKALNPINGKDGREIAEGWLSKKITGVNDLKNKYKIELTVE  
 GKTTVETKELNQPLDVVLLDNSNSMNERANNSQRALKAGEAVEKLIDKITSNKNRVA  
 LVYASTIFDGTEATVSKGVADQNGKALNDSVSWDYHKTFTTATTHNYSYLNLTNDANEV  
 NILKSRIPEAEHINGDRTLYQFGATFTQKALMKANEILETQSSNARKKLIHFVTDGVP  
 MSYAINFNPIYSTSYQNQFNSFLNKIPDRSGILOEDFIINGDDYQIVKGDGESFKLFSR  
 KVPVTGGTTQAAAYRVPQNQLSVMSNEGYAINSGYIYLYWRDYNWVYPFDPKTKKVSATKQ  
 IKTHGEPTTLYFNGNIRPKGYDIFTVGIGVNGDPGATPLEAEKFMQSISSKTENYTNVDD  
 TNKIYDELNKYFKTIVEEKHSIVDGNVTDPMGEMIEFQKNGQSFTHDDYVLVGNDSQK  
 KNGVALGGPNSDGGILKDVTVTYDKTSQTIKINHLNLGSGQKVVLTYDVRKLDNYISNKF  
 YNTNNRTTSLPKSEKEPNTIRDFPIPKIRDVREFPVLTISNQKKMGEVEFIKVNKDKHSE  
 SLLGAKFQLQIEKDFSGYKQFVPEGSVDVTKNDGKIYFKALQDGNKYLYEISSPDGYIEV  
 KTKPVVFTTQNGEVTNLKADPNANKNQIGYLEGNKHLITNTPKRPPGV

## SEQ ID NO. 4112: SAG0649 FROM A909 GBS TYPE Ia STRAIN

GETQDTNQALGKVIVKKTGDNATPLGKATFVLKNDNDKSETSHETVEGSGEATFENIKPG  
 DYTLREETAPIGYKTKDKTWKVKVADNGATIIEGMADAKAEKRKEVLNAQYPKSAIYEDT  
 KENYPLVNVEGSKVGEQYKALNPINGKDGREIAEGWLSKKITGVNDLKNKYKIELTVE  
 GKTTVETKELNQPLDVVLLDNSNSMNERANNSQRALKAGEAVEKLIDKITSNKNRVA  
 LVYASTIFDGTEATVSKGVADQNGKALNDSVSWDYHKTFTTATTHNYSYLNLTNDANEV  
 NILKSRIPEAEHINGDRTLYQFGATFTQKALMKANEILETQSSNARKKLIHFVTDGVP  
 MSYAINFNPIYSTSYQNQFNSFLNKIPDRSGILOEDFIINGDDYQIVKGDGESFKLFSR  
 KVPVTGGTTQAAAYRVPQNQLSVMSNEGYAINSGYIYLYWRDYNWVYPFDPKTKKVSATKQ  
 IKTHGEPTTLYFNGNIRPKGYDIFTVGIGVNGDPGATPLEAEKFMQSISSKTENYTNVDD

## SEQUENCE LISTING

TNKIYDELNKYFKTIVEEKHSIVDGNVTDPMGEMIEFQKNGQSFTHDDYVLVGNDSQ  
KNGVALGGPNSDGGILKDVTVTYDKTSQTIKINHLNLGSGQKVVLTYDVRLKDNYSNKF  
YNTNNRTTLPKSEKEPNTIRDFPIPKIRDVREFFVLTISNQKKMGEVEFIKVNKDKHSE  
SLLGAKFQLQIEKDFSGYKQFVPEGSVDVTTKNDGKIYFKALQDGNKLYEISSPDGYIEV  
KTKPVVTFITQNGEVTNLKADPNANKNQIGYLEGNGKHLITNTPKRPPGV

## SEQ ID NO. 4113: SAG0649 FROM 18RS21 GBS TYPE II STRAIN

GETQDTNQALGKVIVKKTGDNATPLGKATFVLKNDNDKSETSHETVEGSGEATFENIKPG  
DYTLREETAPIGYKKTDKTWKVKVADNGATIEGMDADKAEKRKEVLNAQYPKSAIYEDT  
KENYPLVNVEGSKVGEQYKALNPINGKDGREIAEGWLSKKITGVNDLKNKYKIELTVE  
GKTTVETKELNQPLDVVLLDNSNSMNERANNSQRALKAGEAVEKLIDKITSNKNRVA  
LVTYASTIFDGEATVSKGVADQNGKALNDSVSWDYHKTFTTATTHNYSYLNLTNDANEV  
NILKSRIPEAEHINGDRTLYQFGATFTQKALMKANEILETQSSNARKKLI FHVTDGVPT  
MSYAINFNPIYSTSYQNQFNSFLNKIPDRSGILQEDFIINGDDYQIVKGDGESFKLFSR  
KVPVTGGTTQAAYRVPQNLQSVMSNEGAYAINSGYIYLYWRDYNWVYPFDPKTKKVSATKQ  
IKTHGEPTTLYFNGNIRPKGYDIFTVGIGVNGDPGATPLEAEKFMQSISSKTENYTNVDD  
TNKIYDELNKYFKTIVEEKHSIVDGNVTDPMGEMIEFQKNGQSFTHDDYVLVGNDSQ  
KNGVALGGPNSDGGILKDVTVTYDKTSQTIKINHLNLGSGQKVVLTYDVRLKDNYSNKF  
YNTNNRTTLPKSEKEPNTIRDFPIPKIRDVREFFVLTISNQKKMGEVEFIKVNKDKHSE  
SLLGAKFQLQIEKDFSGYKQFVPEGSVDVTTKNDGKIYFKALQDGNKLYEISSPDGYIEV  
KTKPVVTFITQNGEVTNLKADPNANKNQIGYLEGNGKHLITNTPKRPPGV

## SEQ ID NO. 4114: SAG0649 FROM M732 GBS TYPE III STRAIN

GETQDTNQALGKVIVKKTGDNATPLGKATFVLKNDNDKSETSHETVEGSGEATFENIKPG  
DYTLREETAPIGYKKTDKTWKVKVADNGATIEGMDADKAEKRKEVLNAQYPKSAIYEDT  
KENYPLVNVEGSKVGEQYKALNPINGKDGREIAEGWLSKKNTGVNDLKNKYKIELTVE  
GKTTVETKELNQPLDVVLLDNSNSMNERANNSQRALKAGEAVEKLIDKITSNKNRVA  
LVTYASTIFDGEATVSKGVADQNGKALNDSVSWDYHKTFTTATTHNYSYLNLTNDANEV  
NILKSRIPEAEHINGDRTLYQFGATFTQKALMKANEILETQSSNARKKLI FHVTDGVPT  
MSYAINFNPIYSTSYQNQFNSFLNKIPDRSGILQEDFIINGDDYQIVKGDGESFKLFSR  
KVPVTGGTTQAAYRVPQNLQSVMSNEGAYAINSGYIYLYWRDYNWVYPFDPKTKKVSATKQ  
IKTHGEPTTLYFNGNIRPKGYDIFTVGIGVNGDPGATPLEAEKFMQSISSKTENYTNVDD  
TNKIYDELNKYFKTIVEEKHSIVDGNVTDPMGEMIEFQKNGQSFTHDDYVLVGNDSQ  
KNGVALGGPNSDGGILKDVTVTYDKTSQTIKINHLNLGSGQKVVLTYDVRLKDNYSNKF  
YNTNNRTTLPKSEKEPNTIRDFPIPKIRDVREFFVLTISNQKKMGEVEFIKVNKDKHSE  
SLLGAKFQLQIEKDFSGYKQFVPEGSVDVTTKNDGKIYFKALQDGNKLYEISSPDGYIEV  
KTKPVVTFITQNGEVTNLKADPNANKNQIGYLEGNGKHLITNTPKRPPGV

## SEQ ID NO. 4115: SAG0649 FROM COH1 GBS TYPE III STRAIN

GETQDTNQALGKVIVKKTGDNATPLGKATFVLKNDNDKSETSHETVEGSGXATFENIKPG  
DYTLREETAPIGYKKTDKTWKVKVADNGATIEGMDADKAEKRKEVLNAQYPKSAIYEDT  
KENYPLVNVEGSKVGEQYKALNPINGKDGREIAEGWLSKKNTGVNDLKNKYKIELTVE  
GKTTVETKELNQPLDVVLLDNSNSMNERANNSQRALKAGEAVEKLIDKITSNKNRVA  
LVTYASTIFDGEATVSKGVADQNGKALNDSVSWDYHKTFTTATTHNYSYLNLTNDANEV  
NILKSRIPEAEHINGDRTLYQFGATFTQKALMKANEILETQSSNARKKLI FHVTDGVPT  
MSYAINFNPIYSTSYQNQFNSFLNKIPDRSGILQEDFIINGDDYQIVKGDGESFKLFSR  
KVPVTGGTTQAAYRVPQNLQSVMSNEGAYAINSGYIYLYWRDYNWVYPFDPKTKKVSATKQ  
IKTHGEPTTLYFNGNIRPKGYDIFTVGIGVNGDPGATPLEAEKFMQSISSKTENYTNVDD  
TNKIYDELNKYFKTIVEEKHSIVDGNVTDPMGEMIEFQKNGQSFTHDDYVLVGNDSQ  
KNGVALGGPNSDGGILKDVTVTYDKTSQTIKINHLNLGSGQKVVLTYDVRLKDNYSNKF  
YNTNNRTTLPKSEKEPNTIRDFPIPKIRDVREFFVLTISNQKKMGEVEFIKVNKDKHSE  
SLLGAKFQLQIEKDFSGYKQFVPEGSVDVTTKNDGKIYFKALQDGNKLYEISSPDGYIEV  
KTKPVVTFITQNGEVTNLKADPNANKNQIGYLEGNGKHLITNTPKRPPGV

## SEQ ID NO. 4115: SAG0649 FROM M781 GBS TYPE III STRAIN

GKVIVKKTGDTATPLGKATFVLKNDNDKSETSHETVEGSGKATFENIKPGDYTLREETAP  
IGYKKTDKTWKVKVADNGAXIEGMDADKAEKRKEVLNAQYPKSAIYEDTKENYPLVNVE  
GSKVGEQYKALNPINGKDGREIAEGWLSKKITGVNDLKNKYKIELTVEGKTTVETKEL  
NQPLDVVLLDNSNSMNERANNSQRALKAGEAVEKLIDKITSNKNRVALVTYASTIFD  
GTEATVSKGVADQNGKALNDSVSWDYHKTFTTATTHNYSYLNLTNDANEVNILKSRIPE  
AEHINGDRTLYQFGATFTQKALMKANEILETQSSNARKKLI FHVTDGVPTMSYAINFNPI  
ISTSYQNQFNSFLNKIPDRSGILQEDFIINGDDYQIVKGDGESFKLFSRKPVTGGTTQ  
AAYRVPQNLQSVMSNEGAYAINSGYIYLYWRDYNWVYPFDPKTKKVSATKQIKTHGEPTT  
LYFNGNIRPKGYDIFTVGIGVNGDPGATPLEAEKFMQSISSKTENYTNVDDTNKIYDELNK

## SEQUENCE LISTING

YFKTIVEEKHSIVDGNVTDPMGEMIEFQLKNGQSFTHDDYVLVGNDSQLKNGVALGGPN  
SDGGILKDVTVTYDKTSQTIKINHLNLGSGQKVVLTYDVRLLKDNYSNKFYNTNNRTLS  
PKSEKEPNTIRDFPIPKIRDVREFFVLTI SNQKKMGEVEFIKVNKDKHSESLGAKFQLQ  
IEKDFSGYKQFVPEGSVDVTTKNDGKIYFKALQDGNKLYEISSPDGYIEVKTKPVVFTTI  
QNGEVTNLKADPNANKNQIGYLEGNGKHLITNTPKRPPGV

**SEQ ID NO. 4117: SAG0649 FROM CJB110 GBS NONTYPEABLE STRAIN**  
GETQDTNQLGKVIKKTGDNATPLGKATFVLKNDNDKSETSHETVEGSGXATFENIKPG  
DYTLREETAPIGYKKTDKTWKVKVADNGATIEGMDADKAERKEVLNAQYPKSAIYEDT  
KENYPLVNVEGSKVGEQYKALNPINGKDRREIAEGWLSKKITGVNDLKNKYKIELTVE  
GKTTVETKELNQPLDVVLLDNSNSMNERANNSQRALKAGEAVEKLIDKITSNKNRVA  
LVTYASTIFDGEATVSKGVADQNGKALNDSVSWDYHKTFTTATTHNYSYLNLTNDANEV  
NILKSRIPEAEHINGDRITLYQFGATFTQKALMKANEILETQSSNARKKLI FHVTDGVPT  
MSYAINFNPIYSTSYQNFNSFLNKIPDRSGILQEDFIINGDDYQIVKGDGESFKLFSDR  
KVPVTGGTTQAAYRVPQNQLSVMSNEGAYINSYIYLYWRDYNWVYFPDPKTKKVSATKQ  
IKTHGEPTTLYFNGNIRPKGYDIFTVGIGVNGDPGATPLEAEKFMQSISSTENYTNVDD  
TNKIYDELNKYFKTIVEEKHSIVDGNVTDPMGEMIEFQLKNGQSFTHDDYVLVGNDSQL  
KNGVALGGPNSDGGILKDVTVTYDKTSQTIKINHLNLGSGQKVVLTYDVRLLKDNYSNKF  
YNTNNRTLS PKSEKEPNTIRDFPIPKIRDVREFFVLTI SNQKKMGEVEFIKVNKDKHSE  
SLGAKFQLQIEKDFSGYKQFVPEGSVDVTTKNDGKIYFKALQDGNKLYEISSPDGYIEV  
KTKPVVFTTIQNGEVTNLKADPNANKNQIGYLEGNGKHLITNTPKRPPGV

**SEQ ID NO. 4118: SAG0649 FROM JM9130013 GBS TYPE VIII STRAIN**  
GETQDTNQLGKVIKKTGDNATPLGKATFVLKNDNDKSETSHETVEGSGEATFENIKPG  
DYTLREETAPIGYKKTDKTWKVKVADNGATIEGMDADKAERKEVLNAQYPKSAIYEDT  
KENYPLVNVEGSKVGEQYKALNPINGKDRREIAEGWLSKKITGVNDLKNKYKIELTVE  
GKTTVETKELNQPLDVVLLDNSNSMNERANNSQRALKAGEAVEKLIDKITSNKNRVA  
LVTYASTIFDGEATVSKGVADQNGKALNDSVSWDYHKTFTTATTHNYSYLNLTNDANEV  
NILKSRIPEAEHINGDRITLYQFGATFTQKALMKANEILETQSSNARKKLI FHVTDGVPT  
MSYAINFNPIYSTSYQNFNSFLNKIPDRSGILQEDFIINGDDYQIVKGDGESFKLFSDR  
KVPVTGGTTQAAYRVPQNQLSVMSNEGAYINSYIYLYWRDYNWVYFPDPKTKKVSATKQ  
IKTHGEPTTLYFNGNIRPKGYDIFTVGIGVNGDPGATPLEAEKFMQSISSTENYTNVDD  
TNKIYDELNKYFKTIVEEKHSIVDGNVTDPMGEMIEFQLKNGQSFTHDDYVLVGNDSQL  
KNGVALGGPNSDGGILKDVTVTYDKTSQTIKINHLNLGSGQKVVLTYDVRLLKDNYSNKF  
YNTNNRTLS PKSEKEPNTIRDFPIPKIRDVREFFVLTI SNQKKMGEVEFIKVNKDKHSE  
SLGAKFQLQIEKDFSGYKQFVPEGSVDVTTKNDGKIYFKALQDGNKLYEISSPDGYIEV  
KTKPVVFTTIQNGEVTNLKADPNANKNQIGYLE

**SEQ ID NO. 4201: 2603 V/R STRAIN**  
ATGGTAAATAGTATTCGACGCCACGGTGAATCTGAGTGGAATAAAGCTAACCTTTTC  
ACTGGATGGGCTGACGTAGATCTTT CAGAAAAAGGTACACAACAAGCTATTGATGCTGGG  
AAATTAATCAAGCAGCAGGTATTGAGTTGACCTTGCTTTTACATCAGTTCTTAAACGT  
GCCATCAAAACAACCTTACCTTGCCCTGAAGCAGCTGATCAACTTGGGTACCAGTTGAA  
AAATCATGGCGCTTGAACGAACGTCATTACGGTGGATTGACAGGAAAAAATAAAGCAGAA  
GCAGCTGAACAATTTGGTGATGAGCAAGTTCATATTTGGCGTCGTT CATATGATGTATTG  
CCTCCAGATATGGCTAAAGATGATGAACATTCAGCACATACTGATCGT CGCTATGCTTCA  
CTAGATGATTCTGTTATTCAGATGCAGAAAACCTAAAAGTTACTTTAGAGCGTGCTCTT  
CCTTTCTGGGAAGATAAAATTGCTCCTGCTCTTAAAGATGGTAAAAATGTGTTTGTGGT  
GCACACGGTAACTCAATCCGTGCTCTTGTAAAACATATCAACAATTGT CAGATGATGAA  
ATCATGGACGTTGAAATTCCTAATCTCCACCCTTGTTCGAATTTGATGAAAAATTA  
AACCTTGTTTCAGAAATATTACTTAGGTAAA

**SEQ ID NO. 4202: 090 STRAIN**  
GTAAATAGTATTCGACGCCACGGTGAATCTGAGTG  
GAATAAAGCTAACCTTTTCACTGGATGGGCTGACGTAGATCTTT CAGAAA  
AAGGTACACAACAAGCTATTGATGCTGGGAAATTAATCAAGCAGCAGGT  
ATTGAGTTTCGACCTTGCTTTTACATCAGTTCTTAAACGTGCCATCAAAAC  
AACTAACCTTGCCCTTGAAGCAGCTGATCAACTTGGGTACCAGTTGAAA  
AATCATGGCGCTTGAACGAACGTCATTACGGTGGATTGACAGGAAAAAAT  
AAAGCAGAAGCAGCTGAACAATTTGGTGATGAGCAAGTTCATATTTGGCG  
TCGTT CATATGATGATTGCTCCAGATATGGCTAAAGATGATGAACATT  
CAGCACATACTGATCGT CGCTATGCTTCACTAGATGATTCTGTTATTCCA  
GATGCAGAAAACCTAAAAGTTACTTTAGAGCGTGCTCTTCTTTCTGGGA  
AGATAAATGCTCCTGCTCTTAAAGATGGTAAAAATGTGTTTGTGGTG

## SEQUENCE LISTING

CACACGGTAACTCAATCCGTGCTCTTGTA AAAACATATCAAACAATTGTCA  
GATGATGAAATCATGGACGTTGAAATTCCTAACTCCACCACCTGTTTT  
CGAATTTGATGAAAAATTAAACCTTGTTTCAGAATATTACTTAGGTAAA

**SEQ ID NO. 4203: A909 STRAIN**

GTAAAATTAGTATTTCGCACGCCACGGTGAATCTGAGTGG  
AATAAAGCTAACCTTTTCACTGGATGGGCTGACGTAGATCTTTCAGAAAA  
AGGTACACAACAAGCTATTGATGCTGGGAAATTAATTCAAGCAGCAGGTA  
TTGAGTTTCGACCTTGCTTTTACATCAGTTCTTAAACGTGCCATCAAACA  
ACTAACCTTGCCCTTGAAGCAGCTGATCAACTTTGGGTACCAGTTGAAAA  
ATCATGGCGCTTAAACGAACGTCATTACGGTGGATTGACAGGAAAAAATA  
AAGCAGAAGCAGCTGAACAATTTGGTGATGAGCAAGTTCATATTTGGCGT  
CGTTCATATGATGTATTGCCTCCAGATATGGCTAAAGATGATGAACATTC  
AGCACATACTGATCGTCGCTATGCTTCACTAGATGATTCTGTTATTCCAG  
ATGCAGAAAACCTAAAAGTTACTTTAGAGCGTGCTCTTCCTTTCTGGGAA  
GATAAAATTGCTCCTGCTCTTAAAGATGGTAAAAATGTGTTTGTGGTGC  
ACACGGTAACTCAATCCGTGCTCTTGTA AAAACATATCAAACAATTGTCA  
ATGATGAAATCATGGACGTTGAAATTCCTAACTCCACCACCTGTTTTT  
GAATTTGATGAAAAATTAAACCTTGTTTCAGAATATTACTTAGGTAAA

**SEQ ID NO. 4204: H36B STRAIN**

GTAAAATTAGTATTTCGCACGCCACGGTGAATCTGAG  
TGGAATAAAGCTAACCTTTTCACTGGATGGGCTGACGTAGATCTTTCAGA  
AAAAGGTACACAACAAGCTATTGATGCTGGGAAATTAATTCAAGCAGCAG  
GTATTGAGTTTCGACCTTGCTTTTACATCAGTTCTTAAACGTGCCATCAA  
ACAACTAACCTTGCCCTTGAAGCAGCTGATCAACTTTGGGTACCAGTTGA  
AAAATCATGGCGCTTGAACGAACGTCATTACGGTGGATTGACAGGAAAA  
ATAAAGCAGAAGCAGCTGAACAATTTGGTGATGAGCAAGTTCATATTTGG  
CGTCGTTTCATATGATGTATTGCCTCCAGATATGGCTAAAGATGATGAACA  
TTCAGCACATACTGATCGTCGCTATGCTTCACTAGATGATTCTGTTATT  
CAGATGCAGAAAACCTAAAAGTTACTTTAGAGCGTGCTCTTCCTTTCTGG  
GAAGATAAAATTGCTCCTGCTCTTAAAGATGGTAAAAATGTGTTTGTGG  
TGCACACGGTAACTCAATCCGTGCTCTTGTA AAAACATATCAAACAATTGT  
CAGATGATGAAATCATGGACGTTGAAATTCCTAACTCCACCACCTGTGTT  
TTCGAATTTGATGAAAAATTAAACCTTGTTTCAGAATATTACTTAGGTAA  
A

**SEQ ID NO. 4205: 18RS21 STRAIN**

GTAAAATTAGTATTTCGCACGCCACGGTGAATCTGAGTGG  
AATAAAGCTAACCTTTTCACTGGATGGGCTGACGTAGATCTTTCAGAAAA  
AGGTACACAACAAGCTATTGATGCTGGGAAATTAATTCAAGCAGCAGGTA  
(TTGAGTTTCGACCTTGCTTTTACATCAGTTCTTAAACGTGCCATCAAACA  
ACTAACCTTGCCCTTGAAGCAGCTGATCAACTTTGGGTACCAGTTGAAAA  
ATCATGGCGCTTGAACGAACGTCATTACGGTGGATTGACAGGAAAAAATA  
AAGCAGAAGCAGCTGAACAATTTGGTGATGAGCAAGTTCATATTTGGCGT  
CGTTCATATGATGTATTGCCTCCAGATATGGCTAAAGATGATGAACATTC  
AGCACATACTGATCGTCGCTATGCTTCACTAGATGATTCTGTTATTCCAG  
ATGCAGAAAACCTAAAAGTTACTTTAGAGCGTGCTCTTCCTTTCTGGGAA  
GATAAAATTGCTCCTGCTCTTAAAGATGGTAAAAATGTGTTTGTGGTGC  
ACACGGTAACTCAATCCGTGCTCTTGTA AAAACATATCAAACAATTGTCA  
ATGATGAAATCATGGACGTTGAAATTCCTAACTCCACCACCTGTTTTT  
GAATTTGATGAAAAATTAAACCTTGTTTCAGAATATTACTTAGGTAAA

**SEQ ID NO. 4206: M732 STRAIN**

GTAAAATTAGTATTTCGCACGCCACGGTGAATCTGAGTGG  
AATAAAGCTAACCTTTTCACTGGATGGGCTGACGTAGATCTTTCAGAAAA  
AGGTACACAACAAGCTATTGATGCTGGGAAATTAATTCAAGCAGCAGGTA  
TTGAGTTTCGACCTTGCTTTTACATCAGTTCTTAAACGTGCCATCAAACA  
ACTAACCTTGCCCTTGAAGCAGCTGATCAACTTTGGGTACCAGTTGAAAA  
ATCATGGCGCTTGAACGAACGTCATTACGGTGGATTGACAGGAAAAAATA  
AAGCAGAAGCAGCTGAACAATTTGGTGATGAGCAAGTTCATATTTGGCGT  
CGTTCATATGATGTATTGCCTCCAGATATGGCTAAAGATGATGAACATTC  
AGCACATACTGATCGTCGCTATGCTTCACTAGATGATTCTGTTATTCCAG  
ATGCAGAAAACCTAAAAGTTACTTTAGAGCGTGCTCTTCCTTTCTGGGAA

## SEQUENCE LISTING

GATAAAATTGCTCCTGCTCTTAAAGATGGTAAAAATGTGTTTGGTGGTGC  
 ACACGGTAACTCAATCCGTGCTCTTGTAAAACATATCAAACAATTGTCAG  
 ATGATGAAATCATGGACGTTGAAATTCCTAACTTCCCACCACTTGTTC  
 GAATTTGATGAAAAATTAAACCTTGTTCAGAATATTACTTAGGTAAA

## SEQ ID NO. 4207: COH1 STRAIN

GTAAAATTAGTATTTCGCACGCCACGG  
 TGAATCTGAGTGGGAATAAAGCTAACCTTTTCACTGGATGGGCTGACGTAG  
 ATCTTTAGAAAAAGGTACACAACAAGCTATTGATGCTGGGAAATTAATT  
 CAAGCAGCAGGTATTGAGTTCGACCTTGCTTTTACATCAGTTCTTAAACG  
 TGCCATCAAAACAACCTAACCTTGCCCTTGAAGCAGCTGATCAACTTTGGG  
 TACCAGTTGAAAAATCATGGCGCTTGAACGAACGTCATTACGGTGGATTG  
 ACAGGAAAAAATAAAGCAGAAGCAGCTGAACAATTTGGTGATGAGCAAGT  
 TCATATTTGGCGTCGTTTCATATGATGTATTGCCTCCAGATATGGCTAAAG  
 ATGATGAACATTAGCACATACTGATCGTCGCTATGCTTCACTAGATGAT  
 TCTGTTATTCAGATGCAGAAAACCTAAAAGTTACTTTAGAGCGTGCTCT  
 TCCTTTCTGGGAAGATAAAATTGCTCCTGCTCTTAAAGATGGTAAAAATG  
 TGTTTGTGGTGACACGGTAACTCAATCCGTGCTCTGTAAAACATATC  
 AAACAATTGTGATGATGAAATCATGGACGTTGAAATTCCTAACTTCCC  
 ACCACTTGTTCGAATTTGATGAAAAATTAAACCTTGTTCAGAATATT  
 ACTTAGGTAAA

## SEQ ID NO. 4208: CJB110 STRAIN

GTAAAATTAGTATTTCGCACGCCACGG  
 TGAATCTGAGTGGGAATAAAGCTAACCTTTTCACTGGATGGGCTGACGTAG  
 ATCTTTAGAAAAAGGTACACAACAAGCTATTGATGCTGGGAAATTAATT  
 CAAGCAGCAGGTATTGAGTTCGACCTTGCTTTTACATCAGTTCTTAAACG  
 TGCCATCAAAACAACCTAACCTTGCCCTTGAAGCAGCTGATCAACTTTGGG  
 TACCAGTTGAAAAATCATGGCGCTTGAACGAACGTCATTACGGTGGATTG  
 ACAGGAAAAAATAAAGCAGAAGCAGCTGAACAATTTGGTGATGAGCAAGT  
 TCATATTTGGCGTCGTTTCATATGATGTATTGCCTCCAGATATGGCTAAAG  
 ATGATGAACATTAGCACATACTGATCGTCGCTATGCTTCACTAGATGAT  
 TCTGTTATTCAGATGCAGAAAACCTAAAAGTTACTTTAGAGCGTGCTCT  
 TCCTTTCTGGGAAGATAAAATTGCTCCTGCTCTTAAAGATGGTAAAAATG  
 TGTTTGTGGTGACACGGTAACTCAATCCGTGCTCTGTAAAACATATC  
 AAACAATTGTGATGATGAAATCATGGACGTTGAAATTCCTAACTTCCC  
 ACCACTTGTTCGAATTTGATGAAAAATTAAACCTTGTTCAGAATATT  
 ACTTAGGTAAA

## SEQ ID NO. 4209: 1169NT STRAIN

AGTATTCGCACGCCACGGTGAATCTGAGTGGGAATAAAGCTAACCTTTTCA  
 CTGGATGGGCTGACGTAGATCTTTAGAAAAAGGTACACAACAAGCTATT  
 GATGCTGGGAAATTAATTCAAGCAGCAGGTATTGAGTTCGACCTTGCTTT  
 TACATCAGTTCTTAAACGTCGCATCAAAACAACCTTGCCCTTGAAG  
 CAGCTGATCAACTTTGGGTACAGTTGAAAAATCATGGCGCTTGAACGAA  
 CGTCATTACGGTGGATTGACAGGAAAAAATAAAGCAGAAGCAGCTGAACA  
 ATTTGGTGATGAGCAAGTTTCATATTTGGCGTCGTTTCATATGATGTATTGC  
 CTCCAGATATGGCTAAAGATGATGAACATTAGCACATACTGATCGTCGC  
 TATGCTTCACTAGATGATTCTGTTATTCAGATGCAGAAAACCTAAAAGT  
 TACTTTAGAGCGTGCTCTTCTTTCTGGGAAGATAAAATTGCTCCTGCTC  
 TTAAAGATGGTAAAAATGTGTTTGTGGTGACACGGTAACTCAATCCGT  
 GCTCTTTGAAAAACATATCAAACAATTGTGATGATGAAATCATGGACGT  
 TGAAATTCCTAACTTCCCACCACTTGTTCGAATTTGATGAAAAATTAA  
 ACCTTGTTCAGAATATTACTTAGGTAAA

## SEQ ID NO. 4210: M781 STRAIN

GTAAAATTAGTATTTCGCACGCCACGGT  
 GAATCTGAGTGGGAATAAAGCTAACCTTTTCACTGGATGGGCTGACGTAGA  
 TCTTTAGAAAAAGGTACACAACAAGCTATTGATGCTGGGAAATTAATTC  
 AAGCAGCAGGTATTGAGTTCGACCTTGCTTTTACATCAGTTCTTAAACG  
 GCCATCAAAACAACCTAACCTTGCCCTTGAAGCAGCTGATCAACTTTGGGT  
 ACCAGTTGAAAAATCATGGCGCTTGAACGAACGTCATTACGGTGGATTGA  
 CAGGAAAAAATAAAGCAGAAGCAGCTGAACAATTTGGTGATGAGCAAGTT  
 CATATTTGGCGTCGTTTCATATGATGTATTGCCTCCAGATATGGCTAAAGA

## SEQUENCE LISTING

TGATGAACATTTCAGCACATACTGATCGTCGCTATGCTTCACTAGATGATT  
CTGTTATTCAGATGCAGAAAACCTAAAAGTTACTTTAGAGCGTGCTCTT  
CCTTTCTGGGAAGATAAAATTGCTCCTGCTCTTAAAGATGGTAAAAATGT  
GTTTGTGGTGCACACGGTAACTCAATCCGTGCTCTTGTAAACATATCA  
AACAAATTGTCAGATGATGAAATCATGGACGTTGAAATTCCTAACTCCCA  
CCACTTGTTTTCGAATTTGATGAAAAATTAAACCTTGTTCAGAATATTA  
CTTAGGTAAA

## SEQ ID NO. 4211: JM930013 STRAIN

GTAAAATTAGTATTCGCACGCCACGGTGAATCT  
GAGTGGGAATAAAGCTAACCTTTTCACTGGATGGGCTGACGTAGATCTTTC  
AGAAAAAGGTACACAACAAGCTATTGATGCTGGGAAATTAATTCAAGCAG  
CAGGTATTGAGTTCGACCTTGCTTTTACATCAGTTCTTAAACGTGCCATC  
AAAACAACTAACCTTGCCCTTGAAGCAGCTGATCAACTTTGGGTACCACT  
TGAAAAATCATGGCGCTTGAACGAACGTCATTACGGTGGATTGACAGGAA  
AAAATAAAGCAGAAGCAGCTGAACAATTTGGTGATGAGCAAGTTCATATT  
TGGCGTCGTTTATGATGATTGCCTCCAGATATGGCTAAAGATGATGA  
ACATTGAGCACATACTGATCGTCGCTATGCTTCACTAGATGATTCTGTTA  
TTCCAGATGCAGAAAACCTAAAAGTTACTTTAGAGCGTGCTCTTCTTTC  
TGGGAAGATAAAATTGCTCCTGCTCTTAAAGATGGTAAAAATGTGTTTGT  
TGGTGCACACGGTAACTCAATCCGTGCTCTTGTAAACATATCAAACAAT  
TGTCAGATGATGAAATCATGGACGTTGAAATTCCTAACTTCCCACTT  
GTTTTCGAATTTGATGAAAAATTAAACCTTGTTCAGAATATTACTTAGG  
TAAA

## SEQ ID NO. 4212: 2603 V/R STRAIN

VKLVFARHGESEWNKANLFTGWADVDLSEKGTQQAIDAGKLIQAAGIEFDLAFTSVLKRA  
IKTTNLALEAADQLWVPVEKSWRLNERHYGGLTGKNKAEAAEQFGDEQVHIWRRSYDVLP  
PDMADDEHSAHTDRRYASLDDSVIPDAENLKVTLERALPFWEDKIAPALKDGNVFGA  
HGNSIRALVKHIKQLSDDEIMDVEIPNFPPLVFEFDEKLNLVSEYYLGK

## SEQ ID NO. 4213: 090 STRAIN

VKLVFARHGESEWNKANLFTGWADVDLSEKGTQQAIDAGKLIQAAGIEFDLAFTSVLKRA  
IKTTNLALEAADQLWVPVEKSWRLNERHYGGLTGKNKAEAAEQFGDEQVHIWRRSYDVLP  
PDMADDEHSAHTDRRYASLDDSVIPDAENLKVTLERALPFWEDKIAPALKDGNVFGA  
HGNSIRALVKHIKQLSDDEIMDVEIPNFPPLVFEFDEKLNLVSEYYLGK

## SEQ ID NO. 4214: A909 STRAIN

VKLVFARHGESEWNKANLFTGWADVDLSEKGTQQAIDAGKLIQAAGIEFDLAFTSVLKRA  
IKTTNLALEAADQLWVPVEKSWRLNERHYGGLTGKNKAEAAEQFGDEQVHIWRRSYDVLP  
PDMADDEHSAHTDRRYASLDDSVIPDAENLKVTLERALPFWEDKIAPALKDGNVFGA  
HGNSIRALVKHIKQLSDDEIMDVEIPNFPPLVFEFDEKLNLVSEYYLGK

## SEQ ID NO. 4215: H36B STRAIN

VKLVFARHGESEWNKANLFTGWADVDLSEKGTQQAIDAGKLIQAAGIEFDLAFTSVLKRA  
IKTTNLALEAADQLWVPVEKSWRLNERHYGGLTGKNKAEAAEQFGDEQVHIWRRSYDVLP  
PDMADDEHSAHTDRRYASLDDSVIPDAENLKVTLERALPFWEDKIAPALKDGNVFGA  
HGNSIRALVKHIKQLSDDEIMDVEIPNFPPLVFEFDEKLNLVSEYYLGK

## SEQ ID NO. 4216: 18RS21 STRAIN

VKLVFARHGESEWNKANLFTGWADVDLSEKGTQQAIDAGKLIQAAGIEFDLAFTSVLKRA  
IKTTNLALEAADQLWVPVEKSWRLNERHYGGLTGKNKAEAAEQFGDEQVHIWRRSYDVLP  
PDMADDEHSAHTDRRYASLDDSVIPDAENLKVTLERALPFWEDKIAPALKDGNVFGA  
HGNSIRALVKHIKQLSDDEIMDVEIPNFPPLVFEFDEKLNLVSEYYLGK

## SEQ ID NO. 4217: M732 STRAIN

VKLVFARHGESEWNKANLFTGWADVDLSEKGTQQAIDAGKLIQAAGIEFDLAFTSVLKRA  
IKTTNLALEAADQLWVPVEKSWRLNERHYGGLTGKNKAEAAEQFGDEQVHIWRRSYDVLP  
PDMADDEHSAHTDRRYASLDDSVIPDAENLKVTLERALPFWEDKIAPALKDGNVFGA  
HGNSIRALVKHIKQLSDDEIMDVEIPNFPPLVFEFDEKLNLVSEYYLGK

## SEQ ID NO. 4218: COH1 STRAIN

VKLVFARHGESEWNKANLFTGWADVDLSEKGTQQAIDAGKLIQAAGIEFDLAFTSVLKRA  
IKTTNLALEAADQLWVPVEKSWRLNERHYGGLTGKNKAEAAEQFGDEQVHIWRRSYDVLP



## SEQUENCE LISTING

PDMAKDDEHSAHTDRRYASLDDSVIPDAENLKVTLERALPFWEDKIAPALKDGNVFGA  
HGNSIRALVKHIKQLSDDEIMDVEIPNFPPLVFEFDEKLNLVSEYYLGK

## SEQ ID NO. 4219: CJB110 STRAIN

VKLVFARHGESEWNKANLFTGWADVDLSEKGTQQAIDAGKLIQAAGIEFDLAFTSVLKRA  
IKTTNLALEAADQLWVPVEKSWRLNERHYGGLTGKNKAEAAEQFGDEQVHIWRRSYDVL  
PDKMAKDDEHSAHTDRRYASLDDSVIPDAENLKVTLERALPFWEDKIAPALKDGNVFGA  
HGNSIRALVKHIKQLSDDEIMDVEIPNFPPLVFEFDEKLNLVSEYYLGK

## SEQ ID NO. 4220: 1169NT STRAIN

VFARHGESEWNKANLFTGWADVDLSEKGTQQAIDAGKLIQAAGIEFDLAFTSVLKRAIKT  
TNLALAEAADQLWVPVEKSWRLNERHYGGLTGKNKAEAAEQFGDEQVHIWRRSYDVL  
AKDDEHSAHTDRRYASLDDSVIPDAENLKVTLERALPFWEDKIAPALKDGNVFGAHGN  
SIRALVKHIKQLSDDEIMDVEIPNFPPLVFEFDEKLNLVSEYYLGK

## SEQ ID NO. 4221: M781 STRAIN

VKLVFARHGESEWNKANLFTGWADVDLSEKGTQQAIDAGKLIQAAGIEFDLAFTSVLKRA  
IKTTNLALAEAADQLWVPVEKSWRLNERHYGGLTGKNKAEAAEQFGDEQVHIWRRSYDVL  
PDKMAKDDEHSAHTDRRYASLDDSVIPDAENLKVTLERALPFWEDKIAPALKDGNVFGA  
HGNSIRALVKHIKQLSDDEIMDVEIPNFPPLVFEFDEKLNLVSEYYLGK

## SEQ ID NO. 4222: JM9130013 STRAIN

VKLVFARHGESEWNKANLFTGWADVDLSEKGTQQAIDAGKLIQAAGIEFDLAFTSVLKRA  
IKTTNLALAEAADQLWVPVEKSWRLNERHYGGLTGKNKAEAAEQFGDEQVHIWRRSYDVL  
PDKMAKDDEHSAHTDRRYASLDDSVIPDAENLKVTLERALPFWEDKIAPALKDGNVFGA  
HGNSIRALVKHIKQLSDDEIMDVEIPNFPPLVFEFDEKLNLVSEYYLGK

## SEQ ID NO. 4301: 2603 V/R STRAIN

ATGAATCTTTTAATTATGGGTTTGCCTGGTGGTAAAGGTACTCAAGCAGCTAAGATC  
GTTGAAGAATTTGGTGTGCTCACATCTCAACAGGGGATATGTTCCGCGCCGCAATGGCT  
AATCAAACCGAAATGGGACGTTTAGCTAAAAGTTATATTGATAAAGGTGAATTGGTTCCT  
GATGAAGTAACAAACGGGATTGTAAAAGAGCGCTTAGCTGAGGATGATATCGCAGAAAAA  
GGTTTTTTACTTGATGGATATCCACGTACTATTGAACAAGCACACGCTTAGATGCTACG  
CTTGAAGAACTAGGACTACGCTTAGATGGTGTATTAAATATTAAAGTGGATCCATCATGT  
CTTATAGAGCGTTTGAGTGkTCGTATTATCAATCGTAAAACTGGTGAACTTTCCACAAA  
GTGTTCAACCCACCAGTAGATTATAAAGAAGAAGATTACTATCAACGTGAAGATGATAAG  
CCTGAAACTGTCAACGTCGCTTGGACGTTAATATTGCTCAAGGAGAACCTATTCTTGAA  
CACTATCGTAAGCTTGGTCTTGTTACAGATATTGAAGGTAATCAAGAAATAACAGAAGTT  
TTTGCAGATGTTGAAAAAGCGTTGCTAGAACTCAA

## SEQ ID NO. 4302: 090 STRAIN (reverse complement)

AATCTTTTAATTATGGGTTTGCCTGGTGGTAAAGGTACTCA  
AGCAGCTAAGATCGTTGAAGAATTTGGTGTGCTCACATCTCAACAGGGGATATGTTCCG  
CGCCGCAATGGCTAATCAAACCGAAATGGGACGTTTAGCTAAAAGTTATATTGATAAAGG  
TGAATTGGTTCCTGATGAAGTAACAAACGGGATTGTAAAAGAGCGCTTAGCTGAGGATGA  
TATCGCAGAAAAAGGTTTTTTACTTGATGGATATCCACGTACTATTGAACAAGCACACGC  
CTTAGATGCTACGCTTGAAGAACTAGGACTACGCTTAGATGGTGTATTAAATATTAAAGT  
GGATCCATCATGTCTTATAGAGCGTTTGAGTGGTCGTATTATCAATCGTAAAACTGGTGA  
AACTTTCCACAAAGTGTCAACCCACCAGTAGATTATAAAGAAGAAGATTACTATCAACG  
TGAAGATGATAAGCCTGAAACTGTCAAACGTCGCTTGGACGTTAATATTGCTCAAGGAGA  
ACCTATTCTTGAACACTATCGTAAGCTTGGTCTTGTTACAGATATTGAAGGTAATCAAGA  
ATAACAGAAGTTTTTGCAGATGTTGAAAAAGCGTTG

## SEQ ID NO. 4303: 1169NT STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)

TGGTAAAGGGACTCAAGCAGCTAAGATTGTTGAAGAATTTGGTGTGCGCACATCTCAAC  
AGGGGATATGTTCCGCGCCGCAATGGCTAATCAAACCGAAATGGGACGTTTAGCTAAAAG  
TTATATTGATAAAGGTGAATTGGTTCCTGATCAAGTAACAAACGGGATTGTAAAAGAGCG  
CTTAGCTGAGGATGATATCGCAGAAAAAGGTTTTTTACTTGATGGGATCCACGTACTAT  
TGAACAAGCACACGCTTAGATGCTACGCTTGAAGAACTAGGACTACGCTTAGATGGTGT  
TATTAAATATTAAAGTGGATCCATCATGTCTTATAGAGCGTTTGAGTGGTCGTATTATCAA  
TCGTAACAACTGGTGAACCTTTCCACAAAGTGTCAACCCACCAGTAGATTATAAAGAAGA  
AGATTACTATCAACGTGAAGATGATAAGCCTGAACTGTCAAACGTCGCTTGGACGTTCA  
TATTGCTCAAGGAGAACCTATTCTTGAACACTATAGTAAGCTTGGCCTTGTTACAGATAT  
TGAAGGTAATCAAGAAATAA

## SEQUENCE LISTING

## SEQ ID NO. 4304: 18RS21 STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)

AATCTTTTAACACGGGTTGCGCTGGTGCTGGTAAAGGTACTCAAGCAGCTAAGATCG  
 TTGAAGAATTTGGTGTTGCTCACATCTCAACAGGGGATATGTTCCGCGCCGCAATGGCTA  
 ATCAAACCGAAATGGGACGTTTAGCTAAAAGTTATATTGATAAAGGTGAATTGGTTCCTG  
 ATGAAGTAACAAACGGGATTGTAAAAGAGCGCTTAGCTGAGGATGATATCGCAGAAAAAG  
 GTTTTTFACCTTGATGGATATCCACGTACTATTGAACAAGCACACGCCTTAGATGCTACGC  
 TTGAAGAACTAGGACTACGCTTAGATGGTGTTATTAATATTAAGTGGATCCATCATGTC  
 TTATAGAGCGTTTGAGTGGTCTGATTATCAATCGTAAAAGTGGTGAAGCTTTCCACAAAG  
 TGTTCAACCCACCAGTAGATTATAAAGAAGAAGATTACTATCAACGTGAAGATGATAAGC  
 CTGAAACTGTCAAACGTGCGTTGGACGTTAATATTGCTCAAGGAGAACCTATTCTTGAAC  
 ACTATCGTAAGCTTGGTCTTGTTACAGATATTGAAGGTAATCAAGAAATAACAGAAGTTT  
 TTGCAGATGTTGAAAAAGCGTTG

## SEQ ID NO. 4305: A909 STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)

AATCTTTTAATTATGGGTTTGCCTGGTGCTGGTAAAGGTACTCAAGCAG  
 CTAAGATCGTTGAAGAATTTGGTGTTGCTCACATCTCAACAGGGGATATGTTCCGCGCCG  
 CAATGGCTAATCAAACCGAAATGGGACGTTTAGCTAAAAGTTATATTGATAAAGGTGAAT  
 TGGTTCCTGATGAAGTAACAAACGGGATTGTAAAAGAGCGCTTAGCTGAGGATGATATCG  
 CAGAAAAAGGTTTTTACTTGATGGATATCCACGTACTATTGAACAAGCACACGCCTTAG  
 ATGCTACGCTTGAAGAAGTACGCTTAGATGGTGTTATTAATATTAAGTGGATC  
 CATCATGTCTTATAGAGCGTTTGAGTGGTCTGATTATCAATCGTAAAAGTGGTGAAGCTT  
 TCCACAAAGTGTTCACCCACCAGTAGATTATAAAGAAGAAGATTACTATCAACGTGAAG  
 ATGATAAGCCTGAAACTGTCAAACGTGCGTTGGACGTTAATATTGCTCAAGGAGAACTTA  
 TTCTTGAACACTATCGAAAGCTTGGTCTTGTTACAGATATTGAAGGTAA

## SEQ ID NO. 4306: CJB110 STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)

AATCTTTTAACACGGGTTTGCCTGGTGCTGGTAAAGGTACTCAAGCAGCTAA  
 GATCGTTGAAGAATTTGGTGTTGCTCACATCTCAACAGGGGATATGTTCCGCGCCGCAAT  
 GGCTAATCAAACCGAAATGGGACGTTTAGCTAAAAGTTATATTGATAAAGGTGAATTGGT  
 TCCTGATGAAGTAACAAACGGGATTGTAAAAGAGCGCTTAGCTGAGGATGATATCGCAGA  
 AAAAGGTTTTTACTTGATGGATATCCACGTACTATTGAACAAGCACACGCCTTAGATGC  
 TAGCCTTGAAGAACTAGGACTACGCTTAGATGGTGTTATTAATATTAAGTGGATCCATC  
 ATGTCTTATAGAGCGTTTGAGTGGTCTGATTATCAATCGTAAAAGTGGTGAAGCTTTCCA  
 CAAAGTGTTCACCCACCAGTAGATTATAAAGAAGAAGATTACTATCAACGTGAAGATGA  
 TAAGCCTGAAACTGTCAAACGTGCGTTGGACGTTAATATTGCTCAAGGAGAACCTATTCT  
 TGAACACTATAG

## SEQ ID NO. 4307: COH1 STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)

ATCTTTTAATTATGGGTTTGCCTGGTGCTGGTAAAGGTACTCAAGCAGCTAAGATTGTTG  
 AAGAATTTGGTGTTGCTCACATCTCAACAGGGGATATGTTCCGCGCCGCAATGGCTAATC  
 AAACCCAAATGGGACGTTTAGCTAAAAGTTATATTGATAAAGGTGAATTGGTTCCTGATG  
 AAGTAACAAACGGGATTGTAAAAGAGCGCTTAGCTGAGGATGATATCGCAGAAAAAGGTT  
 TTTTACTTGATGGATATCCACGTACTATTGAGCAAGCACACGCCTTAGATGCTACGCTTG  
 AAGAAGTAGGACTACGCTTAGATGGTGTTATTAATATTAAGTGGATCCAACATGCCTTA  
 TAGAGCGTTTGAGTGGCCGTATTATCAATCGTAAAAGTGGTGAAGCTTTCCACAAAGTGT  
 TCAACCCACCAGTAGATTATAAAGAAGAAGATTACTATCAACGTGAAGATGATAAGCCTG  
 AAAGTGTCAAACGTGCGTTGGACGTTAATATTGCTCAAGGAGAACCTATTCTTGAACACT  
 ATCGTAAGCTTGGTCTTGTTACAGATATTGAAGGTAATCAAGAAATAACAGAAGTTTTTG  
 CAGATGTTGAAAAAGCGTTG

## SEQ ID NO. 4308: H36B STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)

CAGGGGATATGTTCCGCGCCGCAATGGCTAATCAAACCGAAATGGGACGTTTAGCTAAAA  
 GTTATATTGATAAAGGTGAATTGGTTCCTGATGAAGTAACAAACGGGATTGTAAAAGAGC  
 GCTTAGCTGAGGATGATATCGCAGAAAAAGGTTTTTACTTGATGGATATCCACGTACTA  
 TTGAACAAGCACACGCCTTAGATGCTACGCTTGAAGAAGTAGGACTACGCTTAGATGGTG  
 TTATTAATATTAAGTGGATCCATCATGTCTTATAGAGCGTTTGAGTGGTCTGATTATCA  
 ATCGTAAAAGTGGTGAAACTTTCCACAAAGTGTTCACCCACCAGTAGATTATAAAGAAG  
 AAGATTACTATCAACGTGAAGATGATAAGCCTGAAACTGTCAAACGTGCGTTGGACGTTA  
 ATATTGCTCAAGGAGAACTATCTTCTTGAACACTATCGTAAGCTTGGTCTTGTTACAGATA  
 TTGAAGGTAATCAAGAAATAACAGAAGTTTTTGCAGATGTTGAAAAAGCGTTG

## SEQ ID NO. 4309: JM9130013 STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)

AATCTTTTAATTATGGGTTTGCCTGGTGCTGGTAAAGGT  
 ACTCAAGCAGCTAAGATCGTTGAAGAATTTGGTGTTGCTCACATCTCAACAGGGGATATG

## SEQUENCE LISTING

TTCCGCGCCGCAATGGCTAATCAAACCGAAATGGGACGTTTAGCTAAAAGTTATATTGAT  
 AAAGGTGAATTGGTTCCCTGATGAAGTAACAAACGGGATGTAAAGAGCGCTTAGCTGAG  
 GATGATATCGCAGAAAAAGGTTTTTACTTGATGGATATCCACGTACTATTGAACAAGCA  
 CACGCCCTTAGATGCTACGCTTGAAGAACTAGGACTACGCTTAGATGGTGTATTATAATATT  
 AAAGTGGATCCATCATGTCTTATAGAGCGTTTGAGTGGTCGTATTATCAATCGTAAACT  
 GGTGAACTTTCCACAAAGTGTTCAACCCACCAGTAGATTATAAAGAAGAAGATTACTAT  
 CAACGTGAAGATGATAAGCCTGAAACTGTAAACGTCGCTTGACGTTAATATTGCTCAA  
 GGAGAACCTATTCTTGAACACTATAAAAAGCTTGGTCTTGTTACAGATATTGAAGGTAAT  
 CA

## SEQ ID NO. 4310: M732 STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)

CTTTTAATTATGGGTTTGCCTGGTGGTAAAGGTAAGCTCAAGCAGCTAAGATTGTTGAA  
 GAATTTGGTGTGCTCACATCTCAACAGGGGATATGTTCCGCGCCGCAATGGCTAATCAA  
 ACCCAAATGGGACGTTTAGCTAAAAGTTATATTGATAAAGGTGAATTGGTTCCTGATGAA  
 GTAACAAACGGGATTGTAAAGAGCGCTTAGCTGAGGATGATATCGCAGAAAAAGGTTT  
 TTACTTGATGGATATCCACGTACTATTGAGCAAGCACACGCCTTAGATGCTACGCTTGAA  
 GAACTAGGACTACGCTTAGATGGTGTATTATAATATTAAAGTGGATCCAACATGCCTTATA  
 GAGCGTTTGAGTGGCCGTATTATCAATCGTAAACTGGTGAACTTTCCACAAAGTGTTT  
 AACCACCCAGTAGATTATAAAGAAGAAGATTACTATCAACGTGAAGATGATAAGCCTGAA  
 ACTGTCAAACGTCGCTTGACGTTAATATTGCTCAAGGAGAACCTATTCTTGAACACTAT  
 CGTAAGCTTGGTCTTGACAGATATTGAAGGTAATCAAGAAATAACAGAAGTTTTTGA  
 GATGTTGAAAAAGCGTTG

## SEQ ID NO. 4311: M781 STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)

AATCTTTTAATTACGGGTTTGCCTGGTGGTAAAGGTAAGCTCAAG  
 GCAGCTAAGATTGTTGAAGAATTTGGTGTGCTCACATCTCAACAGGGGATATGTTCCGC  
 GCCGCAATGGCTAATCAAACCCAAATGGGACGTTTAGCTAAAAGTTATATTGATAAAGGT  
 GAATTTGGTTCCTGATGAAGTAACAAACGGGATTGTAAAGAGCGCTTAGCTGAGGATGAT  
 ATCGCAGAAAAAGGTTTTTACTTGATGGATATCCACGTACTATTGAGCAAGCACACGCC  
 TTAGATGCTACGCTTGAGAACTAGGACTACGCTTAGATGGTGTATTATAATATTAAAGTG  
 GATCCAACATGCCTTATAGAGCGTTTGAGTGGCCGTATTATCAATCGTAAACTGGTGAA  
 ACTTTCCACAAAGTGTTCAACCCACCAGTAGATTATAAAGAAGAAGATTACTATCAACGT  
 GAAGATGATAAGCCTGAAACTGTCAAACGTCGCTTGACGTTAATATTGCTCAA

## SEQ ID NO. 4312: 2603 V/R STRAIN

MNLLIMGLPGAGKGTQAAKIVEEFGVAHISTGDMFRAAMANQTEMGR LAKSYIDKGELVP  
 DEVTNGIVKERLAEDDIAEKGFLLDGYPTIEQAHALDATLEELGLRLDGVINIKVDPSC  
 LIERLSXRIINRKTGETFHKVFNPVVDYKEEDYYQREDDKPETVKRRLDVNIAQGEPILE  
 HYRKLGLVTDIEGNQEITEVFADVEKALLELK

## SEQ ID NO. 4313: 090 STRAIN

NLLIMGLPGAGKGTQAAKIVEEFGVAHISTGDMFRAAMANQTEMGR LAKSYIDKGELVPD  
 EVTNGIVKERLAEDDIAEKGFLLDGYPTIEQAHALDATLEELGLRLDGVINIKVDPSC  
 LIERLSGRIINRKTGETFHKVFNPVVDYKEEDYYQREDDKPETVKRRLDVNIAQGEPILEH  
 YRKLGLVTDIEGNQEITEVFADVEKALLELK

## SEQ ID NO. 4314: 1169NT STRAIN

GKGTQAAKIVEEFGVAHISTGDMFRAAMANQTEMGR LAKSYIDKGELVPDQVTNGIVKER  
 LAEDDIAEKGFLLDGYPTIEQAHALDATLEELGLRLDGVINIKVDPSC LIERLSGRIIN  
 RKTGETFHKVFNPVVDYKEEDYYQREDDKPETVKRRLDVHIAQGEPILEHYSKLG LVTDI  
 EGNQEI

## SEQ ID NO. 4315: 18RS21 STRAIN

NLLTSGSPGAGKGTQAAKIVEEFGVAHISTGDMFRAAMANQTEMGR LAKSYIDKGELVPD  
 EVTNGIVKERLAEDDIAEKGFLLDGYPTIEQAHALDATLEELGLRLDGVINIKVDPSC  
 LIERLSGRIINRKTGETFHKVFNPVVDYKEEDYYQREDDKPETVKRRLDVNIAQGEPILEH  
 YRKLGLVTDIEGNQEITEVFADVEKALLE

## SEQ ID NO. 4316: A909 STRAIN

NLLIMGLPGAGKGTQAAKIVEEFGVAHISTGDMFRAAMANQTEMGR LAKSYIDKGELVPD  
 EVTNGIVKERLAEDDIAEKGFLLDGYPTIEQAHALDATLEELGLRLDGVINIKVDPSC  
 LIERLSGRIINRKTGETFHKVFNPVVDYKEEDYYQREDDKPETVKRRLDVNIAQGESILEH  
 YRKLGLVTDIEG

## SEQUENCE LISTING

## SEQ ID NO. 4317: A909 STRAIN

LLIMGLPGAGKGTQAAKIVEEFGVAHISTGDMFRAAMANQTEMGR LAKSYIDKGELVPD  
 EVTNGIVKERLAEDDIAEKGFLLDGYPR TIEQAHALDATLEELGLRLDGVINIKVDPSCL  
 IERLSGRIINRKTGETFHKVFNPPVDYKEEDYYQREDDKPETVKRRLDVNIAQGESILEH  
 YRKLGLVTDIEG

## SEQ ID NO. 4318: CJB110 STRAIN

LLTTGLLGAGKGTQAAKIVEEFGVAHISTGDMFRAAMANQTEMGR LAKSYIDKGELVPD  
 EVTNGIVKERLAEDDIAEKGFLLDGYPR TIEQAHALDATLEELGLRLDGVINIKVDPSCL  
 IERLSGRIINRKTGETFHKVFNPPVDYKEEDYYQREDDKPETVKRRLDVNIAQGEPILEH  
 Y

## SEQ ID NO. 4319: COH1 STRAIN

LLIMGLPGAGKGTQAAKIVEEFGVAHISTGDMFRAAMANQTOMGR LAKSYIDKGELVPDE  
 VTNGIVKERLAEDDIAEKGFLLDGYPR TIEQAHALDATLEELGLRLDGVINIKVDPTCLI  
 ERLSGRIINRKTGETFHKVFNPPVDYKEEDYYQREDDKPETVKRRLDVNIAQGEPILEHY  
 RKLGLVTDIEGNOEITEVFADVEKALL

## SEQ ID NO. 4320: H36B STRAIN

GDMFRAAMANQTEMGR LAKSYIDKGELVPDEV TNGIVKERLAEDDIAEKGFLLDGYPR TI  
 EQAHALDATLEELGLRLDGVINIKVDPSCLIERLSGRIINRKTGETFHKVFNPPVDYKEE  
 DYYQREDDKPETVKRRLDVNIAQGESILEHYRKLGLVTDIEGNOEITEVFADVEKAL

## SEQ ID NO. 4321: JM9130013 STRAIN

LLIMGLPGAGKGTQAAKIVEEFGVAHISTGDMFRAAMANQTEMGR LAKSYIDKGELVPD  
 EVTNGIVKERLAEDDIAEKGFLLDGYPR TIEQAHALDATLEELGLRLDGVINIKVDPSCL  
 IERLSGRIINRKTGETFHKVFNPPVDYKEEDYYQREDDKPETVKRRLDVNIAQGEPILEH  
 YKKLGLVTDIEGN

## SEQ ID NO. 4322: M732 STRAIN

LLIMGLPGAGKGTQAAKIVEEFGVAHISTGDMFRAAMANQTOMGR LAKSYIDKGELVPDE  
 VTNGIVKERLAEDDIAEKGFLLDGYPR TIEQAHALDATLEELGLRLDGVINIKVDPTCLI  
 ERLSGRIINRKTGETFHKVFNPPVDYKEEDYYQREDDKPETVKRRLDVNIAQGEPILEHY  
 RKLGLVTDIEGNOEITEVFADVEKALLELK

## SEQ ID NO. 4323: M781 STRAIN

LLITGLPGAGKGTQAAKIVEEFGVAHISTGDMFRAAMANQTOMGR LAKSYIDKGELVPD  
 EVTNGIVKERLAEDDIAEKGFLLDGYPR TIEQAHALDATLEELGLRLDGVINIKVDPTCL  
 IERLSGRIINRKTGETFHKVFNPPVDYKEEDYYQREDDKPETVKRRLDVNIAQ

## SEQ ID NO. 4401

## STRAIN 2603

GTGGATAAACATCACTCAAAAAAGGCTATTTTAAAGTTAACA  
 CTTATAACAAC TAGTATTTTATTAATGCATAGCAATCAAGTGAATGCAGAGGAGCAAGAA  
 TTAAAAAACCAAGAGCAATCACCTGTAATTGCTAATGTTGCTCAACAGCCATCGCCATCG  
 GTAATACTAATACTGTTGAAAAACATCTGTAACAGCTGCTTCTGCTAGTAATACAGCG  
 AAAGAAATGGGTGATACATCTGTAATAAATGACAAAACAGAAGATGAATTATTAGAAGAG  
 TTATCTAAAAACCTTGATACGTCTAATTTGGGGGCTGATCTTGAGAAGAATATCCCTCT  
 AAACCAGAGACAACCAACAATAAAGAAAGCAATGTAGTAACAAATGCTTCAACTGCAATA  
 GCACAGAAAGTTCCCTCAGCATATGAAGAGGTGAAGCCAGAAAGCAAGTCATCGCTTGCT  
 GTTCTTGATACATCTAAAATAACAAAATTACAAGCCATAACCCAAAGAGGAAAGGAAAT  
 GTAGTAGCTATTATTGATACCTGGCTTTGATATTAACCATGATATTTTCGTTTAGATAGC  
 CAAAAGATGATAAGCACAGCTTTAAACTAAGACAGAATTTGAGGAATTTAAAGCAAAA  
 CATAATATCACTTATGGGAAATGGGTAAACGATAAGATTGTTTTTGCACATAACTACGCC  
 AACAAATACAGAAACGGTGGCTGATATTGCAGCAGCTATGAAAGATGGTTATGGTTCAGAA  
 GCAAAGAATATTTGCGATGGTACACACGTTGCTGGTATTTTGTAGGTAATAGTAAACGT  
 CCAGCAATCAATGGTCTTCTTTTAGAAGGTGCAGCGCAAATGCTCAAGTCTTATTAATG  
 CGTATTCCAGATAAAATTGATTCGGACAAATTTGGTGAAGCATATGCTAAAGCAATCACA  
 GACGCTGTTAATCTAGGAGCAAAAACGATTAATATGAGTATTGGAAAAACAGCTGATTCT  
 TTAATTGCTCTCAATGATAAAGTTAAATTAGCACTTAAATTAGCTTCTGAGAAGGGCGTT  
 GCAGTTGTTGGTGCAGGAAATGAAGGCGCATTTGGTATGGATTATAGCAAACCATTA  
 TCAACTAATCCTGACTACGGTACGGTTAATAGTCCAGCTATTTCTGAAGATACTTTGAGT  
 GTTGCTAGCTATGAATCACTTAAACTATCAGTGAGGTCGTTGAAACAACATTGAAGGT  
 AAGTTAGTTAAGTTGCCGATTGTGACTTCTAAACCTTTTGACAAAGGTAAGGCCTACGAT

## SEQUENCE LISTING

GTGGTTTATGCCAATTATGGTGCAAAAAAGACTTTGAAGGTAAGGACTTTAAAGGTAAG  
ATTGCATTAATTGAGCGTGGTGGTGGACTTGATTTTATGACTAAAATCACTCATGCTACA  
AATGCAGGTGTTGTTGGTATCGTTATTTTAAACGATCAAGAAAAACGTGGAAATTTTCTA  
ATTCCCTTACCGTGAATtACCTGTGGGGATTATTAGTAAAGTAGATGGCGAGCGTATAAAA  
AATACTTCAAGTCAGTTAACATTTAACAGAGTTTTGAAGTAGTTGATAGCCAGGTGGT  
AATCGTATGCTGGAAACAATCAAGTTGGGGCGTGACAGCTGAAGGAGCAATCAAGCCTGAT  
GTAACAGCTTCTGGCTTTGAAATTTATTCTTCAACCTATAATAATCAATACCAAACAATG  
TCTGGTACAAGTATGGCTTACCACATGTTGCAGGATTAATGACAATGCTTCAAAGTCAT  
TTGGCTGAGAAATATAAAGGGATGAATTTAGATTCTAAAAAATGCTAGAAATTGCTATAA  
AACATCCTCATGAGCTCAGCAACAGCATTATATAGTGAAGAGGATAAGGCGTTTTATTCA  
CCACGTCAGCAAGGTGCAGGTGTAGTTGATGCTGAAAAAGCTATCCAAGCTCAATATTAT  
ATTACTGGAACGATGGCAAAGCTAAAATTAATCTCAAACGAATGGGAGATAAATTTGAT  
ATCACAGTTACAATTCTATAAATTTGTAGAAGGTGTCAAAGAATTGTATTATCAAGCTAAT  
GTAGCAACAGAACAGTAAATAAAGGTAAATTTGCCCTTAAACCACAAGCCTTGCTAGAT  
ACTAATTGGCAGAAAGTAATTTCTCGTGATAAAGAAACACAAGTTGATTTACTATTGAT  
GCTAGTCAATTTAGTACAGAAATTAAAAGAACAGATGGCAAATGGTTATTTCTTAGAAGGT  
TTTGTACGTTTTAAAGAAGCCAAGGATAGTAATCAGGAGTTAATGAGTATTCCTTTTGTA  
GGATTTAATGGTGATTTTGCAGAACTTACAAGCACTTGAAACACCGATTTATAAGACGCTT  
TCTAAAGGTAGTTTCTACTATAAACCAATGATACAACATATAAAGACCAATTGGAGTAC  
AATGAATCAGCTCCTTTTGAAGCAACAACATACTAGCTTGTAAACACAATCAGCGTCT  
TGGGGCTATGTTGATTATGTCAAAAATGGTGGGGAGTTAGAATTAGCACCGGAGAGTCCA  
AAAAGAATTATTTTAGGAACCTTTGAGAATAAGGTTGAGGATAAAACAATTCATCTTTTG  
GAAAGAGATGCAGCGAATAATCCATATTTTGCCATTTCTCCAAATAAAGATGGAAATAGG  
GACGAAATCACTCCCCAGGCACTTTCTTAAGAAATGTTAAGGATATTTCTGCTCAAGTT  
CTAGATCAAAATGAAATGTTATTTGGCAAAGTAAGGTTTTACCATCTTATCGTAAAAAT  
TTCCATAATAATCCAAAGCAAAGTGATGGTCATTATCGTATGGATGCTCTTCAGTGGAGT  
GGTTTAGATAAGGATGGCAAAGTTGTAGCAGATGGTTTTTATCTTATCGCTTACGTTAC  
ACACCAGTAGCAGAAGGAGCAATAGTCAGGAGTCAGACTTTAAAGTACAAGTAAGTACT  
AAGTCACCAAAATCTTCCTTACAGAGCTCAGTTTGATGAACTAATCGAACATTAAGCTTA  
GCCATGCCTAAGGAAAGTAGTTATGTTCTTACATATCGTTTACAATTAGTTTATCTCAT  
GTTGTAAGAAGATGAAGAATATGGGGATGAGACTTCTTACCATTATTTCCATATAGATCAA  
GAAGGTAAAGTGACACTTCTTAAACCGGTTAAGATAGGAGAGAGTGAGGTTGCGGTAGAC  
CCTAAGGCCTTGACACTTGTGTGGAAGATAAAGCTGGTAATTTGCAACGGTAAAAATG  
TCTGATCTCTTGAATAAGGCAGTAGTATCAGAGAAAGAAACGCTATAGTAATTTCTAAC  
AGTTTCAAATATTTTGATAACTTGAAAAAGAACCTATGTTTATTTCTAAAAAGAAAA  
GTAGTAAACAAGAACTAGAGAAGAAATAATATTAGTTAAGCCGCAAACTACAGTTACTACT  
CAATCATTTGTCTAAAGAAATACTAAATCAGGAAATGAGAAAGTCTCTACTTCTACAAAC  
AATAATAGTAGCAGAGTAGCTAAGATCATATCACCTAAACATAACGGGGATTCTGTTAAC  
CATACCTTACCTAGTACATCAGATAGAGCAACGAATGGTCTATTGTTGGTACTTTGGCA  
TTGTTATCTAGTTTACTTCTTTATTTGAAACCCAAAAAGACTAAAAATAATAGTAAA

SEQ ID NO. 4402

STRAIN 090

GAGGAGCAAGAATTA AAAAACCAAGAGCAATCACCTGTAATTGCT  
AATGTTGCTCAACAGCCATCGCCATCGGTAAC TACTAATATTGTTGAAAA  
AACATCTGTAACAGCTGCTTCTGCTAGTAATACAGTGAAAGAAATGGGTG  
ATACATCTGTAAAAATGACAAAAAGAGATGAATTATTAGAAGAGTTA  
TCTAAAAACCTTGATACGTCTAATTTGGGGGCTGATCTTGAAGAAGAATA  
TCCCTCTAAACCAGAGACAACCAACAATAAAGAAAGCAATGTAGTAACAA  
ATGCTTCAACTGCAATAGCACAGAAAGTTCCCTCAGCGTATGAAGAGGTG  
AAGCCAGAAAGCAAGTCATCGCTTGCTGTTTTTGATACATCTAAATAAC  
AAAAATTGCAAGCCATAACCCAAAGAGGAAAGGGAATGTAGTAGCTATTA  
TTGATACTGGCTTTGATATTAACCATGATATTTTCGTTTAGATAGCCCA  
AAAGATGATAAGCAGCTTTAAACTAAAGCAGAATTCGAGGAATTAAA  
AGCAAAACATAATATCACTTATGGGAAATGGGTTAACGATAAGATTGTTT  
TTGCACATAACTACGCCAACATAACAGAAACGGTGGCTGATATTGCAGCA  
GCTATGAAAGATGGTTATGGGTGAGAAGCAAGAATATTTGCGATGGTAC  
ACACGTTGCTGGTATTTTGTAGGTAATAGTAAACGTCCAGCAATCAATG  
GTCTTCTTTTAGAAGGTGCAGCGCCAAATGCTCAAGTCTTATTAATGCGT  
ATTCCAGATAAAATTTGATTCGGACAAATTTGGAGAAGCATATGCTAAAGC  
AATCACAGACGCTGTAAATCTAGGAGCAAAAaCGATTAATATGAGCCTTG  
GAAAAACAGCAGATTCTTTAattGCaCTCAATGATAAAGTTAAATTAGCA  
CTTAAATTAGCTTCTGAGAAGGGCGTTGCAGTTGTTGTGGCTGCCGGAAA  
TGAAGGTGCATTTGGTATGGATTATAGCAAACCATATCAACTAATcCTG

## SEQUENCE LISTING

ACTACGGTACGGTTAATAGTCCAGCTATTTCTGAAGATACTtTGAGTGTT  
 GCTAGCTATGAATCACTTAAACTATCAGTGAGGTCGTTGAAACAATAT  
 TGaaGGTAAGTTAGTTAAGTTGCCGATTGTGACTTCTAAACCTTTtGACA  
 AAGGTAAGGCCTACGATGTGGTTTATGCCAATTATGGTGCAaAAAAAGAC  
 TTTGAAGGTAAGGACTTTAAAGGTAAGATTGCATTAATtGAGCGTGGtGG  
 TGGACTTGATTTTATGACTAAaatCACTcATGCTACAAATGCAGtGTGTG  
 tTGGTaTCGTtATTttAACgAtCAAGHaaAACGtGGAAATTTtTAATt  
 CCTTACCGTGAATTACCTGTGGGGGTtATTAGTAAAGTAGATGGCGAGCG  
 TATAAAAAATACTTCAAGTCAGTTAACATTTAACCAGAGTTTtgAAGTAG  
 TTGATAGCCAAGGTGGCAATCGTATGCTGGAACAATCAAGTTGGGGCGTG  
 ACAGCTGAAGGAGCAATCAAGCCTGATGTAACAGCTTCTGGCTTTGAAAT  
 TTATTCTTCAACCTATAATAATCAATACCAACAATGTCTGGTACAAGTA  
 TGGCTTCACCACATGTTGCAGGATTAATGACAATGCTTCAAAGTCATTTG  
 GCTGAGAAATATAAAGGGATGAATTTAGATTCTAAAAAATTGCTAGAATT  
 GTCTAaAAACATCCTCATGAGCTCAGCaaCAGCATTATATAGTgAAGAgG  
 ATAAGGCGTtTtATTCaCCAGTCAGCAAGGtGCAGGtGTAGTTGATGCT  
 GAAAAAGCTATCCAAGCTCAATATTATGTTACTGGAACGATGGCAAAGC  
 TAAATTAATCTCAAACGAGTGGGAGATAAATTTGATATCACAGTTACAA  
 TTCATAAACTTGTAGAAGGTGTCAAAGAATTGTATTATCAAGCTAATGTA  
 GCAACAGAAcAAGTAAATAAAGGTAAATTTGCCCTTAAACCACAAGCCTt  
 GCTAGATACTAATTGGCCAGaaAGTAATTCTTcGTGATAAAGAAACACAAG  
 TTcGATTTACTATTGATGCTAGTCAATTTAGTCAGAAATTAAAAGAACAG  
 ATGGCAAATGGTTATTTCTTAgaAGGTTTGTACGTTTTAAAGAAGCCAA  
 GGATAGtAATCAGGAGTTAaTGAGTATTCCTTtTGTAGGATtAATGGTG  
 ATTTTGGCAACTTACAAGCACTTGAAACACCGATTtATAAGACGCTTTCT  
 AAAGGTAGTTTCTACTATAAAACCAATGATACAACCTATAAAGACCAATT  
 GGAGTACAATGAATCAGCTCCTTTTGAAAGCAACAACCTATACTGCCTTGT  
 TAACACAATCAGCGTCTTGGGGCTATGTTGATTATGTCAAAAATGGTGGG  
 GAGTTAGAATTAGCACCGGAgAGTcCAAAAAGAATTATTTTAgGAACCTT  
 TGAGAATAAGGTTGAGGATAAAACAATTCACTTTTTGGAAAGAGATGCAG  
 CgAATAATCCATATTTTGCCATTTCTCCAAATAAAGATGGAAATAGGGAT  
 GAAATCACTCCCCAGGCACTTTCTTAAGAAATGTTAAGGATATTTCTGC  
 TCAAGTTCTAGATCAAAATGGAAATGTTATTTGGCAAAGTAAGGTTTTAC  
 CATCTTATCGTAAAAATTTCCATAATAATCCAAAGCAAAGTGATGGTCAT  
 TATCGTATGGATGCCTTTCAGTGGAGTGGTTTAGATAAGGATGGCAAAGT  
 TGTAGCAGATGGTTTTTATACTTATCGCCTACGTTACACACCAGTAGCAG  
 AAGGAGCAAAATAGTCAGGAGTCAGACTTTAAAGTTCAAGTAAGTACTAAG  
 TCACCAAATCTTCTTTACTAGCTCAGTTTGATGAACTAATCGAACATT  
 AAGCTTAGCCATGCCTAAGGAAAGTAGTTATGTTCTTACATATCGTTTAC  
 AATTAGTTTTATCTCATGTTGTAAAAGATGAAGAATATGGGGATGAGACT  
 TCTTACCATTATTTCCATATAGATCAAGAAGGTAAAGTGACACTTCCTAA  
 AACGGTTAAGATAGGAGAGAGTGAGGTTGCAGTAGACCTAAGGCCTTGA  
 CACTTGTTGTGGAAGATAAAGCTGGTAATTTGCAACGGTAAAATTGTCT  
 GACCTCTTGAATAAGGCAGTAGTATCAGAGAAAGAAAACGCTATAGTAAT  
 TTCTAACAGTTTCAAATATTTTGATAACTTGAAAAAGAATCTATGTTTA  
 TTTCTAAAGAAGGAAAAGTAGTAAACAAGAATCTAGAAGAAATAACATTA  
 GTTAAGCCGCAAACTACAGTTACTACTCAATCATTGTCTAAAGAAATAAC  
 TAAATCAGGAAATGAGAAAAGTCTCACTTCTACAAACAATAATAGTAGCA  
 GAGTAGCTAAGATCATATCACCTAAACATAACGGGGATTCTGTTAACCAT  
 ACC

SEQ ID NO. 4403

STRAIN A909

GAGGAGCAAGAATTAaaaaaccaagagcaat

CACCTGTAATTGCTAATGTTGCTCAACAGCCATCGCCATCGGTAACACTACT  
 AATACTGTTGAAAAACATCTGTAACATCTGCTTCTGCTAGTAATACAGC  
 GAAAGAAATGGGTGATACATCTGTAAAAATGACAAAAAGAGATGAAT  
 TATTAGAAGAGTTATCTAAAAACCTTGATACGTCTAATTTGGGGGCTGAT  
 CTTGAAGAAGAATATCCCTCTAAACCAGAGACAACCAACAATAAGAAAG  
 CAATGTAGTAACAAATGCTTCAACTGCAATAGCACAGAAAGTTCCCTCAG  
 CATATGAAGAGGTGAAGCCAGAAAGCAAGTCATCACTTGCTGTCTTGAT  
 ACATCTAAATAACAAAAATTGCAAGCCATAACCCAAAGAGGAAAGGAA  
 TGTAGTAGCTATTATTGATACTGGCTTTGATATTAACCATGATATTTTTC  
 GTTTAGATAGCCAAAAGATgaTAAGCACAGCTTTAaAACTAAGGCAGAA

## SEQUENCE LISTING

TTTGAGGAATTAAAAGCAAAACATAATATCACTTATGGGAAATGGGTAA  
 CGATAAGATTGTTTTGACATAACTACGCCAaCAATACAGAAACGGTGG  
 CTGATATTGCAGCAGCTATGAAAGATGGTTATGGGTGAGAAGCAAGAAT  
 ATTTGCGCATGGTACACACGTTGCTGGTATTTTTGTAGGTAATAGTAAACG  
 TCCAGCAATCAATGCTCTTCTTTTAGAAGGTGCAGCGCCAAATGCTCAAG  
 TCTTATTAATGCGTATTCCAGATAAAATTGATTCGGACAAATTTGGTGAA  
 GCATATGCTAAAGCAATCACAGACGCTGTTAATCTAGGAGCAAAACGAT  
 TAATATGAGCCTTGGAAAAACAGCAGATTCTTTAATTGCTCTCAATGATA  
 AAGTTAAATTAGCATTAAATTAGCTTCTGAGAAGGGCGTTGCAGTTGTT  
 GTGGCTGCCGGAATGAAGGTGCATTTGGTATGGATTATAGCAAACCAT  
 ATCAACTAATCCTGACTACGGTACGGTAAATAGTCCAGCTATTTCTGAAG  
 ATACTTTGAGTGTGCTAGCTATGAATCACTTAAACTATCAGTGAGGTC  
 GTTGAACAACCTATTGAAGGTAAGTTAGTTAAGTTGCCGATTGTGACTTC  
 TAAACCTTTtTGACAAAGGTAAGGCTACGATGTGGTTTATGCCAATTATG  
 GTGCAAAAAAAGACTTTGAAGGTAAGGACTTTAAAGGTAAGATTGCATT  
 AATTGAGCGTGGTGGTGGACTTGATTTTATGACTAAAATCACTCATGCTA  
 CAAATGCAGGTGTTGTTGGTATCGTTATTTTTAACGATCAAGAAAAACGT  
 GGAAATTTTCTAATTCCTTACCGTGAATTACCTGTGGGGTTATTAGTAA  
 AGTAGATGGCGAGCGTATAAAAAATACTTCAAGTCAGTTAACATTTAACCC  
 AGAGTTTGAAGTAGTTGATAGCCAAGGTGGCAATCGTATGCTGGAACAA  
 TCAAGTTGGGGCGTGACAGCTGAAGGAGCAATCAAGCCTGATGTAACAGC  
 TTCTGGCTTTGAATTTATTCTTCAACCTATAATAATCAATACCAAACAA  
 TGCTCTGGTACAAGTATGGCTTCACCACATGtTGCAGGATTAATGACAATG  
 CTTCAAAGTCATTTGGCTGAGaAATATAAAGGGATGAATTTAGATTCTAA  
 AAAATTGCTAGaATTGTCTAAAAACATcCTCATGAGCTCAGCAACAGCAT  
 TATATAGTGAAGAGATAAGGCGTTTTATTACCACGTCAGCAAGGTGCA  
 GGTGTAGTTGATGCTGAAAAAGCTATCCAAGCTCAATATTATGTTACTGG  
 AAACGATGGCAAAGCTAAAATTAACTCTCAAACGAGTGGGAGATAAATTTG  
 ATATCACAGTTACAATTCTAAACTTGTAGAAGGTGTCAAAGAAATTGTAT  
 TATCAAGCTAATGTAGCAACAGAACAGTAATAAAGGTAATTTGCCCT  
 TaAACCcCAAGCCTTGCTAGATACTAATTGGCAGAAAGTAATTTCTTcGTG  
 ATAAAGAAACACAAGTTCGATTACTAtTGATTCTAGTCAATTTAGTCAG  
 AAATTTAAAGAACAGATGGCAAATGGTTATTTCTTAGAAGGTTTGTACG  
 TTTTAAAGAAGCCAAGGATAGTAATCAGGAGTTAATGAGTATTCCTTTTG  
 TAGGATTTAATGGTGATTTTGGCAACTTACAAGCACTTGAACACCGGATT  
 TATAAGACGCTTTCTAAAGGTAGTTTCTACTATAAAACCAATGATACAAC  
 TCATAAAGACCAATTGGAGTACAAATGAATCAGCTCCTTTTGAAAGCAACA  
 ACTATACTGCCTTGTTAACACAATCAGCGTCTTGGGGCTATGTTGATTAT  
 GTCAAAAATGGTGGGAGTTAGAATTAGCACCAGAGTCCAAAAAGAAT  
 TATTTTAGGAACTTTGAAGAATAAGGTTGAGGATAAAACAATTCATCTTT  
 TGGAAAGAGATGCAGCGAATAATCCATATTTTGCCATTTCTCCAAATAAA  
 GATGGAAATAGGGATGAAATCACTCCCCAGGCAACTTTCTTAAGAAATGT  
 TAAGGATATTTCTGCTCAAGTTCTAGATCAAAATGGAAATGTTATTTGGC  
 AAAGTAAGGTTTACCATCTTATCGTAAAAATTTCCATAATAATCCAAAG  
 CAAAGTGATGGTCATTATCGTATGGATGCCCTTCAGTGGAGTGGTTAGA  
 TAAGGATGGCAAAGTTGTAGCAGATGGTTTTTATACTTATCGTTACGTT  
 ACACACCAGTAGCAGAAGGAGCAAATAGTCAGGAGTCAGACTTTAAAGTT  
 CAAGTAAGTACTAAGTCACCAAATCTTCTTCACGAGCTCAGTTTGATGA  
 AACTAATCGAACATTAAGCTTAGCCATGCCTAAGGAAAGTAGTTATGTTT  
 CTACATATCGTCTACAATTAGTTTTATCTCATGTGTGTAAGAGATGAAGAA  
 TATGGAGATGAGACTTCTTACCATTATTTCCATATAGATCGAGAAGGTAA  
 AGTGACACTTCTAAAACAGTTAAGATAGGAGAGAGTGAGGTTGCAGTAG  
 ACCCTAAGACCTTGACACTTGTGTGGAAGATAAAGCTGGTAATTTGCA  
 ACGGTAAAATTGTCTGACCTCTTGAATAAGGCAGTAGTATCAGAGAAAGA  
 AAACGCTATAGTAATTTCTAACAAATTTCAAATATTTTGATAACTTGAAAA  
 AAGAACCTATGTTTATTTCTAAAGAAGGAAAAGTAGTAAACAAGAATCTA  
 GAAGAAATAGCATTAGTTAAGCCGCAAACTACAGTTACTACTCAATCATT  
 GTCTAAAGAAATAACTCAATCAGGAAATGAGAAAGTCCCTCACTTCTACAA  
 ACAATAATAGTAGCAGAGTAGCTAAGATCATATCACCTAAACATAACGGG  
 GATTCTGTTAACCATAACC

SEQ ID NO. 4404

STRAIN H36B

GAGGAGCAAGAATTAAAAAACCAAGAGCAATCACCTGTAATTGC

## SEQUENCE LISTING

TAATGTTGCTCAACAGCCATCGCCATCGGTAACACTACTAATACTGTTGAAA  
 AAACATCTGTAACATCTGCTTCTGCTAGTAATACAGCGAAAGAAATGGGT  
 GATACATCTGTAATAAATGACAAAACAGAAGATGAATTATTAGAAGAGTT  
 ATCTAAAAACCTTGATACGTCTAATTTGGGGGCTGATCTTGAAGAAGAAT  
 ATCCCTCTAAACCAGAGACAACCAACAATAAAGAAAGCAATGTAGTAACA  
 AATGCTTCAACTGCAATAGCACAGAAaGTTCCCTCAGCATATGAAGAGGT  
 GAAGCCAGAAAGCAAGTCATCACTTGCTGTTCTTGATACATCTAAAATAA  
 CAAAATTGCAAGCCATAACCCAAAGAGGAAAGGAAATGTAGTAGCTATT  
 ATTGATACTGGCTTGATATTAACCATGATATTTTTCGTTTAGATAGCCC  
 AAAAGATGATAAGCACAGCTTTAAACTAAGGCAGAATTTGAGGAATTAA  
 AAGCAAAACATAATATCACTTATGGGAAATGGGTAAACGATAAGATTGTT  
 TTTGCACATAACTACGCCAaCAATACAGAAACGGTGGCTGATATTGCAGC  
 AGCTATGAAAGATGGTTATGGGTGAGAAGCAAGAATATTTTCGCATGGTA  
 CACACGTTGCTGGTATTTTGTAGGTAATAGTAAACGTCCAGCAATCAAT  
 GGTCTTCTTTTGAAGGTGCAGCGCCAAATGCTCAAGTCTTATTAATGCG  
 TATTCCAGATAAAATTGATTTCGGACAAATTTGGTGAAGCATATGCTAAAG  
 CAATCACAGACGCTGTTAATCTAGGAGCAAAAACGATTAATATGAGCCTT  
 GGAAAAACAGCAGATTCTTTAATTGCTCTCAATGATAAAGTTAAATTAGC  
 ACTTAAATTAGCTTCTGAGAAGGGCGTTGCAGTTGTTGTGGCTGCCGGAA  
 ATGAAGGTGCATTTGGTATGGTATATAGCAAACCATTAATCAACTAATCCT  
 GACTACGGTACGGTTAATAGTCCAGCTATTTCTGAAGTACTTTGAGTGT  
 TGCTAGCTATGAATCACTTAAACTATCAGTGAGGTCGTTGAAACAACATA  
 TTGAAGGTAAGTTAGTTAAGTTGCCGATTGTGACTTCTAAACCTTTTGAC  
 AAAGGTAAGGCTACGATGTGGTTTATGCCAATTATGGTGCAAAAAAAGA  
 CTTTGAAGGTAAGGACTTTAAAGGTAAGATTGCATTAATTGAGCGTGGTG  
 GTGGACTTGATTTTATGACTAAAATCACTCATGCTACAAATGCAGGTGTT  
 GTTGGTATCGTTATTTTTTAACGATCAAGAAAACGTGGAAATTTTCTAAT  
 TCCTTACCGTGAATTACCTGTGGGGGTATTAGTAAAGTAGATGGCGAGC  
 GTATAAAAAATACTTCAAGTCAGTTAACATTTAACCAGAGTTTGAAGTA  
 GTTGATAGCCAAGGTGGCAATCGTATGCTGGAACAATCAAGTTGGGGCGT  
 GACAGCTGAAGGAGCAATCAAGCCTGATGTAACAGCTTCTGGCTTTGAAA  
 TTTATTCTTCAACCTATAATAATCAATACCAAAACAATGTCTGGTACAAGT  
 ATGGCTTACCACATGTTGCAGGATTAATGACAATGCTTCAAAGTCATTT  
 GGCTGAGAAATATAAAGGGATGAATTTAGATTCTAAAAAATTGCTAGAAT  
 TGCTAAAAACATCCTCATGAGCTCAGCAACAGCATTATATAGTGAAGAG  
 GATAAGGCGTTTTATTACCACGTCAGCAAGGTGCAGGTGTAGTTGATGC  
 TGA AAAAGCTATCCAAGCTCAATATTATGTTACTGGAAACGATGGCAAAG  
 CTAAAAATTAATCTCAAAACGAGTGGGAGATAAATTTGATATCACAGTTACA  
 ATTCAATAAATTTGTAAGGTTGTCAAAGAATTGTATTATCAAGCTAATGT  
 AGCAACAGAACAGTAATAAAGGTAAATTTGCCCTTAAACCaaCAGCCT  
 TGCTAGATACTAATTGGCAGAAAGTAATCTTCGTGATAAAGAAACACAA  
 GTTCGATTTACTATTGATTCTAGTCAATTTAGTCAGAAATTAAGAACA  
 GATGGCAAATGGTTATTTCTTAGAAGGTTTTGLACGTTTTAAAGAAGCCA  
 AGGATAGTAATCAGGAGTTAATGAGTATTCCTTTGTAGGATTTAATGGT  
 GATTTTGCGAACTTACAAGCACTTGAAACACCGATTTATAAGACGCTTTC  
 TAAAGGTAGTTTCTACTATAAACCAAATGATACAACCTATAAAGACCAAT  
 TGGAGTACAATGAATCAGCTCCTTTTGAAAGCAACAACATATACTGCCTTG  
 TTAACACAATCAGCGTCTTGGGGCTATGTTGATTATGTCAAAAATGGTGG  
 GGAGTTAgAATTAgCACCGGAGAGTCCAAAAGAATTATTTTAGGAACTT  
 TTGAGAATAAGGTTGAGGATAAAACAATTCATCTTTTGGAAGAGATGCA  
 CGAATAATCCATATTTGCCATTTCTCAAATAAAGATGGAATAGGGA  
 TGAATCACTCCCAAGCAACTTTCTTAAGAAATGTTAAGGATATTTCTG  
 CTCAAGTTCTAGATCAAAATGGAAATGTTATTTGGCAAAGTAAGGTTTTA  
 CCATCTTATCGTAAAAATTTCCATAATAATCCAAAGCAAAGTGATGGTCA  
 TTATCGTATGGATGCCCTTCAGTGGAGTGGTTAGATAAGGATGGCAAAG  
 TTGTAGCAGATGGTTTTTATACTTATCGTTTACGTTACACACCAGTAGCA  
 GAAGGAGCAAATAGTCAGGAGTCAGACTTTAAAGTTCAAGTAAGTACTAA  
 GTCACCAAATCTTCTTCACGAGCTCAGTTTGATGAACTAATCGAACAT  
 TAAGCTTAGCCATGCCTAAGGAAAGTAGTTATGTTCTACATATCGTCTA  
 CAATTAGTTTTATCTCATGTTGTAAGAATGAAGAATATGGAGATGAGAC  
 TTCTTACCATTATTTCCATATAGATCAAGAAGGTAAAGTGACACTTCTTA  
 AAACAGTTAAGATAGGAGAGAGTGAGGTTGCAGTAGACCCTAAGACCTTG  
 ACACCTGTTGTGGAAGATAAAGCTGGTAATTTTCGCAACGGTAAATTTGTC  
 TGACCTCTTGAATAAGGCAGTAGTATCAGAGAAAGAAAACGCTATAGTAA



## SEQUENCE LISTING

TTTCTAACAATTTCAAATATTTTGATAACTTGAAAAAGAACCTATGTTT  
 ATTTCTAAGAAGGAAAGTAGTAAACAAGAATCTAGAAGAAATAGCATT  
 AGTTAAGCCGCAAACTACAGTTACTACTCAATCATTGTCTAAAGAAATAA  
 CTCAATCAGGAAATGAGAAAGTCCTCACTTCTACAAACAATAATAGTAGC  
 AGAGTAGCTAAGATCATATCACCTAAACATAACGGGGATTCTGTAAACCA  
 TACC

SEQ ID NO. 4405

STRAIN 18RS21

GAGGAGCAAGAATTAACCAAGAGCAATCACC  
 TGTAATTGCTAATGTTGCTCAACAGCCATCGCCATCGGTAACCTACTAATA  
 CTGTTGAAAAACATCTGTAACAGCTGCTTCTGCTAGTAATACAGCGAAA  
 GAAATGGGTGATACATCTGTAAGAAATGACAAAACAGAAGATGAATTATT  
 AGAAGAGTTATCTAAACCTTGATACGCTCAATTTGGGGGCTGATCTTG  
 AAGAAGAATATCCCTCTAAACCAGAGACAACCAACAATAAGAAAGCAAT  
 GTAGTAACAAATGCTTCAACTGCAATAGCACAGAAAGTTCCCTCAGCATA  
 TGAAGAGGTGAAGCCAGAAAGCAAGTCATCGCTTGCTGTTCTTGATACAT  
 CTAAATTAACAAATTAACAAGCCATAACCCAAAGAGGAAAGGGAAATGTA  
 GTAGCTATTATTGATCTGGCTTTGATATTAACCATGATATTTTCGTTT  
 AGATAGCCCCAAAGATGATAAGCACAGCTTTAAACTAAGACAGAATTG  
 AGGAATTAAGCAAAACATAATATCACTTATGGGAAATGGGTAAACGAT  
 AAGATTGTTTTGACATAACTACGCCAACAATACAGAAACGGTGGCTGA  
 TATTGCAGCAGCTATGAAAGATGGTTATGGTTCAGAAGCAAGAATATTT  
 CGCATGGTACACAGCTTGCTGGTATTTTGTAGGTAATAGTAAACGTCCA  
 GCAATCAATGGTCTTCTTTAGAAAGGTGCAGCGCCAAATGCTCAAGTCTT  
 ATTAATGCGTATTCCAGATAAAATTGATTCCGACAAATTTGGTGAAGCAT  
 ATGCTAAAGCAATCACAGACGCTGTTAATCTAGGAGCAAAACGATTAAT  
 ATGAGTATTGAAAAACAGCTGATTCTTAAATTGCTCTCAATGATAAAGT  
 TAAATTAGCACTTAAATTAGCTTCTGAGAAGGGCGTTGCAGTTGTTGTGG  
 CTGCCGGAATGAAGGCGCATTTGGTATGGATTATAGCAAACCATTAATCA  
 ACTAATCTGACTACGGTACGGTTAATAGTCCAGCTATTTCTGAAGATAC  
 TTTGAGTGTGCTAGCTATGAATCACTTAAACTATCAGTGAGGTCGTTG  
 AAACAACATTTGAAGGTAAGTTAGTTAAGTTGCCGATTGTGACTTCTAAA  
 CCTTTTGACAAAGGTAAGGCCTACGATGTGGTTTATGCCAATTATGGTGC  
 AAAAAAGACTTTGAAGGTAAGGACTTTAAAGGTAAGATTGCATTAATTG  
 AGCGTGGTGGTGGACTTGATTTTATGACTAAAATCACTCATGCTACAAAT  
 GCAGGTGTTGTTGGTATCGTTATTTTAAACGATCAAGAAAAACGTGGAAA  
 TTTTCTAATTCCTTACCGTGAATTACCTGTGGGGATTATTAgTAAAGTAG  
 ATGGCGAGCGTATAAAAAATACTTCAAGTCAGTTAACATTaAACCAgAGT  
 TTTGAAGtAGTTGATAGCCAAGGTGGtAATCGTaTGCTGGAACAATCAAG  
 TTGGGGCGTGACAGCTGAAGGAGCAATCAAGCCTGATGTAACAGCTTCTG  
 GCTTTGAAATTTATTCTTCAACCTATAATAATCAATACCAaCAATGTCT  
 GGTACAAGTATGGCTTCAACCATGTTGCAGGATTAATGACAATGCTTCA  
 AAGTCATTTGGCTGAGAAATATAAAGGGATGAATTTAGATTCTAAAAAT  
 TGCTAGAATTGTCTAAAAACATCCTCATGAGCTCAGCAACAGCATTATAT  
 AGTGAAGAGGATAAGGCGTTTTATTCCACCAGCTCAGCAAGGTGCAGGTGT  
 AGTTGATGCTGAAAAAGCTATCCAAGCTCaATATTATATTACTGGAACG  
 ATGGCAaAGCTAAAATTAATCTCAAACGAATGGGAGATAAATTTGATATC  
 ACAGTTACAATTCAaAACTTGTAAGGTGTCAAAGAATTGTATTATCA  
 AGCTAATGTAGCAACAGAAACAAGTAAATAAAGGTAAATTTGCCCTTaAAC  
 CACAAGCCTTGCTAGATACTAATTGGCAGAAAGTAATCTTcGTGATAAA  
 GAAACACAAGTTGATTACTATTGATGCTAGTCAATTTAGTCAGAAAT  
 AAAAGAACAGATGGCAATGGTTATTTCTTAgaAGGTTTTGTACGTTTTA  
 AAGAAGCCAAAGGATAGTAATCAGGAGTTAATGAGTATTCCTTTTGTAGGA  
 TTTAATGGTGATTTTGCGAACTTACAAGCACTTGAACACCGGATTTATAA  
 GACGATTTCTAAGGTAGTTTCTACTATAAACCAATGATACAACCTCATA  
 AAGACCAATTGGAGTACAATGAATCAGCTCCTTTTGAAAGCAACAACATAT  
 ACTGCCTTGTTAACACAATCAGCGTCTTGGGGCTATGTTGATTATGTCAA  
 AAATGGTGGGGAGTTAGAATTAGCaCCGAGAGTCCAAAAAGAATTATTT  
 TAGGAACTTTGAAGAATAAGGTTGAGGATAAAACAATTCATCTTTGGAA  
 AGAGATGCAGCGAATAATCCATATTTTGCCATTCTCCAATAAAGATGG  
 AAATAGGGACGAAATCACTCCCCAGGCAACTTTCTTAAGAAATGTTAAGG  
 ATATTTCTGCTCAAGTTCTAGATCAAAATGGAAATGTTATTGGCAAAGT  
 AAGGTTTTACCATCTTATCGTAAAAATTTCCATAATAATCCAAAGCAAAG

## SEQUENCE LISTING

TGATGGTCATTATCGTATGGATGCTCTTCAGTGGAGTGGTTTAGATAAGG  
 ATGGCAAAGTTGTAGCAGATGGTTTATATACTTATCGCTTACGTTACACA  
 CCAGTAGCAGAAGGAGCAAATAGTCAGGAGTCAGACTTTAAAGTACAAGT  
 AAGTACTAAGTCACCAAATCTTCCTTCACGAGCTCAGTTTGATGAACTA  
 ATCGAACATTAAAGCTTAGCCATGCCTAAGGAAAGTAGTTATGTTCTTACA  
 TATCGTTTACAATTAGTTTTATCTCATGTTGTAAGATGAAGAATATGG  
 GGATGAGACTTCTTACCATTATTTCCATATAGATCAAGAAGGTAAAGTGA  
 CACTTCCTAAAACGGTTAAGATAGGAGAGAGTGAGGTTGCGGTAGACCCT  
 AAGGCCTTGACACTTGTTGTGGAAGATAAAGCTGGTAATTTGCGCAACGGT  
 AAAATTGCTGATCTCTTGAATAAGGCAGTAGTATCAGAGAAAGAAAACG  
 CTATAGTAATTTCTAACAGTTTCAAATATTTTGATAACTTGAAAAAGAA  
 CCTATGTTTATTTCTAAAAAAGAAAAAGTAGTAAACAAGAATCTAGAAGA  
 AATAATATTAGTTAAGCCGCAACTACAGTTACTACTCAATCATTGTCTA  
 AAGAAATAACTAAATCAGGAAATGAGAAAGTCTCACTTCTACAAACAAT  
 AATAGTAGCAGAGTAGCTAAGATCATATCACCTAAACATAACGGGGATT  
 TGTTAACCATACC

SEQ ID NO. 4406

STRAIN M732

GAGGAGCAAGAATTAAAAAACCAAGAGCAATCACCT  
 GTAATTGCTAATGTGCTCAACAGCCATCGCCATCGGTAACCTACTAATAT  
 TGTTGAAAAACATCTGTAAACAGCTGCTTCTGCTAGTAATACAGTGAAAG  
 AAATGGGTGATACATCTGTAAAAATGACAAAACAGAAGATGAATTATTA  
 GAAGAGTTATCTAAAAACCTTGATACGCTCAATTTGGGGGCTGATCTTGA  
 AGAAGAATATCCCTCTAAACCAGAGACAACCAACAATAAAGAAAGCAATG  
 TAGTAACAAATGCTTCAACTGCAATAGCACAGAAAGTTCCTCAGCATAT  
 GAAGAGGTGAAGTCAGAAAGCAAGTCATCGCTTGCTGTTCTTGATACATC  
 TAAATAACAAAATTACAAGCCACAACCCAAAGAGGAAAGGGAAATGTAG  
 TAGCTATTATTGATACTGGCTTTGATATTAACCATGATATTTTCGTTTA  
 GATAGCCCAAAAGATGATAAGCACAGCTTTAAACTAAGGCAGAATTTGA  
 GGAATTAAGCAAAACATAATATCACTTATGGGAAATGGGTAAACGATA  
 AGATTGTTTTTGCACATAACTACGCCACAATACAGAAACGGTGGCTGAT  
 ATTGCAGCAGCTATGAAAGATGGTTATGGGTGAGAAGCAAGAATATTTT  
 GCATGGTACACACGTTGCTGGTATTTTGTAGGTAATAGTAACCGTCCAG  
 CAATCAATAGTCTTCTTTTAGAAGGTGCAGCGCCAAATGCTCAAGTCTTA  
 TTAATGCGTATTCAGATAAAATTGATTCCGACAAATTTGGAGAAGCATA  
 TGCTAAAGCAATCATAGACGCTGTTAATCTAGGAGCAAAAACGATTAATA  
 TGAGCCTGGGAAAAACGGCTGATTCTTTAATTGCTCTCAATGATAAAGTT  
 AAATTAGCACTTAAATTAGCTTCTGAGAAGGGCGTTGCAAGTTGTTGTCG  
 TGCCGGAATGAAGGTGCATTTGGTATGGATTATAGCAAACCATATCAA  
 CTAATCCTGACTACGGTACGGTAAATAGTCCAGCTATTTCTGAAGATACT  
 TTGAGTGTTGCTAGCTATGAATCACTTAAACTATCAGTGAGGTCGTTGA  
 AACCACTATTGAAGGTAAGTTAGTTAAGTTGCCGATTGTGACTTCTAAAC  
 CTTTGTACAAAGGTAAGGCCTACGATGTGGTTATGCCAATTATGGTGCA  
 AAAAGATTTTGAAGGTAAGGACTTTAAAGGTAAGATTGCATTAATTGAG  
 CGTGGTGGTGGACTTGATTTTATGACTAAAATCACTCATGCTACAAATGC  
 AGGTGTTGTTGGTATCGTTATTTTAAACGATCAAGAAAAACGTGGAAAT  
 TTCTAATTCCTTACCGTGAATTACCTGTGGGGTTATTAGTAAAGTAGAT  
 GGCGAGCGTATAAAAAATACTTCAAGTCAGTTAACATTTAACAGAGTTT  
 TGAAGTAGTTGATAGCCAAGGTGGCAATCGTATGCTGGAACAATCAAGTT  
 GGGCGTGACAGCTGAAGGAGCAATCAAGCCTGATGTAACAGCTTCTGGC  
 TTTGAAATTTATCTTCAACCTATAATAATCAATACTAAACAATGTCTGG  
 TACAAGTATGGCTTCAACCACATGTTGCAGGATTAATGACAATGCTTCAAA  
 GTCATTTGGCTGAGAAATATAAAGGGATGAATTTAGATTCTAAAAAATTG  
 CTAGAATTGTCTAAAAACATCCTCATGAGCTCAGCAACAGCATTATATAG  
 TGAAGAGGATAAGGCGTTTTATTCAACACGTCAGCAAGGTGCAGGTGTAG  
 TTGATGCTGAAAAAGCTATCCAAGCTCAATATTATGTTACTGGAAACGAT  
 GGCAAGTTAAATTAATCTCAAACGAGAGGGAGATAAATTTGATATCAC  
 AGTTACAATTCATAACTTGTAGAAGGTGTCAAAGAATTGTATTATCAAG  
 CTAATGTAGCAACAGAAACAAGTAAATAAAGGTAATTTGCCCTTAACCA  
 CAAGCCTTGCTAGATACTAATTGGCAGAAAGTAATTTCTCGTGATAAAGA  
 AACACAAGTTTCGATTTACTATTGATGCTAGTCAATTTAGTCAGAAATTAA  
 AAGAACAGATGGCAAATGGTTATTTCTTAGAAGGTTTTGTACGTTTTAAA  
 GAAGCCAAGGATAGTAATCAGGAGTTAATGAGTATTCCTTTTGTAGGATT

## SEQUENCE LISTING

TAATGGTGATTTTGGCAACTTACAAGCACTTGAAACaCCGATTTATAAGA  
 CGCTTTCTAAAGGTAGTTTCTACTATAAACCAATGATACAACCTCATAAA  
 GACCAATTGGAGTACAATGAATCAGCTCCTTTTGAAAGCAACAACCTATAC  
 TGCCTTGTTAACACAATCAGCGTCTTGGGGCTATGTTGATTATGTCAAAA  
 ATGGTGGGGAGTTAGAATTAGCACCGGAGAGTCCAAAAAGAATTATTTTA  
 GGAACCTTTTGAGAAATAAGGTTGAGGATAAAACAATTCTCTTTTGAAAG  
 AGATGCAGCGAATAATCCATATTTTGCCATTTCTCCAAATAAAGATGGAA  
 ATAGGGACGAAATCACTCCCCAGGCAACTTTCTTAAGAAATGTTAAGGAT  
 ATTTCTGCTCAAGTCTTAGATCAAAATGGAAATGTTATTTGGCAAAGTAA  
 GGTTTTACCATCTTATCGTAAAAATTTCCATAATAATCCAAAGCAAAGTG  
 ATGGTCATTATCGTATGGATGCTCTTCAGTGGAGTGGTTTAGATAAGGAT  
 GGCAAAGTTGTAGCAGATGGTTTTTATACTTATCGCTTACGTTACACACC  
 AGTAGCAGAAGGAGCaAATAGTCAGGAGTCAGACTTTAAAGTTCAAGTAA  
 GTACTAAGTCACCAATCTTCTTCACGAGCTCAGTTTGATGAAACTAAT  
 CGAACATTAAGCTTAGCCATGCCTAAGGAAAGTAGTTATGTTCTACATA  
 TCGTTTACAATTAGTTTATCTCATGTTGTAAAAGATGAAGAATATGGGG  
 ATGAGACTTCTTACCATTATTTCCATATAGATCAAGAAGGTAAAGTGACA  
 CTTCTTAAAACGGTTAAGATAGGAGAGAGTGAGGTTGCGGTAGACCCTAA  
 GGCCTTGACACTTGTGTGGAAGATAAAGCTGGTAATTTTGCAACGGTAA  
 AATTGCTGACCTCTTGAATAAGGCAGTAGTATCAGAGAAAGaAAACGCT  
 ATAGTAATTTCTAACAGTTTCAAATATTTTGATAACTGAAGAAAGAACCC  
 TATGTTTATTTCTAAAGAAGGAAAAGTAGTAAACAAGAATCTAGAAGAAA  
 TAACATTAGTTAAGCCTCAAACCTACAGTTACTACTCAATCATTGTCTAAA  
 GAAATAACTAAATCAGGAAATGAGAAAGTCTCACTTCTACAAACAATAA  
 TAGTAGCAGAGTAGCTAAGATCATATCACCTAAACATAACGGGGATTCTG  
 TTAACCATAACC

SEQ ID NO. 4407

STRAIN COH1

GAGGAGCAAGAATTAAAAAACCAAGAGCAATCACCTGT  
 AATTGCTAATGTTGCTCAACAGCCATCGCCATCGGTaACTACTAATATTG  
 TTGAAAAACATCTGTAAACAGCTGCTTCTGCTAGTAATACAGTGAAAGAA  
 ATGGGtgATACATCTGTAAAAAATGACAAAACAGAAGATGAATTATTAGA  
 AGAGTTATCTAAAAACCTTGATACGCTCAATTTGGGGGCTGATCTTGAAG  
 AAGAATATCCCTCTAAACCAGAGaCAACCAACAATAAAGAAAGCAATGTA  
 GTAACAAATGCTTCAACTGCAATAGCACAGAAAGTTCCCTCAGCATATGA  
 AGAGGTGAAGTCAGAAAGCAAGTCATCGCTTGCTGTTCTTGATACATCTA  
 AAATAACAAAATTACAAGCCACAACCCAAAGAGGAAAGGGAATGTAGTA  
 GCTATTATTGATACTGGCTTTGATATTAACCATGATATTTTTCGTTTGA  
 TAGCCCAAAGATGATAAGCACAGCTTTAAACTAAGGCAGAAATTTGAGG  
 AAtTAAAGCAAAACATAATATCACTTATGGGAAATGGGTTAACGATAAG  
 ATTGTTTTTGCACATAACTACGCCaCAATACAGAAACGGTGGCTGATAT  
 TGCAGCAGCTATGAAAGATGGTTATGGGTGAGAAGCAAGAATATTTTGC  
 ATGGTACACACGTTGCTGGTATTTTTGTAGGTAATAGTAAACGTCACAGCA  
 ATCAATAGTCTTCTTTTGAAGGTGCAGCGCCAAATGCTCAAGTCTTATT  
 AATGCGTATTCCAGATAAAATTGATTGCGACAAATTTGGAGAAGCATATG  
 CTAAGCAATCATAGCGCTGTTAATCTAGGAGCAAAAACGATTAAATATG  
 AGCCTGGGAAAAACGGCTGATTCTTTAATTGCTCTCAATGATAAAGTTAA  
 ATTAGCACTTAAATTAGCTTCTGAGAAGGGCGTTGCAGTTGTTGTGGCTG  
 CCGGAAATGAAGGTGCATTTGGTATGGATTATAGCAAACCATATCAACT  
 AATCCTGACTACGGTACGGTTAATAGTCCAGCTATTTCTGAAGTACTTT  
 GAGTGTGCTAGCTATGAATCACTTAAACTATCAGTGAGGTCGTTGAAA  
 CAACTATTGAAGGTAAGTTAGTTAAGTTGCCGATTGTGACTTCTAAACCT  
 TtTGACAAAGGTAAGGCCTACGATGTGGTTTATGCCAATTATGGTGCAAA  
 AAAGATTTTGAAGGTAAGGACTTTAAAGGTAAGATTGCATTAATTGAGCG  
 TGGTGGTGGACTTGATTTTATGACTAAAATCACTCATGCTACAAATGCAG  
 GTGTTGTTGGTATCGTTATTTTTTAACGATCAAGAAAAACGTGGAAATTTT  
 CTAATTCCTTACCGTGAATTACCTGTGGGGGTATTAGTAAAGTAGATGG  
 CGAGCGTATAAAAAATACTTCAAGTCAGTTAACATTTAACCAGAGTTTG  
 AAGTAGTTGATAGCCAAGGTGGCAATCGTATGCTGGAACAATCAAGTTGG  
 GCGGTGACAGCTGAAGGAGCAATCAAGCCTGATGTAACAGCTTCTGGCTT  
 TGAaATTTATTTCTCAACCTATAATAATCAATACTAAACAATGTCTGGTA  
 CAAGTATGGCTTCACCACATGTTGCAGGATTAATGACAAATGCTTCAAAGT  
 CATTTGGCTGAGAAATATAAAGGGATGAATTTAGATTCTAaAAAATTGCT

## SEQUENCE LISTING

AGaATTGTCTAaaAACATCCTCATGAGCTCAGCAACAGCATTATATAGTG  
AAGAGGATAAGGCGTTTTATTCCACCACGTGAGCAAGGTGCAGGTGTAGTT  
GATGCTGAAAAAGCTATCCAAGCTCAATATTATGTTACTGGAAACGATGG  
CAAAGTTAAATTAATCTCAAACGAGAGGGAGATAAATTTGATATCACAG  
TTACAATTCAaAaCTTGTAGAAGGTGTCAAAGAATTGTATTATCAAGCT  
AATGTAGCAaCAGAACAAGTAAATAAAGGTAATTTGCCCTTAAACCACA  
AGCCTTGCTAGATACTAATTGGCAGAAAGTAATTTCTcGTGATAAAGAAA  
CACAAAGTTCGATTACTATTGATGCTAGTCAATTTAGTCAGAAATTAATA  
GAACAGATGGCAAATGGTTATTTCTTAGAAGGTTTGTACGTTTAAAGA  
AGCCAAGGATAGTAATCAGGAGTTAATGAGTATTCCTTTTGTAGGATTTA  
ATGGTGATTTTTCGAACTTACAAGCACTTGAAACACCGATTATAAGACG  
CTTTCTAAAGGTAGTTTCTACTATAAACCAATGATACAACCTATAAAGA  
CCAAATTGGAGTACAATGAATCAGCTCCTTTTGAAAGCAACAATACTACTG  
CCTTGTTAACACAATCAGCGTCTTGGGGCTATGTTGATTATGTCAAAAAT  
GGTGGGGAGTTAGAACTAGCACCGGAGAGTCCAAAAGAATTATTTAGG  
aACTTTTGAGATAAAGTTGAGGATAAAACAATTATCTTTTGGAAAGAG  
ATGCAGCGAATAATCCATATTTTGCCATTTCTCCAAATAAAGATGGAAAT  
AGGGACGAAATCACTCCCCAGGCaACTTTCTTAAGAAATGTTAAGGATAT  
TTCTGCTCAAGtCTAGATCAAAATGGAAATGTTATTTGGCAAAGTAAGG  
TTTTACCATCTTATCGTAAAAATTTCCATAATaATCCAAAGCAAAGTGAT  
GGTCATTATCGTAGGATGCTCTTCAGTGGAGTGGTTTAgATAAGGATGG  
CAAAGTTGTAgCAGATGGtTTTTATACTTATCGCTTACGTTACACACCAG  
TAGCAGAAGGAGCAAATAGTCAGGAGTCAGACTTTaAAGTTCAGATAAGT  
AcTAAGTCACCAATCTTCTTACGAGCTCAGTTTGATGaAACTAATCG  
AACATTAAGCTTAGCCATGCCTAAGGAAAGTAGTTATGTTCTACATATC  
GTTTACAATTAGTTTATCTCATGTTGTAAAAGATGAAGAATATGGGGAT  
GAGACTTCTTACCATTATTTCCATATAGATCAAGAAGGTAAAGTGACACT  
TCCTAAAACGGTTAAGATAGGAGAGAGTGAGGTTGCGGTAGACCCTAAGG  
CCTTGACACTTGTGTGGAAGATAAAGCTGGTAATTTTGCAACGGTAAAA  
TTGTCTGACCTCTTGAATAAGGCAGTAGTATCAGAGAAAGAAAACGCTAT  
AGTAATTTCTAACAGTTTCAAATATTTTGATAACTGAAGAAAGAACCTA  
TGTTTATTTCTAAAGAAGGAAAAGTAGTAACAAAGAATCTAGAAGAAATA  
ACATTAGTTAAGCCTCAAACCTACAGTTACTACTCAATCATTTGTCTAAAGA  
AATAACTAAATCAGGAAATGAGAAAGTCCTCACTTCTACAAACAATAATA  
GTAGCAGAGTAGCTAAGATCATATCACCTAAACATAACGGGGATTCTGTT  
AACCATACC

SEQ ID NO. 4408

STRAIN M781

GAGGAGCAAGAATTAAAAAACCAAGAGCAATCACCTGT  
AATTGCTAATGTTGCTCAACAGCCATCGCCATCGGTAACCTACTAATATTG  
TTGAAAAACATCTGTAACAGCTGCTTCTGCTAGTAATACAGTGAAAGAA  
ATGGGTGATACATCTGTAAAAAATGACAAAACAGAAGATGAATTATTAGA  
AGAGTTATCTAAAAACCTTGATACGTCTAATTTGGGGGCTGATCTTGAAG  
AAGAATATCCCTCTAAACCAGAGACAACCAACAATAAAGAAAGCAATGTA  
GTAACAAATGCTTCAACTGCAATAGCACAGAAAGTTCCCTCAGCATATGA  
AGAGGTGAAGTCAGAAAGCAAGTCATCGCTTGTCTTCTGATACATCTA  
AAATAACAAAATTAACAAGCCACAACCCAAAGAGGAAAGGGAAATGTAGTA  
GCTATTATTGATACTGGCTTTGATATTAACCATGATATTTTTCGTTTAGA  
TAGCCCAAAAGATGATAAGCACAGCTTTAAACTAAGGCAGAATTTGAGG  
AATTAAGCAAAACATAATATCACTTATGGGAAATGGGTAAACGATAAG  
ATTGTTTTTGCACATAACTACGCCAaCAATACAGAAACGGTGGCTGATAT  
TGCAGCAGCTATGAAAGATGGTTATGGGTCAGAAAGCAAGAATATTTTGC  
ATGGTACACAGCTTGCTGGTATTTTGTAGGTAATAGTAAACGTCCAGCA  
ATCAATAGTCTTCTTTTAGAAGGTGCAGCGCCAAATGCTCAAGTCTTATT  
AATGCGTATTCAGATAAAATGATTTCGGACAAATTTGGAGAAGCATATG  
CTAAAGCAATCATAGACGCTGTTAATCTAGGAGCAAAAACGATTAAATATG  
AGCCTGGGAAAAACGGCTGATTCTTAAATGCTCTCAATGATAAAGTTAA  
ATTAGCACTTAAATTAGCTTCTGAGAAGGGCTTGCAGTTGTTGTGGCTG  
CCGGAATGAAGGTGCATTTGGTATGGATTATAGCAAaCCATTATCAaCT  
AATCCTGACTACGGTACGGTAAATAGTCCAGCTATTTCTGAAGATACTTT  
GAGTGTGCTAGCTATGAATCACTtAAAACCTATCAGTGAGGTGCTTGAAG  
CAACTATTGAAGGTAAAGTGTAGTTAAGTTGCCGATTGTGACtCTAaACCT  
TTTGACAAAGGTAAAGGCCTACGATGTGGTTATGCCAATTATGGTGCAA

## SEQUENCE LISTING

AAAGATTTTGAAGGTAAGGACTTTAAAGGTAAGATTGCATTAAATTGAGCG  
 TGGTGGTGGACTTGATTTTATGACTAAAATCACTCATGCTACAAATGCAG  
 GTGTGTTGGTATCGTTATTTTAAACGATCAAGAAAAACGTGGAAATTTT  
 cTAATTCCTTACCGTGAATTACCTGTGgGGGTTATTAGTAAAGTAGATGG  
 CGAGCGTATAAAAAATACTTCAAGTCAGTTAACATTTAACAGAGTTTTg  
 AAGTAGTTGATAGCCAAAGGTGGCAATCGTATGCTGGAACAATCAAGTTGG  
 GGCGTGACAGCTGAAGGAGCAATCAAGCCTGATGTAAACAGCTTCTGGCTT  
 TGAAATTTATTCTTCAACCTATAATAATCAATACTAAACAATGTCTGGTA  
 CAAGTATGGCTTCACCACATGTTGCAGGATTAATGACAATGCTTCAAAGT  
 CATTTGGCTGAGAAATATAAAGGGATGAATTTAGATTCTAAAAAATTGCT  
 AGAATTGTCTAAAAACATCCTCATGAGCTCAGCAACAGCATTATATAGTG  
 AAGAGGATAAGGCGTTTTATTACCACGTCAGCAAGGTGCAGGTGTAGTT  
 GATGCTGAAAAAGCTATCCAAGCTCAATATTATGTTACTGGAACGATGG  
 CAAAGTTAAATTAATCTCAAACGAGAGGGAGATAAATTTGATATCACAG  
 TTACAATTCATaACTTGTAgaAGGTGTCAAAGAATTGTATTATCAAGCT  
 AATGTAGCaaCAGAACAAGTAAATaAGGTAAATTTGCCCTTaAaCCaCA  
 AGCCTTGCTAGATACTAATTGGCAGAAAGTaatTTCTTcGTGATAAAGAAA  
 CACAAGTTcGATTTACTAtTGATGCTAGTCAATTTAGTCAGAAATTA AAA  
 GAACAGATGGCAAATGGTTATTTCTTAGAAGGTTTTGTACGTTTTAAAGA  
 AGCCAAGGATAGTAATCAGGAGTTAATGAGTATTCCTTTTGTAGGATTTA  
 ATGGTGATTTTGGCAACTtACAAGCACTTGAAACACCGATTTATAAGACG  
 CTTTCTAAAGGTAGTTTCTACTATAaaCCAAATGATACAACCTATAAAGA  
 CCAATTGGAGTACAAATGAATCAGCTCCTTTTGAAAGCAACAACATACTG  
 CCTTGTTAACACAATCAGCGTCTTGGGGCTATGTTGATTATGTCAAAAAAT  
 GGTGGGAGTTAGAATTAGCACCGGAGAGTCCAAAAAGAATTATTTTAGG  
 AACTTTTGAGAATAAGGTTGAGGATAAAACAATTCATCTTTTGGAAAGAG  
 ATGCAGCGAATAATCCATATTTTGCCATTTCTCCAATAAAGATGGAAAT  
 AGGGACGaaATCACTCCCCAGGCaActTTCTTAAGAAATGTTAAGGATAT  
 TTCTGCTCAAGtTCTAGATCAAAATGGAAATGTTATTTGGCAAAGTAAGG  
 TTTTACCATCTTATCGTAAAAATTTCCATAATaATCCAAAGCAAAGTGAT  
 GGTCAATTATCGTATGGATGCTCTTCAGTGGAGTGGTTAGATAAGGATGG  
 CAAAGTTGTAGCAGATGGTTTTTATACTTATCGCTTACGTTACACACCAG  
 TAGCAGAAGGAGCAAATAGTCAGGAGTCAGACTTTAAAGTTCAAGTAAGT  
 ACTAAGTCACCAAATCTTCCTTCACGAGCTCAGTTTGATGAACATAATCG  
 AACATTAAGCTTAGCCATGCCTAAGGAAAGTAGTTATGTTTCTACAtATC  
 GTTTACAATTAGTTTATCTCATGTTGTAAAAGATGAAGAATATGGGGAT  
 GAGACTTCTTACCATTATTTCCATATAGATCAAGAAGGTAAAGTGACACT  
 TCCTAAAACGGTTAAGATAGGAGAGAGTGAGGTTGCGGTAGACCCTAAGG  
 CCTTGACACTTGTTGTGAAGATAAAGCTGGTAATTTTGCAACGGTAAAA  
 TTGTCTGACCTCTTGAATAAGGCAGTAGTATCAGAGAAAGAAAACGCTAT  
 AGTAATTTCTAACAGTTTCAAATATTTTGATAACTTGAAGAAAGAACCTA  
 TGTTTATTTCTAAGAAGGAAAAGTAGTAAACAAGAATCTAGAAGAAATA  
 ACATTAGTTAAGCCTCAAACACAGTTACTACTCAATCATTGTCTAAAGA  
 AATAACTAAATCAGGAAATGAGAAAGTCTCCTCATTCTACAAACAATAATA  
 GTAGCAGAGTAGCTAAGATCATATCACCTAACATAACGGGGATTCTGTT  
 AACCATACC

SEQ ID NO. 4409

STRAIN CJB110

GAGGAGCAAGAATTA AAAAACCAAGAGCAATCACCTGTAA  
 TTGCTAATGTTGCTCAACAGCCATCGCCATCGGTAACCTACTAATATTGTT  
 GAAAAAACATCTGTAnCAGCTGCTTCTGCTAGTAATACAGCGAAAGAAAT  
 GGGTGATACATCTGTAAAAAATGACAAAAACAGAAGATGAATTATTAGAAG  
 AGTTATCTAAAAACCTTGATACGTCTAATWTGGGGGCTGATCTTGAAGAA  
 GAATATCCCTCTAAACCAGAGACAACCAACAATAAAGAAAGCAATGTAGT  
 AACAAATGCTTCAACTGCAATAGCACAGAAAGTCCCTCAGCGTATGAAG  
 AGGTGaAGCCAGAAAGCAAGTCATCGCTTGCTGTTTTTGATACATCTAAA  
 ATAACAAAATTGCAAGCCATAACCCAAAGAGGAAAGGGAAATGTAGTAGC  
 TATTATTGATACTGGCTTTGATATTAACCATGATATTTTTCGTTTAGATA  
 GCCCAAAAGATGATAAGCACAGCTTTAAACTAAAGCAGAATTCGAGGAA  
 tTAAAGCAAAAACATAATATCACTTATGGGAAATGGGTTAACGATAAGAT  
 TGTTTTTGCACATAACTACGCCAACAAATACAGAAACGGTGGCTGATATTG  
 CAGCAGCTATGAAGATGGTTATGGGTGAGAAGCAAGAATATTTTCGCAT  
 GGTACACACGTTGCTGGTATTTTTGTAGGTAATAGTAAACGTCCAGCAAT

## SEQUENCE LISTING

CAATGGTCTTCTTTTAGAAGGTGCAGCGCCAAATGCTCAAGTCTTATTAA  
 TGCGTATTCCAGATAAAATTGATTTCGGACAAATTTGGAGAAGCATATGCT  
 AAAGCAATCACAGACGCTGTTAATCTAGGAGCAAAAACGATTAAATATGAG  
 CCTTGGA AAAACAGCAGATTCTTTAATTGCACTCAATGATAAAGTTAAAT  
 TAGCACTTAAATTAGCTTcTGAGAAGGGCGTTGCAGTTGTTGTGGCTGCC  
 GGAATGAAGGTGCAATTGGTATGGATTATAgCAAACCATTATCAACTAA  
 TcCTGACTACGGtACGGTTAATAGTCCAGCTATTTcTGAAGATACTTTGA  
 GTGTTGCTAGCTATGAATCACTTAAACTATCAGTGAGGTCGTTGaAAACA  
 ACTATTGAAGGTAAAGTTAGTTAAGTTGCCGATTGTGACTTcTAAACCTTT  
 TGACAAAGGTAAGGCCTACGATGTGGTTTATGCCAATTATGGTGCAAAAA  
 AAGACTTTGAAGGTAAGGACTTTAAAGGTAAGATTGCATTAAATTGAGCGT  
 GGTGGTGGACTTGATTTTATGACTAAAATCACTCATGCTACAAATGCAGG  
 TGTGTTGGTATCGTTATTTTTTAACGATCAAGAAAAACGTGGAAATTTTc  
 TAATTCCTTACCGTGAATTACCTGTGgGGGTTATTAGTAAAGTAGATGGC  
 GAGCGTATAAAAAATACTTCAAGTCAGTTAACATTAAACCAgAGTTTGA  
 AGTAgtTGATAGCCAAgGTGGCAATCGTATGCTGGAACAATCAAGTtGGG  
 GCGTGACAGCTGAAGGAGCAATCAAGCCTGATGTAACAGCTTCTGGCTTT  
 GAAATTTATTCTTCAACCTATAATAATCAATACCAACAATGTCTGGTAC  
 AAGTATGGCTTCACCACATGtTGCAGGATTAATGACAATGCTTCAAAATC  
 ATTTGGCTGAGAAATATAAAGGATGAATTTAGATTCTAAAAAATTGCTA  
 GAATTGTCTAAAAACATCCTCATGAGCTCAGCAACAGCATTATATAGTGA  
 AGAGGATAAGGCGTTTTATTACCACGTCAGCAAGGtGCAGGTGTAGTTG  
 ATGCTGAAAAAGCTATCCAAGCTCAATATTATGTTACTGGAACGATGGC  
 AAAGCTAAAATTAATCTCAAACGAGTGGGAGATAAATTTGATATCACAGT  
 TACAATTCATAAATCTGTAGAAGGTGTCAAAGAATTGTATTATCAAGCTA  
 ATGTAGCAACAGAACAAGTAAATAAAGGTAAATTTGCCCTTaAACACAA  
 GCCTTGCTAGATACTAATTGGCAGAAAGTAATTTCTTcGTGATAAAGAAAC  
 ACAAGTTTCGATTTACTAtTGATGCTAGTCAATTTAgTCAGAAATTAAGA  
 AACAGATGGCAATGTTATTTCTTAgAAGGTTTGTACGTTTAAAGAA  
 GCCAAGGATAGTAATCAGGAGTTAATGAGTATTCCTTTTGTAGGATTTAA  
 TGGTGATTTTGGCAACTtACAAGCACTTGAACACCGATTTATAAGACGC  
 TTTCTAAAGGTAGTtTCTACTATAAACCAATGATACAACCTATAAAGAC  
 CAATTGGAGTACAATGAATCAGCTCctTTTGAAAGCAACAATACTATGCT  
 CTTGTTAACACAATCAGCGTCTTGGGGCTATGTTGATTATGTCAAAATG  
 GTGGGGAGTTAGAATTAGCACCGGAGAGTCCAAAAAGAATTATTTAGGA  
 ACTTTTGAGAAATAAGGTTGAGGATAAAACAATTCATCTTTTGAAAGAGA  
 TGCAGCGAATAATCCATATTTTGCCATTTCTCCAAATAAAGATGGAAATA  
 GGGATGaaATCACTCCCCAGGCAACTTTCTTAAGAAATGTTAAGGATATT  
 TCTGCTCAAGTTCTAGATCAAAATGGAAATGTTATTTGGCAAAGTAAGGT  
 TTTACCATCTTATCGTAAAAATTTCCATAATAATCCAAAGCAAAGTGATG  
 GTCATTATCGTATGGATGCCTTTCAAGTGGAGTGGTTTAgATAAgGATGGC  
 AAAGTTGTAGCAGATGGTTTTTATACTTATCGCCTACGTTACACACCAGT  
 AGCAGAAGGAGCAAAATAGTCAGGAGTCagACTTTAAAGTTCAAGTAAGTA  
 CTAAGTCACCAAAATCTTCTTTACTAGCTCAGTTTGATGAACTAATCGA  
 ACATTAAGCTTAGCCATGCCTAAGGAAAGTAGTTATGTTCCATACATATCG  
 TTTACAATTAGTTTTATCTCATGTTGTAAGATGAAGAATATGGGGATG  
 AGACTTCTTACCATTATTTCCATATAGATCAAGAAGGTAAAGTGACACTT  
 CCTAAAACGGTTAAGATAGGAGAGAGTGAGGTTGCAGTAGACCCCTAAGGC  
 CTGACACTTGTGTGGAAGATAAAGCTGGTAATTTTGCAACGGTaAAAT  
 TGTCTGACCTCTTGAaTAAGGCAGTAGTATCAGAGAAAGAAACGCTATA  
 GTAATTTCTAACAGTTTCAAATATTTTGATAACTTGAAAAAGAATCTAT  
 GTTTATTTCTAAAAGAAGGAAAAGTAGTAAACAAGAATCTAGAAGAAATAA  
 CATTAGTTAAGCCGCAaACTACAGTTACTACTCAATCATTGTCTAAAGAA  
 ATAATAAATCAGGAAATGAGAAAGTCCTCACTTCTACAAACAATAATAG  
 TAGCAGAGTAGCTAAGATCATATCACCTAAACATAACGGGGATTCTGTTA  
 ACCATACC

SEQ ID NO. 4410

STRAIN 1169NT

GAGGAGCAAGAATTAAAAACCAAGAGCAATC

ACCTGTAATTGCTAATGTTGCTCAACAGCCATCGCCATCGGTAACACTA  
 ATATTGTTGAAAAACATCTGTAACAGCTGCTTCTGCTAGTAATACAGCG  
 AAAGAAATGGGTGATACATCTGTA AAAAATGACAAAACAGAAGATGAATT  
 ATTAGAAGAGTTATCTAAAAACCTTGATACGCTAATATGGGGCTGATC

## SEQUENCE LISTING

TTGAAGAAGAAATATCCCTCTAAACCAGAGACAACCAACAATAAGGAAAGC  
 AATGTAGTAACAAATGCTTCAACTGCAATAGCACAGAAAGTTCCCTCAGC  
 ATATGAAGAGGTGAAGCCAAAAAGCAAGTCATCGCTTGCTGTTCTTGATA  
 CATCTAAAATAACAAATTTGCAAGCCATAACCCAAAGAGGAAAGGGAAAT  
 GTAGTAGCTATTATTGATACTGGCTTTGATATTAACCATGATATTTTCG  
 TTTAGATAGCCCAAAAGATGATAAGCACAGCTTTAAAAATAAGGCAGAAT  
 TCGAGGAATTAAAGCAAAACATAATATCACTTATGGGAAATGGGTAAAC  
 GATAAGATTGTTTTTGCACATAACTACGCCAACAAATACAGAAACGGTGGC  
 TGATATTGCAGCAGCTATGAAAGATGGTTATGGTTGAGAAGCAAGAATA  
 TTTTCGATGGTACACACGTTGCTGGTATTtTTGTAGGTAATAGTAAACGT  
 CCAGCAATCAATGGTCTTCTTTTAgAAGGTGCAGCGCCAAATGCTCAAGT  
 CTTATTAATGCGTATTCAGATAAAAAttGATTCCGGACAAATTtGGAGAAG  
 CATATGCTAAAGCAATCACAGACGCTGTTAATCTAGGAGCTaAAACGATT  
 AATATGAGTATTGGAAAAACAGCTGATTCTTTAATTGCTCTCAATGATAA  
 AGTTAAATTAgCACTTAAATTAGCTTCTGAGAAGGGCGTTGCAGTTGTTG  
 TGGCTGcCGGAATGAAGGCGCATtTGTATGGATTATAGCAAACCGTTA  
 TCAACTAATcCTGACTACGGtACGGtTAATAGTCCAGCTATTTCTGAAGA  
 TACTTTGAGTGTTGCTAGCTATGAATCACTTAAACTATCAGTGAGGTGCG  
 TTGAACAACACTATTGAAGGTAAAGTTAGTTAAGTtGCCGATTGtGACTTCT  
 AAACCTTtTGACAAAGGTAAAGGCTACGATGTGGTTTATGCCAATTATGG  
 TGCAAAAAAAGACTTTGAAGGTAAAGGACTTTAAAGGTAAAGATTGCATTAA  
 TTGAGCGTGGTGGTGGACTTGATTTTATGACTAAAATCACTCATGTACA  
 AATGCAGGTGTTGTTGGTATCGTTATTTTAACGATCAAGAAAAACGTGG  
 AAATTTTCTAATTCCTTACCGTGAATTACCTGTGGGGGTATTAGTAAAG  
 TAGATGGCGAGCGTATAAAAAaTACTTCAAGTCAGTTAACATTTAACCAg  
 AGATTTGAAGTAGTTGATAGCCAAgGTGGCAATCGTATGCTGGAACAATC  
 aAGTtGGGGCGTGACAGCTGAAGGAGCAATCAAGCCTGATGTAACAGCTT  
 CTGGCTTCGaAATTTATCTTTCaCCTATAATAATCAATACCAACAATG  
 TCTGGTACAAGTATGGCTTCACCACATGTTGCAGGATTAATGACAAATGCT  
 TCAAGTCATTTGGCTGAGaAATATAAAGGGATGAATTTAgATTCTaAAA  
 AATTGCTAGAATTGTCTAAAAACATCCTCATGAGCTCAGCAACAGCATTa  
 TATAGTGAAGAGGATAAGGCGTttTATTCACCACGTGAGCAAGGtGCAGG  
 TGATGTTGATGCTGAAAAAGCTATCCAAGCTCAATATTATGTTACTGGAA  
 ACGATGGCAAAAGCTAAAAATTAATCTCAACGAGTGGGAGATAAATTTGAT  
 ATCACAGTTACAATTCATAAACTTGTAGAAGGTGTCAAAGAATTGTATTA  
 TCAAGCTAATGTAGCAACAGAAACAGTAAATAAAGGTAAATTTGCCCTTA  
 AACCACAAGCCTTGCTAGATACTAATTGGCAGAAAGTAATCTTcGTGAT  
 AAAGAAACACAAGTTCGATTACTATTGATGCTAGTCAATTTAgTCAGAA  
 ATTAAGAAGACAGATGGCAAAATGGTTATTTCTTAgAAGGTTTTGTACGTT  
 TTAAAGAAGCTAAGGATAGTAATCAGGAGTTAATGAGTATTCCTTTTGTA  
 GGATTTAAGGTGATTTTTCGAGCTTACAAGCACTTGAAACACCGATTTA  
 TAAGACGCTTTCTAAAGGTAGTTTCTACTATAAACCAATGATACAACCTC  
 ATAAAGACCAATTGGAGTATAATGAATCAGCTCCTTTTGAAGCAACAAAC  
 TATACTGCCTTGTTAACACAATCAGCGTCTTGGGGCTATGTTGATTATGT  
 CaAAAATGGTGGGGAGTTAGAATTAGCACCGGAGAGTcCAAAAAGAATTA  
 TTTTAGGAACTTTGTAGAATAAGGTTGAGGATAAAACAAATTCATCTTTTG  
 GAAAGAGATGCAGCGAATAATCCATATTTTGCCATTTCTCCAATAAAGA  
 TGGAAATAGGGATGAAATCACTCCCCAGGCAACTTTCTTAAGAAATGTTA  
 AGGATATTTCTGCTCAAGTTCTAGATCAAAATGGAAATGTTATTTGGCAA  
 AGTAAGGTTTTACCATCTTATCGTAAAAATTTCCATAATAATCCAAAGCA  
 GAGTGATGGTCATTATCGTATGGATGCCCTTCAGTGGAGTGGTTTTAgATA  
 AGGATGGCAAAAGTTGTAGCAGATGGTTTTTATACTTATCGCTTACGTTAC  
 ACACCAGTAGCAGAAGGAGCAAAATAGTCAGGAGTCAGACTTTAAAGTTCA  
 AGTAAGTACTAAGTCACCAATCTTCTTTCAGGAGCTCAGTTTGATGaAA  
 CTAATCGAACATTAAGCTTAGCCATGCCTAAGGGAAGTAGTTATGTTCCCT  
 ATATATCGTCTACAATTAGTTTATCTCATGTTGTAAAAGATGAAGAATA  
 TGGAGATGAGACTTCTTACTATTATTTCCATATAGATCAAGAAGGTAAAG  
 CGACACTTCTTAAAACGGTTAAGATAGGAGAGAGTGAGGTTGCAGTAGAC  
 CCTAAGGCCCTTGACACTTGTTGTGGAAGATAAAGCTGGTAATTTTCGCaC  
 GGTAAAATTGCTGACCTCTGAATAAGGCAGTAGTATCAGAGAAAGAAA  
 ACGCTATAGTAATTTCTAACAGTTTCAAATATTTTGATACTTGAAAAAA  
 GAACCTATGTTTATTTCTAAAAAAGAAAAAGTAGTAAACAAGAATCTAGA  
 AGAaATAATATTAGTTAAGCCGCaCCTACAGTTACTACTCaATCATTGT  
 CTAAGAATAACTAAATCAGGAAATGAGAAAGTCTCACTTCTACAAAC

## SEQUENCE LISTING

AATAATAGTAGTAGAGTAGCTAAAATCATATCACCTAAACATAATGGGGA  
TTCTGTAAACCATACC

SEQ ID NO. 4411

STRAIN JM9130013

GAGGAGCAAGAATTAAAAAACAAGAGCAATCACCTGTAA  
TTGCTAATGTTGCTCAACAGCCATCGCCATCGGTAACCTACTAATACTGTT  
GAAAAACATCTGTAAACAGCTGCTTCTGCTAGTAATACAGCGAAAGAAAT  
GGGTGATACATCTGTAAAAAATGACAAAACAGAAGATGAATTATTAGAAG  
AGTTATCTAAAAACCTTGATACGTCTAATTTGGGGGCTGATCTTGAAGAA  
GAATATCCCTCTAAACCAGAGACAACCAACAATAAAGAAAGCAATGTAGT  
AACAAATGCTTCAACTGCAATAGCACAGAAAGTTCCCTCAGCATATGAAG  
AGGTGAAGCCAGAAAGCAAGTCATCGCTTGCTGTTCTTGATACATCTAAA  
ATAACAAAATTACAAGCCATAACCCAAAGAGGAAAGGAAATGTAGTAGC  
TATTATTGATACTGGCTTTGATATTAAACCATGATATTTTTCGTTTAGATA  
GCCCCAAAGATGATAAGCACAGCTTTAAACTAAGACAGAATTTGAGGAA  
TTAAAGCAAAACATAATATCACTTATGGGAAATGGGTAAACGATAAGAT  
TGTTTTTGACATAACTACGCCAACAAATACAGAAACGGTGGCTGATATTG  
CAGCAGCTATGAAGATGGTTATGGTTTCAAGCAAGAAAGATATTTTCGCAT  
GGTACACACGTTGCTGGTATTTTTGTAGGTAATAGTAAACGTCAGCAAT  
CAATGGTCTTCTTTTGAAGGTGCAGCGCCAAATGCTCAAGTCTTATTAA  
TGCGTATTCCAGATAAAATTGATTCGGACAAATTTGGTGAAGCATATGCT  
AAAGCAATCACAGACGCTGTTAATCTAGGAGCAAAACGATTAAATATGAG  
TATTGGAAAAACAGCTGATTCTTTAATTGCTCTCAATGATAAAGTTAAAT  
TAGCACTTAAATTAGCTTCTGAGAAGGGCGTTGCAGTTGTTGTGGCTGCC  
GGAAATGAAGGCGCATTTGGTATGGATTATAGCAAACCATATCAACTAA  
TCCTGACTACGGTACGGTTAATAGTCCAGCTATTTCTGAAGATACTTTGA  
GTGTTGCTAGCTATGAATCACTTAAACTATCAGTGAGGTCGTTGAAACA  
ACTATTGAAGGTAAGTTAGTTAAGTTGCCGATTGTGACTTCTAAACCTTT  
TGACAAAGGTAAGGCTACGATGTGGTTTATGCCAATTATGGTGCAAAAA  
AAGACTTTGAAGGTAAGGACTTTAAAGGTAAGATTGCATTAATTGAGCGT  
GGTGGTGGACTTGATTTTATGACTAAAATCACTCATGCTACAAATGCAGG  
TGTTGTTGGTATCGTTATTTTTAACGATCAAGAAAAACGTGGAAATTTTC  
TAATTCCTTACCGTGAATTACCTGTGGGGATTATTAGTAAAGTAGATGGC  
GAGCGTATAAAAAATACTTCAAGTCAGTTAACATTTAACAGAGTTTGA  
AGTAGTTGATAGCCAAGGTGGTAATCGTATGCTGGAACAATCAAGTTGGG  
GCGTGACAGCTGAAGGAGCAATCAAGCCTGATGAACAGCTTCTGGCTTT  
GAAATTTATTCTTCAACCTATAATAATCAATACCAACAATGTCTGGTAC  
AAGTATGGCTTCAACCATGTTGTCAGGATTAAAGCAATGCTTCAAGTC  
ATTTGGCTGAGAAATATAAAGGGAAGAATTTAGATTCTAAAAAATTGCTA  
GAATTGTCTAAAAACATCCTCATGAGCTCAGCAACAGCATTATATAGTGA  
AGAGGATAAGGCGTTTATTCAACACGTCAGCAAGGTGCAGGTGTAGTTG  
ATGCTGAAAAAGCTATCCAAGCTCaATATTATATTCTGGAACGATGGC  
AAAGCTAAAATTAATCTCAAACGAATGGGAGATAAATTTGATATCACAGT  
TACAATTCAaAACTTGTAAGGTGTCAAAGAAATGTATTATCAAGCTA  
ATGTAGCAACAGAACAAGTAAATAAAGGTAAATTTGCCCTTaAACCACAA  
GCCTTGCTAGATACTAATTGGCAGAAAGTAATCTTCTGATAAAGAAAC  
ACAAGTTCGATTTACTATTGATGCTAGTCAATTTAGTCAGAAATTAAAG  
AACAGATGGCAAATGGTTATTTCTTAGAAGGTTTTGTACGTTTTAAAGAA  
GCCAAGGATAGTAATCAGGAGTTAATGAGTATTCCTTTTGTAGGATTTAA  
TGGTGATTTTGCGAACTTACAAGCACTTGAACACCGATTTATAAGACGC  
TTTCTAAAGGTAGTTTCTACTATAAACCAATGATACAACCTATAAGAC  
CAATTGGAGTACAATGAATCAGCTCCTTTTGAAGCAACAACCTATACTGC  
CTTGTTAACACAAATCAGCGTCTTGGGGCTATGTTGATTATGTCAAAATG  
GTGGGGAGTTAGAATTAGCACCGGAGAGTCCAAAAAGAATTATTTTAGGA  
ACTTTTGAGAATAAGGTTGAGGATAAAACAATTCACTTTTGGAAGAGAG  
TGCAGCGAATAATCCATATTTTGCCATTTCTCCAAATAAAGATGGAAATA  
GGGACGAAATCACTCCCCAGGCAACTTCTTAAGAAATGTTAAGGATATT  
TCTGCTCAAGTTCTAGATCAAAATGGAAATGTTATTTGGCAAAGTAAGGT  
TTTACCATCTTATCGTAAAAATTTCCATAATAATCCAAAGCAAAGTGATG  
GTCATTATCGTATGGATGCTCTTCAGTGGAGTGGTTTAGATAAGGATGGC  
AAAGTTGTAGCAGATGGTTTTTATACTTATCGCTTACGTTACACACCAGT  
AGCAGAAGGAGCAATAGTCAGGAGTCAGACTTTAAAGTACAAGTAAGTA  
CTAAGTCACCAATCTTCTTCACGAGCTCAGTTTGATGAACTAATCGA



## SEQUENCE LISTING

ACATTAAGCTTAGCCATGCCTAAGGAAAGTAGTTATGTTCCATACATATCG  
 TTTACAATTAGTTTTATCTCATGTTGTAAAAGATGAAGAATATGGGGATG  
 AGACTTCTTACCATTATTTCCATATAGATCAAGAAGGTAAGTGACACTT  
 CCTAAAACGGTTAAGATAGGAGAGAGTGAGGTTGCGGTAGACCCTAAGGC  
 CTTGACACTTGTTGTGGAAGATAAAGCTGGTAATTCGCAaCGGTAAAT  
 TGTCTGATCTCTTGAATAAGGCAGTAGTATCAGAGAAAGAAAACGCTATA  
 GTAATTTCTaACAGTTTCAAATATTTTGATAACTTGAAAAAAGAACCTAT  
 GTTTATTTCTAAAAAAGAAAAAGTAGTAAACAAGAATCTAGAAGAAATAA  
 TATTAGTTAAGCCGCAAACTACAGTTACTACTCAATCATTTGTCTAAAGAA  
 ATAATAAATCAGGAAATGAGAAAGTCCCTCACTTCTACAAAAATAATAG  
 TAGCAGAGTAGCTAAGATCATATCACCTAACATAACGGGGATTCTGTTA  
 ACCATACC

## SEQ ID NO. 4412

## STRAIN 2603

VDKHHSSKAILKLTLITTSILLMHSNOVNAEEQELKNQEQSPVIANVAQQPSPSVTTNTV  
 EKTSVTAASASNTAKEMGDTSVKNDKTEDELLEELSKNLDTSNLGADLEEEYPSKPETTN  
 NKESENVVTNASTAIAQKVPAYEEVKPESKSSLAVALDTSKITKLQAITQRGKGNVVAIID  
 TGF DINHDI FRLDSPKDDKHSFKTKTEFEELKAKHNITYGKWNVDKIVFAHNYANNTEV  
 ADIAAAMKDGYGSEAKNISHGTHVAGIFVGN SKRPAINGLLLEGAAPNAQVLLMRIPDKI  
 DSKDFGEAYAKAITDAVNLGAKTINMSIGKTADSLIALNDKVKLALKLASEKGVAVVVA  
 GNEGAFGMDYSKPLSTNPDYGTVNSPAISEDTLVSVASYESLKTISEVVETTIEGKLVKLP  
 IVTSKPFDKGKAYDVVYANYGAKKDFEGKDFKGKIALIERGGGLDFMTKITATHATNAGVVG  
 IVIFNDQEKRGNFILPYRELPVGIISKVDGERIKNTSSQLTFNQSFVVDSSQGNRMLEQ  
 SSWGVTAEGAIKPDVTASGFEIYSSSTYNNQYQTMSTGSMASPHVAGLMTMLQSHLAEKYK  
 GMLNDSKLLLELSKNILMSSATALYSEEDKAFYSPRQQGAGVVDKAEKAIQAQYYITGNDG  
 KAKINLKRMDGKFDITVTIHLKLVGKELYQANVATEQVNGKGFALKPQALLDTNWQKV  
 ILRDKETQVRFTIDASQFSQKLKEQMANGYFLEGFVRFEAKDSNQELMSIPFVGFNGDF  
 ANLQALETPRIYKTLKSGSFYKPNDDTHKDQLEYNESAPFESNNYTALLTQSASWGYVDY  
 VNKGGELELAPESPKRIILGTFFENKVEDKTIHLERDAANNPYFAISPNDGNRDEITPQ  
 ATFLRNVKDISAQVLDQNGNVIWQSKVLPSYRKNFHNPNKQSDGHYRMDALQWSGLDKDG  
 KVVADGFTYRRLRYTPVAEGANSQESDFKVQVSTKSPNLPSRAQFDETNRTLSLAMPKES  
 SYVPTYRLQLVLVSHVVKDEEYGDETS YHYFHIDQEGKVTLPKTVKIGESEVAVDPKALT  
 VVEDKAGNFATVKLSDLLNKAVVSEKENAIVISNSFKYFDNLKKEPMFISKKEKVVNKNL  
 EEIILVKPQTTVTTQSLSEIKTSKSGNEKVLSTNNNSSRVAKIISPKNHNGDSVNHTLPST  
 SDRATNGLFVGTLALLSSLLLYLKPKTKNNNSK

## SEQ ID NO. 4413

## STRAIN A909

EEQELKNQEQSPVIANVAQQPSPSVTTNTVEKTSVTSASASNTAKEMGDTSVKNDKTEDE  
 LLEELSKNLDTSNLGADLEEEYPSKPETTNKESNVVTNASTAIAQKVPAYEEVKPESK  
 SSLAVLDTSKITKLQAITQRGKGNVVAIIDTGF DINHDI FRLDSPKDDKHSFKTKAEFEE  
 LKAKHNITYGKWNVDKIVFAHNYANNTEVADIAAAMKDGYGSEAKNISHGTHVAGIFVG  
 NSKRPAINGLLLEGAAPNAQVLLMRIPDKIDSKDFGEAYAKAITDAVNLGAKTINMSLGK  
 TADSLIALNDKVKLALKLASEKGVAVVVAAGNEGAFGMDYSKPLSTNPDYGTVNSPAISE  
 DTLVSVASYESLKTISEVVETTIEGKLVKLPVTSKPFDKGKAYDVVYANYGAKKRL.R.G  
 L.R.DCIN.AWWWT.FYD.NHSCYKRCWCWYRYF.RSRKTWKFSNSLP.ITCGGY..SRW  
 RAYKKYFKSVNI.PEF.SS..PRWQSYAGTIKLGKRS.RSNQA.CNSFWL.NLFFNL..S  
 IPNNVWYKYGETTCCRINDNASKSFG.EI.RDEFRF.KIARIV.KHPHELSNSII..RG.  
 GVLFTTSARCRC.S.C.KSYPSILCYWKRWQS.N.SQTSGR.I.YHSYNS.TCRRQCRIV  
 LSS.CSNRTSK.R.ICP.TTSLARY.LAESNSS..RNTSSIIY.F.SI.SEIKRTDGKWL  
 FLRRFCTF.RSQG..SGVNEYSFCRI.W.FCELTST.NTDL.DAF.R.FLL.TK.YNS.R  
 FIGVQ.ISSF.KQOLYCLVNTISVLGLC.LCQKWWGVRISTGESKKNYFRNF.E.G.G.N  
 NSSFGKRCSE.SIFCHF.SK.RWK.G.NHSPGNFLKCC.GYFCSSSRKWKCYLAK.GFTI  
 LS.KFP..SKAK.WLSYGCPSVEWFR.GWQSCSRWFLYLSFTLHTSSRRSK.SGVRL.S  
 SSKY.VTKSSFTSSV..N.SNIKLSHA.GK.LCSYISSISFISCCR.RIWR.DFLPLF  
 PYRSRR.SDTS.NS.DRRE.GCSR.P.DLDTCCGR.SW.FRNGKIV.PLE.GSSIRERKRY  
 SNF.QFQIF..LEKRTYVYF.RRKSSKQESRRNSIS.AANYSYYSIIV.RNNSIRK.ESP  
 HFYKQ...QSS.DHIT.T.RGFC.PY

## SEQ ID NO. 4414

## STRAIN H36B

EEQELKNQEQSPVIANVAQQPSPSVTTNTVEKTSVTSASASNTAKEMGDTSVKNDKTEDE  
 LLEELSKNLDTSNLGADLEEEYPSKPETTNKESNVVTNASTAIAQKVPAYEEVKPESK

## SEQUENCE LISTING

SSLAVLDTSKITKLQAITQRGKGNVVAIIDTGFDINHDI FRLDSPKDDKHSFKTKAEFEE  
 LKAKHNITYGKWVNDKIVFAHNYANNTETVADIAAAMKDGYGSEAKNISHGTHVAGIFVG  
 NSKRPAINGLLLEGAAPNAQVLLMRIPDKIDSDKFGEAYAKAITDAVNLGAKTINMSLGK  
 TADSLIALNDKVKLALKLASEKGVAVVVAAGNEGAFGMDYSKPLSTNPDYGTVNSPAISE  
 DTLSVASYESLKTISEVVETTIEGKLVKLPIVTSKPFDKGKAYDVVYANYGAKKDFEGKD  
 FKGTALIERGGGLDFMTKITHATNAGVVGIVIFNDQEKGRGNFLIPYRELPGVVISKVDG  
 ERIKNTSSQLTFNQSFVVDSQGGNRMLEQSSWGVTAEAGAIKPDVTASGFEIYSSYNNQ  
 YQTMSTGSMASPHVAGLMTMLQSHLAEKYKGMNLD SKKLELSKNILMSSATALYSEEDK  
 AFYSPRQOGAGVVDAAEKAIQAQYYVTGNDGKAKINLKRVDGKFDITVTIHKLVEGVKELY  
 YQANVATEQVNKGKFKALKPQALLDTNWQKVILRDKETQVRFTIDSSQFSQKLKEQMANGY  
 FLEGFVRFKEAKDSNQELMSIPFVGFGNGDFANLQALETPYIKTLSKGSFYYPNDTTHKD  
 QLEYNESAPFESNNYTALLTQASASWGYVDYVKNNGGELELAPESPKRIILGTFFENKVEDKT  
 IHLLERDAANNPYFAISPNKDGNRDEITPQATFLRNVKDISAQVLDQNGNVIWQSKVLPS  
 YRKNFHNPNKQSDGHYRMDALQWSGLDKDGKVADGFTYRRLRYTPVAEGANSQESDFKV  
 QVSTKSPNLPSPRAQFDETNRTL SLAMPKESYVPTYRLQLVLSHVVKDEEYGDETS YHYF  
 HIDQEGKVTLPKTVKIGESEVAVDPKTLTLVVEDKAGNFATVKLSDLLNKAVVSEKENAI  
 VISNNFKYFDNLKKEPMFISKEGKVVNKNLEEIALVKPQTTVTTQSLSKETITQSGNEKVL  
 TSTNNNSSRVAKIISPKHNGDSVNHT

## SEQ ID NO. 4415

## STRAIN 18RS21

EEQELKNQEQSPVIANVAQQPSPSVTTNTVEKTSVTAASASNTAKEMGDTSVKNDKTEDE  
 LLEELSKNLDTSNLGADLEEEYPSKPETTNKESNVVTNASTAIAQKVP SAYEEVKPESK  
 SSLAVLDTSKITKLQAITQRGKGNVVAIIDTGFDINHDI FRLDSPKDDKHSFKTKTEFEE  
 LKAKHNITYGKWVNDKIVFAHNYANNTETVADIAAAMKDGYGSEAKNISHGTHVAGIFVG  
 NSKRPAINGLLLEGAAPNAQVLLMRIPDKIDSDKFGEAYAKAITDAVNLGAKTINMSIGK  
 TADSLIALNDKVKLALKLASEKGVAVVVAAGNEGAFGMDYSKPLSTNPDYGTVNSPAISE  
 DTLSVASYESLKTISEVVETTIEGKLVKLPIVTSKPFDKGKAYDVVYANYGAKKDFEGKD  
 FKGTALIERGGGLDFMTKITHATNAGVVGIVIFNDQEKGRGNFLIPYRELPGVVISKVDG  
 ERIKNTSSQLTFNQSFVVDSQGGNRMLEQSSWGVTAEAGAIKPDVTASGFEIYSSYNNQ  
 YQTMSTGSMASPHVAGLMTMLQSHLAEKYKGMNLD SKKLELSKNILMSSATALYSEEDK  
 AFYSPRQOGAGVVDAAEKAIQAQYYITGNDGKAKINLKRMDGKFDITVTIHKLVEGVKELY  
 YQANVATEQVNKGKFKALKPQALLDTNWQKVILRDKETQVRFTIDASQFSQKLKEQMANGY  
 FLEGFVRFKEAKDSNQELMSIPFVGFGNGDFANLQALETPYIKTISKGSFYYPNDTTHKD  
 QLEYNESAPFESNNYTALLTQASASWGYVDYVKNNGGELELAPESPKRIILGTFFENKVEDKT  
 IHLLERDAANNPYFAISPNKDGNRDEITPQATFLRNVKDISAQVLDQNGNVIWQSKVLPS  
 YRKNFHNPNKQSDGHYRMDALQWSGLDKDGKVADGFTYRRLRYTPVAEGANSQESDFKV  
 QVSTKSPNLPSPRAQFDETNRTL SLAMPKESYVPTYRLQLVLSHVVKDEEYGDETS YHYF  
 HIDQEGKVTLPKTVKIGESEVAVDPKALT LVVEDKAGNFATVKLSDLLNKAVVSEKENAI  
 VISNSFKYFDNLKKEPMFISKEKVVNKNLEEIILVKPQTTVTTQSLSKETITKSGNEKVL  
 TSTNNNSSRVAKIISPKHNGDSVNHT

## SEQ ID NO. 4416

## STRAIN M732

EEQELKNQEQSPVIANVAQQPSPSVTTNIVEKTSVTAASASNTVKEMGDTSVKNDKTEDE  
 LLEELSKNLDTSNLGADLEEEYPSKPETTNKESNVVTNASTAIAQKVP SAYEEVKSESK  
 SSLAVLDTSKITKLQAITQRGKGNVVAIIDTGFDINHDI FRLDSPKDDKHSFKTKAEFEE  
 LKAKHNITYGKWVNDKIVFAHNYANNTETVADIAAAMKDGYGSEAKNISHGTHVAGIFVG  
 NSKRPAINGLLLEGAAPNAQVLLMRIPDKIDSDKFGEAYAKAITDAVNLGAKTINMSLGK  
 TADSLIALNDKVKLALKLASEKGVAVVVAAGNEGAFGMDYSKPLSTNPDYGTVNSPAISE  
 DTLSVASYESLKTISEVVETTIEGKLVKLPIVTSKPFDKGKAYDVVYANYGAKKILKVRT  
 LKVRLL. LSVVVDLIL. LKSLMLQMQVLLVSLFTIKKNVEIF. FLTVNYLWGLLVK. MA  
 SV. KILQVS. HLTRVLK. LIAKVAIVCWNNOVGA. QLKEQSSLM. QLLALKFILQPIIIN  
 TKQCLVQVWLHMLQD. .QCQFVIWLRNIKG. I. ILKNC. NCLKTSS. AQQQHYIVKRIR  
 RFIHHVSKVQV. LMLKKLSKLNIMLLETMAKLLISNEREINLISQLQFINL. KVSKNCI  
 IKLM. QQNK. IKVNLPLNHKPC. ILIGRK. FFVIKKHKFDLLLMLVNLVRN. KNRWQMI  
 S. KVLVVLKPRIVIRS. .VHLL. DLMVILRTYKHLKHFIRFLKVVSTINQMIQLIK  
 NSTMTNQLLKKATTILPC. HNQRGAMLIMSKMVG. N. HRRVQKELF. ELLRIRLRIRIQ  
 FIFWKEMQRIIHLPLFLQIKMEIGTKSLPRQLS. EMLRIFLLKF. IKMEMLFGKVRFYHL  
 IVKISIIIIQSKVMVIVVWMLFSGVV. IRMAKL. QMVFIILAYVTHQ. QKEQIVRSQTLKF  
 K. VLSHQIFLHLSLMKLEH. A. PCLRKVVMFLHIVYN. FYIML. KMKNMGMRLLTIIIS  
 I. IKKVK. HFLKRLR. ERVRLR. TLRP. HLLWKIKLVILQR. NCLTS. IRQ. YQRKKTLL.  
 .FLTVSNILIT. RKNLCLFLKKEK. .TRI. KK. H. LSLKLQLLLNHCLKK. LNQEMRKSS  
 LLQTIIVAE. LRSYHLNITGILLTI

## SEQUENCE LISTING

## SEQ ID NO. 4417

## STRAIN COH1

EEQELKNQEQSPVIANVAQQPSPSVTTNIVEKTSVTAASASNTVKEMGDTSVKNDKTEDE  
 LLEELSKNLDTSNLGADLEEEYPSKPETTNNKESNVVTNASTAIAQKVPSAYEEVKSESK  
 SSLAVLDTSKITKLQATTQRGKGNVVAIIDTGFDINHDI FRLDSPKDDKHSFKTKAEFEE  
 LKAKHNITYGKWVNDKIVFAHNYANNTETVADIAAAMKDGYGSEAKNILHGTHVAGIFVG  
 NSKRPAINSLLLEGAAPNAQVLLMRIPDKIDSDKFGEAYAKAIDAVNLGAKTINMSLGK  
 TADSLIALNDKVKLALKLASEKGVAVVVAAGNEGAFGMDYSKPLSTNPDYGTVNSPAISE  
 DTLVASYESLKTISEVVETTIEGKLVKLPVTSKPFDDKGKAYDVVYANYGAKKILKVRT  
 LKVRLLH.LSVVVDLIL.LKSLMLQMQVLLVSLFLTICKNVEIF.FLTVNYLWGLLVK.MA  
 SV.KILQVS.HLTRVLK.LIAKVAIVCWNNOVGA.QLKEQSSLM.QLLALKFILQPIIIN  
 TKQCLVQVWLHMLQD..QCFKVIWLRNIGK.I.ILKNC.NCLKTSS.AQQQHYIVKRIR  
 RFIHHVSKVQV.LMLKKLSKLNIMLETMAKLLISNEREINLISQLQFINL.KVSKNCI  
 IKLM.QQNK.IKVNLPNHNKPC.ILIGRK.FFVIKHKHFDLLMLVNLVRN.KNRWQPMVI  
 S.KVLYVLKKPRIVIRS..VFLL.DLMVILRTYKHLKHRFIRFLKVVSTINQMIQLIKT  
 NWSTMNQLLLKATTILPC.HNQRGAMLIMSKMVG.S.N.HRRVQKELF.ELLRIRLRIKQ  
 FIFWKEMQRIIHLIPFLQIKMEIGTKSLPRQLS.EMLRIFLLKF.IKMEMLFGKVRFYHL  
 IVKISIIIQSKVMVIIVWMLFSGVV.IRMAKL.QMVFIILAYVTHQ.QKEQIVRSQTLKF  
 K.VLSHQIFLHLSLMKLIH.A.PCLRKVMFLHIVYN.FYMLM.KMKNMGMRLLTIIS  
 I.IKKVK.HFLKRLR.ERVRLR.TLRP.HLLWKIKLVILQR.NCLTS.IRQ.YORKKTL.  
 .FLTVSNILIT.RKNLCLFLKKEK..TRI.KK.H.LSLKLQLLLNHCLKK.LNQEMRKSS  
 LLQTIIVAE.LRSYHLNITGILLTI

## SEQ ID NO. 4418

## STRAIN M781

EEQELKNQEQSPVIANVAQQPSPSVTTNIVEKTSVTAASASNTVKEMGDTSVKNDKTEDE  
 LLEELSKNLDTSNLGADLEEEYPSKPETTNNKESNVVTNASTAIAQKVPSAYEEVKSESK  
 SSLAVLDTSKITKLQATTQRGKGNVVAIIDTGFDINHDI FRLDSPKDDKHSFKTKAEFEE  
 LKAKHNITYGKWVNDKIVFAHNYANNTETVADIAAAMKDGYGSEAKNILHGTHVAGIFVG  
 NSKRPAINSLLLEGAAPNAQVLLMRIPDKIDSDKFGEAYAKAIDAVNLGAKTINMSLGK  
 TADSLIALNDKVKLALKLASEKGVAVVVAAGNEGAFGMDYSKPLSTNPDYGTVNSPAISE  
 DTLVASYESLKTISEVVETTIEGKLVKLPVTSKPFDDKGKAYDVVYANYGAKKILKVRT  
 LKVRLLH.LSVVVDLIL.LKSLMLQMQVLLVSLFLTICKNVEIF.FLTVNYLWGLLVK.MA  
 SV.KILQVS.HLTRVLK.LIAKVAIVCWNNOVGA.QLKEQSSLM.QLLALKFILQPIIIN  
 TKQCLVQVWLHMLQD..QCFKVIWLRNIGK.I.ILKNC.NCLKTSS.AQQQHYIVKRIR  
 RFIHHVSKVQV.LMLKKLSKLNIMLETMAKLLISNEREINLISQLQFINL.KVSKNCI  
 IKLM.QQNK.IKVNLPNHNKPC.ILIGRK.FFVIKHKHFDLLMLVNLVRN.KNRWQPMVI  
 S.KVLYVLKKPRIVIRS..VFLL.DLMVILRTYKHLKHRFIRFLKVVSTINQMIQLIKT  
 NWSTMNQLLLKATTILPC.HNQRGAMLIMSKMVG.S.N.HRRVQKELF.ELLRIRLRIKQ  
 FIFWKEMQRIIHLIPFLQIKMEIGTKSLPRQLS.EMLRIFLLKF.IKMEMLFGKVRFYHL  
 IVKISIIIQSKVMVIIVWMLFSGVV.IRMAKL.QMVFIILAYVTHQ.QKEQIVRSQTLKF  
 K.VLSHQIFLHLSLMKLIH.A.PCLRKVMFLHIVYN.FYMLM.KMKNMGMRLLTIIS  
 I.IKKVK.HFLKRLR.ERVRLR.TLRP.HLLWKIKLVILQR.NCLTS.IRQ.YORKKTL.  
 .FLTVSNILIT.RKNLCLFLKKEK..TRI.KK.H.LSLKLQLLLNHCLKK.LNQEMRKSS  
 LLQTIIVAE.LRSYHLNITGILLTI

## SEQ ID NO. 4419

## STRAIN JM9130013

EEQELKNQEQSPVIANVAQQPSPSVTTNIVEKTSVTAASASNTAKEMGDTSVKNDKTEDE  
 LLEELSKNLDTSNLGADLEEEYPSKPETTNNKESNVVTNASTAIAQKVPSAYEEVKPESK  
 SSLAVLDTSKITKLQATTQRGKGNVVAIIDTGFDINHDI FRLDSPKDDKHSFKTKTEFEE  
 LKAKHNITYGKWVNDKIVFAHNYANNTETVADIAAAMKDGYGSEAKNISHGTHVAGIFVG  
 NSKRPAINGLLLEGAAPNAQVLLMRIPDKIDSDKFGEAYAKAIDAVNLGAKTINMSIGK  
 TADSLIALNDKVKLALKLASEKGVAVVVAAGNEGAFGMDYSKPLSTNPDYGTVNSPAISE  
 DTLVASYESLKTISEVVETTIEGKLVKLPVTSKPFDDKGKAYDVVYANYGAKKDFEGKD  
 FKGKIALIERGGGLDFMTKITHATNAGVVGIVIFNDQEKRGNFILIPYRELPGVIGISKVDG  
 ERIKNTSSQLTFNQSFVVDSDQGGNRMLEQSSWGVTAEGAIPDVTASGFEIYSSTYNNQ  
 YQTMSTGSMASPHVAGLMTLQSHLAKEYKGMNLDSSKLELSKNILMSSATALYSEEDK  
 AFYSPRQAGVVDAAEKAIQAQYYITGNDGKAKINLKRMGDKFDITVTIHKLVEGVKELY  
 YQANVATEQVNGKGFALKQALLDNTWQKVILRDKETQVRFETIDASQFSQKLKEQMANGY  
 FLEGFVRFEAKDSNQELMSIPFVGFGDFANLQALETPYKTLKSGSFYKPNDDTHKD  
 QLEYNESAPFESNNYTALLTQSASWGVDYVKNNGGELELAPESPKRIILGTFFENKVEDKT  
 IHLERDAANNPYFAISPKNKDGNRDEITPOATFLRNVKDISAQVLDQNGNVIWQSKVLPS

## SEQUENCE LISTING

YRKNFHNPKQSDGHYRMDALQWGLDGDGKVVADGFFTYRLRYTPVAEGANSQESDFKV  
QVSTKSPNLPSRAQFDETNRTLSPAMPKESYVPTYRLQLVLSHVVKDEEYGDDETSYHYF  
HIDQEGKVTLPKTVKIGESEVAVDPAKALTLVVEDKAGNFATVKLSDLLNKAVVSEKENAI  
VISNSFKYFDNLKKEPMFISKEKGVNKNLEEIIIVKQPQTTVTQSLSKETKSGNEKVL  
TSTNNSSRVAKIISPKHNGDSVNHT

## SEQ ID NO. 4420

## STRAIN 090

EEQELKNQEQSPVIANVAQQPSVTTNIVEKTSVTAASASNTVKEMGDTSVKNDKTEDE  
LLEELSKNLDTSNLGADLEEEYPSKPETTNNKESNVVTNASTAIAQKVPSAYEEVKPESK  
SSLAVFDTSKITKLQAITQRGKGNVVAIIDTGFDINHDI FRLDSPKDDKHSFKTKAEFEE  
LKAKHNITYGKWVNDKIVFAHNYANNTETVADIAAAMKDGYGSEAKNISHGTHVAGIFVG  
NSKRPAINGLLLEGAAPNAQVLLMRI PDKIDSDKFGAYAKAITDAVNLGAKTINMSLGK  
TADSLIALNDKVKLALKLASEKGVAVVVAAGNEGAFGMDYSKPLSTNPDYGTVNSPAISE  
DTLSVASYESLKTISEVVETTIEGKLVKLPVTSKPFDKGKAYDVVYANYGAKKDFEGKD  
FKGKIALIERGGGLDFMTKITHATNAGVVGIVIFNDQEKRGNFILPYRELPGVVISKVDG  
ERIKNTSSQLTFNQSEFVVDSSQGGNRMLEQSSWGVTAEAGAIKPDVTASGFEIYSSTYNNQ  
YQTMSTGSMASPHVAGLMTMLQSHLAKEYKGMNLD SKKLLLELSKNILMSSATALYSEEDK  
AFYSPRQGGAGVDAEKAIQAQYYVTGNDGKAKINLKRVDGKDFDITVTIHKLVEGVKELY  
YQANVATEQVNGKGFALKPQALLDTNWQKVILRDKETQVRFTIDASQFSQKLKEQMANGY  
FLEGFVRFEAKDSNQELMSIPFVGFGNGDFANLQALETPYKTLKSGSFYKPNDTTHKD  
QLEYNESAPFESNNYTALLTQSASWGVDYVKNNGGELELAPESPKRIILGT FENKVEDKT  
IHLLERDAANNPYFAISPNKDGNDREITPQATFLRNVDISAQVLDQNGNVIWQSKVLPS  
YRKNFHNPKQSDGHYRMDAFQWGLDGDGKVVADGFFTYRLRYTPVAEGANSQESDFKV  
QVSTKSPNLPLLAQFDETNRTLSPAMPKESYVPTYRLQLVLSHVVKDEEYGDDETSYHYF  
HIDQEGKVTLPKTVKIGESEVAVDPAKALTLVVEDKAGNFATVKLSDLLNKAVVSEKENAI  
VISNSFKYFDNLKKEPMFISKEKGVNKNLEEIIIVKQPQTTVTQSLSKETKSGNEKVL  
TSTNNSSRVAKIISPKHNGDSVNHT

## SEQ ID NO. 4421

## STRAIN CJB110

EEQELKNQEQSPVIANVAQQPSVTTNIVEKTSVTAASASNTAKEMGDTSVKNDKTEDE  
LLEELSKNLDTSNLGADLEEEYPSKPETTNNKESNVVTNASTAIAQKVPSAYEEVKPESK  
SSLAVFDTSKITKLQAITQRGKGNVVAIIDTGFDINHDI FRLDSPKDDKHSFKTKAEFEE  
LKAKHNITYGKWVNDKIVFAHNYANNTETVADIAAAMKDGYGSEAKNISHGTHVAGIFVG  
NSKRPAINGLLLEGAAPNAQVLLMRI PDKIDSDKFGAYAKAITDAVNLGAKTINMSLGK  
TADSLIALNDKVKLALKLASEKGVAVVVAAGNEGAFGMDYSKPLSTNPDYGTVNSPAISE  
DTLSVASYESLKTISEVVETTIEGKLVKLPVTSKPFDKGKAYDVVYANYGAKKDFEGKD  
FKGKIALIERGGGLDFMTKITHATNAGVVGIVIFNDQEKRGNFILPYRELPGVVISKVDG  
ERIKNTSSQLTFNQSEFVVDSSQGGNRMLEQSSWGVTAEAGAIKPDVTASGFEIYSSTYNNQ  
YQTMSTGSMASPHVAGLMTMLQSHLAKEYKGMNLD SKKLLLELSKNILMSSATALYSEEDK  
AFYSPRQGGAGVDAEKAIQAQYYVTGNDGKAKINLKRVDGKDFDITVTIHKLVEGVKELY  
YQANVATEQVNGKGFALKPQALLDTNWQKVILRDKETQVRFTIDASQFSQKLKEQMANGY  
FLEGFVRFEAKDSNQELMSIPFVGFGNGDFANLQALETPYKTLKSGSFYKPNDTTHKD  
QLEYNESAPFESNNYTALLTQSASWGVDYVKNNGGELELAPESPKRIILGT FENKVEDKT  
IHLLERDAANNPYFAISPNKDGNDREITPQATFLRNVDISAQVLDQNGNVIWQSKVLPS  
YRKNFHNPKQSDGHYRMDAFQWGLDGDGKVVADGFFTYRLRYTPVAEGANSQESDFKV  
QVSTKSPNLPLLAQFDETNRTLSPAMPKESYVPTYRLQLVLSHVVKDEEYGDDETSYHYF  
HIDQEGKVTLPKTVKIGESEVAVDPAKALTLVVEDKAGNFATVKLSDLLNKAVVSEKENAI  
VISNSFKYFDNLKKEPMFISKEKGVNKNLEEIIIVKQPQTTVTQSLSKETKSGNEKVL  
TSTNNSSRVAKIISPKHNGDSVNHT

## SEQ ID NO. 4422

## STRAIN 1169NT

EEQELKNQEQSPVIANVAQQPSVTTNIVEKTSVTAASASNTAKEMGDTSVKNDKTEDE  
LLEELSKNLDTSNMGADLEEEYPSKPETTNNKESNVVTNASTAIAQKVPSAYEEVKPKSK  
SSLAVLDTSKITKLQAITQRGKGNVVAIIDTGFDINHDI FRLDSPKDDKHSFKTKAEFEE  
LKAKHNITYGKWVNDKIVFAHNYANNTETVADIAAAMKDGYGSEAKNISHGTHVAGIFVG  
NSKRPAINGLLLEGAAPNAQVLLMRI PDKIDSDKFGAYAKAITDAVNLGAKTINMSIGK  
TADSLIALNDKVKLALKLASEKGVAVVVAAGNEGAFGMDYSKPLSTNPDYGTVNSPAISE  
DTLSVASYESLKTISEVVETTIEGKLVKLPVTSKPFDKGKAYDVVYANYGAKKDFEGKD  
FKGKIALIERGGGLDFMTKITHATNAGVVGIVIFNDQEKRGNFILPYRELPGVVISKVDG  
ERIKNTSSQLTFNQRFVVDSSQGGNRMLEQSSWGVTAEAGAIKPDVTASGFEIYSSTYNNQ  
YQTMSTGSMASPHVAGLMTMLQSHLAKEYKGMNLD SKKLLLELSKNILMSSATALYSEEDK

## SEQUENCE LISTING

AFYSPRQQGAGVDAEKAIQAQYVVTGNDGKAKINLKRVDKFDITVTIHKLVEGVKELY  
 YQANVATEQVNKGKFKALKPQALLDTNWQKVILRDKETQVRFTIDASQFSOKLKEQMANGY  
 FLEGFVRFKEAKDSNQELMSIPFVGNGDFASLQALETPYKTLKSGSFYKPNDTTHKD  
 QLEYNESAPFESNNYTALLTQSASWGYVDYVKNGGELELAPESPKRIILGTFENKVEDKT  
 IHLLERDAANNPYFAISPNKDGNRDEITPQATFLRNVKDISAQVLDQNGNVIWQSKVLPS  
 YRKNFHNPKQSDGHYRMDALQWSGLDKDGKVVADGFYTYRLRYTPVAEGANSQESDFKV  
 QVSTKSPNLPSPAQFDETNRTLSLAMPKGSSYPYIYRLQLVLSHVVKDEEYDETSYYF  
 HIDQEGKATLPKTVKIGESEVAVDPKALTLVVEDKAGNFATVKLSDLLNKAVVSEKENAI  
 VISNSFKYFDNLKKEPMFISKKEKVVNKNLEEIIILVKPHTTVTTQSLSKETKSGNEKVL  
 TSTNNSSRVAKIISPKNHGDVSNHT

## SEQ ID NO. 4501

## STRAIN 2603

ATGAAAAAGATTAGAAAAAGTTTAGGACTTCTACTATGTTGCTTTTATAGGATTGGTACAA  
 TTAGCGTTTTCCTCGGTAGCCAGTGTAATGCTGATACCCCTAATCAACTAACAATCACA  
 CAGATAGGACTTTCAGCCAAATACTACAGAGGAGGGGATTTCTTATCGTTTATGGACTGTG  
 ACTGACAACTTAAAAGTTGATTTATTGAGCCAAATGACAGATAGCGAATTGAACCAGAAG  
 TATAAGAGTATCTTGACTTCTCCTACTGATACTAATGGTCAGACAAAGATAGCACTCCCA  
 AATGGTTTCGTACTTTGGTCGTGCTTATAAAGCTGATCAAAGCGTTTCAACAATAGTACCT  
 TTTTATATTGAATTACAGATGATAAGTTATCAAATCAATTACAGATAAATCCTAAGCGA  
 AAAGTTGAAACAGGCCGATTAAAACCTTATTAATATACAAAAGAAGGAAAGATAAAGAAA  
 AGGCTATCCGGAGTAATATTTGTATTATACGATAACCAGAATCAGCCAGTTTCGCTTTAA  
 AATGGACGATTTACGACCGATCAAGATGGGATTACTTCATTAGTAAGTATGATAAGGGA  
 GAAATTGAGGTTGAAGGTTTATTACCTGGTAAGTATATTTTCGAGAAGCAAAAGCACTA  
 ACTGGTTACCGTATATCTATGAAGGATGCTGTAGTTGCTGTAGTTGCTAATAAAACACAG  
 GAAGTAGAGGTAGAAAACGAAAAGAACTCCTCCACCAACAAATCCTAAACCATCACAA  
 CCGCTTTTCCACAATCATTTCTTCTAAACAGGAATGATTATTGGTGGAGGACTGACA  
 ATTCTTGGTTGTATTATTTTGGGAATTTTGTATTCTTTTAAAGAAAACCTAAATAGC  
 AAATCTGAAAGAAACGATACAGTA

## SEQ ID NO. 4502

## STRAIN 090

GATACCCCTAATCAACTAACAATCACAC  
 AGATAGGACTTCAGCCAAATACTACAGAGGAGGGGATTTCTTATCGTTTA  
 TGGACTGTGACTGACAACTTAAAAGTTGATTTATTGAGCCAAATGACAGA  
 TAGCGAATTGAACCAGAAGTATAAGAGTATCTTGACTTCTCCTACTGATA  
 CTAATGGTCAGACAAAGATAGCACTCCCAAATGGTTTCGTACTTTGGTCGT  
 GCTTATAAAGCTGATCAAAGCGTTTCAACAATAGTACCTTTTATATTGA  
 ATTACCAGATGATAAGTTATCAAATCAATTACAGATAAATCCTAAGCGAA  
 AAGTTGAAACAGGCCGATTAAAACCTTATTAATATACAAAAGAAGGAAAG  
 ATAAAGAAAAGGCTATCAGGAGTAATATTTGTATTATACGATAACCAGAA  
 TCAGCCAGTTTCGCTTTAAAAATGGACGATTACGACCGATCAAGATGGGA  
 TTACTTCATTAGTAAGTTATGATAAGGGAGAAATTGAGGTTGAAGTTTA  
 TTACCTGGTAAGTATATTTTCGAGAAGCAAAAGCACTAACTGGTTACCG  
 TATATCTATGAAGGATGCTGTAGTTGCTGTAGTTGCTAATAAAACACAGG  
 AAGTaGAGGTaGAAAACGAAAAGAACTCCTCCACCAACAAATCCTAAA  
 CCATCACACCG

## SEQ ID NO. 4503

## STRAIN H36B

GATACCCCTAATCAACTAACAATCACACAGA  
 TAGGACTTCAGCCAAATACTACAGAGGAGGGGATTTCTTATCGTTTATGG  
 ACTGTGACTGACAACTTAAAAGTTGATTTATTGAGCCAAATGACAGATAG  
 CGAATTGAACCAGAAGTATAAGAGTATCTTGACTTCTCCTACTGATACTA  
 ATGGTCAGACAAAGATAGCACTCCCAAATGGTTTCGTACTTTGGTCGTGCT  
 TATAAAGCTGATCAAAGCGTTTCAACAATAGTACCTTTTATATTGAATT  
 ACCAGATGATAAGTTATCAAATCAATTACAGATAAATCCTAAGCGAAAAG  
 TTGAAACAGGCCGATTAAAACCTTATTAATATACAAAAGAAGGAAAGATA  
 AAGAAAAGGCTWTCCGGAGTAATATTTGTATTATACGATAACCAGAATCA  
 GCCAGTTTCGCTTTAAAAATGGACGATTACGACCGATCAAGATGGGATTA  
 CTTCAATTAGTAAGTTATGATAAGGGAGAAATTGAGGTTGAAGGTTTATTA  
 CCTGGTAAGTATATTTTCGAGAAGCAAAAGCACTAACTGGTTACCGTAT  
 ATCTATGAAGGATGCTGTAGTTGCTGTAGTTGCTAATAAAACACAGGAAG  
 TAGAGGTAGAAAACGAAAAGAACTCCTCCACCAACAAATCCTAAACCA

## SEQUENCE LISTING

TCACAACCGC

SEQ ID NO. 4504

STRAIN 18RS21

GATACCCCTAATCAACTAACAATCACACAG  
 ATAGGACTTCAGCCAAATACTACAGAGGAGGGGATTTCTTATCGTTTATG  
 GACTGTGACTGACAACTTAAAAGTTGATTTATTGAGCCAAATGACAGATA  
 GCGAATTGAACCAGAAGTATAAGAGTATCTTGACTTCTCCTACTGATACT  
 AATGGtCAGACAAAGATAGCACTCCCAAATGGTTCGTACTTTGGTCGTGC  
 TTATAAAGCTGATCAAAGCGTTTCAACAATAGTACCTTTTTATATTGAAT  
 TACCAGATGATAAGTTATCAAATCAATTACAGATAAATCCTAAGCGAAAA  
 GTTGAAACAGGCCGATTAAAACTTATTAATATACAAAAGAAGGAAAGAT  
 AAAGAAAAGGCTATCCGGAGTAATATTTGTATTATACGATAACCAGAATC  
 AGCCAGTTCGCTTTAAAAATGGACGATTTACGACCGATCAAGATGGGATT  
 ACTTCATTAGTAAGTATGATAAGGGAGAAATTGAGGTTGAAGGTTTATT  
 ACCTGGTAAGTATATTTTCGAGAAGCAAAAGCACTAACTGGTTACCGTA  
 TATCTATGAAGGATGCTGTAGTTGCTGTAGTTGCTAATAAAACACAGGAA  
 GTAGAGGTAGAAAACGAAAAGAACTCCTCCACCAACAAATCCTAAACC  
 ATCACAACC

SEQ ID NO. 4505

STRAIN CJB110

GATACCCCTAATCAACTAACAATCACACA  
 GATAGGACTTCAGCCAAATACTACAGAGGAGGGGATTTCTTATCGTTTAT  
 GGaCTGTGACTGACAACTTAAAAGTTGATTTATTGAGCCAAATGACAGAT  
 AGCGAATTgaACCGAGAAGTATAAGAGTATCTTGACTTCTCctACTGATAc  
 TAATGGTCAGACAAAGATAGCACTCCCAAATGGTTCGTACTTTGGTCGTG  
 CTTATAAAGCTGATCAAAGCGTTTCAACAATAGTACCTTTTTATATTGAA  
 TTACCAGATGATAAGTTATCAAATCAATTACAGAtAAATCCTAAGCGAAA  
 AGTTGAAACAGGCCGATTaaAACTTATTAATATACAAAAGAAGGAAAGA  
 TAAAGAAAAGGCTaTCAGGAGTAATATTTGTATTATACGATAACCAGAAT  
 CAGCCAGTTCGCTTTAAAAATGGACGATTTACGACCGATCAAGATGGGAT  
 TACTTCATTAGTAAGTATGATAAGGGAGAAATTGAGGTTGAAGGTTTAT  
 TACCTGGTAAGTATATTTTCGAGAAGCAAAAGCACTAACTGGTTaCCGT  
 ATATCTATGAAGGATGCTGTAGTTGCTGTAGTTGCTAATAAAACACAGGA  
 AGTAGAGGTAGAAAACGAAAAGAACTCCTCCACCAACAAATCCTAAAC  
 CATCACAACC

SEQ ID NO. 4506

STRAIN 1169NT

GATACCCCTAATCAACTAACAATCACACAG  
 ATAGGACTTCAGCCAAATACTACAGAGGAGGGGATTTCTTATCGTTTATG  
 GACTGTGACTGACAACTTAAAAGTTGATTTATTGAGCCAAATGACAGATA  
 GCGAATTGAACCAGAAGTATAAGAGTATCTTGACTTCTCCTACTGATACT  
 AATGGtCagaCAAAAGATAGCACTCCCAAATGGTTCGTACTTTGGTCGTGC  
 TTATAAAGCTGATCAAAGCGTTTCAACAATAGTACCTTTTTATATTGAAT  
 TACCAGATGATAAGTTATCAAATCAATTACAGATAAATCCTAAGCGAAAA  
 GTTGAAACAGGCCGATTAAAACTTATTAATATACAAAAGAAGGAAAGAT  
 AAAGAAAAGGCTATCAGGAGTAATATTTGTATTATACGATAACCAGAATC  
 AGCCAGTTCGCTTTAAAAATGGACGATTTACGACCGATCAAGATGGGATT  
 ACTTCATTAGTAAGTgaTGATAAGGGAGAAATTGAGGTTGAAGGTTTATT  
 ACCTGGTAAGTATATTTTCGAGAAGCAAAAGCACTAACTGGTTACCGTA  
 TATCTATGAAGGATGCTGTAGTTGCTGTAGTTGCTAATAAAACACAGGAA  
 GTAGAGGTAGAAAACGAAAAGAACTCCTCCACCAACAAATCCTAAACC  
 ATCACAACC

SEQ ID NO. 4507

STRAIN 2603

MKKIRKSLGILLCCFLGLVQLAFFSVASVNADTPNQLTITQIGLQPNNTTEEGISYRLWTV  
 TDNLKVDLLSQMTDSELNQKYKSILTSPTDTNGQTKIALPNSYFGRAYKADQSVSTIVP  
 FYIELPDDKLSNLQINPKRKVETGRLLIKYTKGKIKRLSGVIFVLYDNQNPVREFK  
 NGRFTTDQDGITSLVTDKGEIEVEGLLPKGYIFREKALTGYRISMKDVAVVAVVANKTQ  
 EVEVEKEKETPPPTNPKPSQPLFPQSFLPKTGMIIGGGLTILGCIILGILFIFLRKTKNS  
 KSERNDTV

## SEQUENCE LISTING

## SEQ ID NO. 4508

## STRAIN 090

DTPNQLTITQIGLQPNNTTEEGISYRLWTVTDNLKVDLLSQMTDSELNQKYKSILTSPTDT  
 NGQTKIALPNNGSYFGRAYKADQSVSTIVPFYIELPDDKLSNQLQINPKRKVETGRLKLIK  
 YTKEGKIKKRLSGVIFVLYDNQNPVRFKNGRFTTDDQGITS�VTDKGEIEVEGLLPKG  
 YIFREAKALTGYRISMKDAVVAVVANKTQEVEVENEKETPPPTNPKPSQP

## SEQ ID NO. 4509

## STRAIN H36B

DTPNQLTITQIGLQPNNTTEEGISYRLWTVTDNLKVDLLSQMTDSELNQKYKSILTSPTDT  
 NGQTKIALPNNGSYFGRAYKADQSVSTIVPFYIELPDDKLSNQLQINPKRKVETGRLKLIK  
 YTKEGKIKKRLSGVIFVLYDNQNPVRFKNGRFTTDDQGITS�VTDKGEIEVEGLLPKG  
 YIFREAKALTGYRISMKDAVVAVVANKTQEVEVENEKETPPPTNPKPSQP

## SEQ ID NO. 4510

## STRAIN 18RS21

DTPNQLTITQIGLQPNNTTEEGISYRLWTVTDNLKVDLLSQMTDSELNQKYKSILTSPTDT  
 NGQTKIALPNNGSYFGRAYKADQSVSTIVPFYIELPDDKLSNQLQINPKRKVETGRLKLIK  
 YTKEGKIKKRLSGVIFVLYDNQNPVRFKNGRFTTDDQGITS�VTDKGEIEVEGLLPKG  
 YIFREAKALTGYRISMKDAVVAVVANKTQEVEVENEKETPPPTNPKPSQ

## SEQ ID NO. 4511

## STRAIN 1169NT

DTPNQLTITQIGLQPNNTTEEGISYRLWTVTDNLKVDLLSQMTDSELNQKYKSILTSPTDT  
 NGQTKIALPNNGSYFGRAYKADQSVSTIVPFYIELPDDKLSNQLQINPKRKVETGRLKLIK  
 YTKEGKIKKRLSGVIFVLYDNQNPVRFKNGRFTTDDQGITS�VTDKGEIEVEGLLPKG  
 YIFREAKALTGYRISMKDAVVAVVANKTQEVEVENEKETPPPTNPKPSQ

## SEQ ID NO. 4601

## STRAIN A909

TGACAAATATTATTTTACCCAACGTGGTTTAGAGCAAGCAGGTGTAACATATTACCTTT  
 CTCACCGAATAATATCAGTGAGGATTTAGAGATTATTCAGGAAATGCTTTTCGTCACAGA  
 TAACAATGAAGAGTTGGCTTATGTTATTGAAAAGGGCTATCATTTTAAACGATATCATGA  
 ATTTCTCGGAGATTTTATGCGTCAGTTCACTAGTCTAGGTGTAGCTGGGGCACATGGAAA  
 AACCTCAACGACAGGTTTATTAGCTCATGTTTTAAAAATATTACAGACACTTCTTTCCT  
 AATTGGAGATGGTACAGGACGTGGTCTGCTAATGCTAATTACTTTGTGTTTGAAGCTGA  
 TGAATACGAACGTCATTTTATGCGGTACCATCCAGAATACTCAATTATTACCAATATTGA  
 TTTTGACCATCTGATTATTTTACAGGCCTAGAGGACGTATTCAATGCCTTTAATGACTA  
 TGCTAAGCAAGTTCAAAAAGGTTTATTCAATTTATGGAGAAGATCCAAAACCTTCATGAAAT  
 CACTTCTGAGGCACCAATATATTATTATGGTTTTGAAGATTCAATGATTTTATAGCAAA  
 AGACATCACTCGAAGTGTAAATGGTCTGACTTTAAGGTTTTCTATAACCAAGAAGAAAT  
 TGGTCAGTTTTCATGTACAGCATACGGTAAACATAATATCTTAATGCAACTGCTGTTAT  
 TGCTAACCTTTACATAATGGGAATTGATATGGCATTAGTAGCTGAGCATTGAAGACATT  
 TTCAGGGGTAAAGCGTCGTTTTACTGAGAAGATTATTGACGATACTGTCAATTATGATGA  
 CTTTGCTCACCATCTACTGAGATTATTGCGACATTAGATGCTGCTCGACAAAATACCC  
 GTCAAAAGAAATTTAGCTATTTTCCAACCGCATACGTTCACTCGTACGATAGCTCTTTT  
 AGACGAATTTGCCCATGCCTTGAGTCAAGCGGATAGCGTTTATCTCGCTCAAAATATATGG  
 TTCTGCTAGAGAAGTAGATAATGGTGAGGTGAAGGTAGAAGATTAGCTGCTAAGATTGT  
 CAAACACTCAGATTTAGTGACAGTCAAAAATGTCTCGCCTTTACTCAATCATGATAATGC  
 TGTCTATGCTTTATGGGTGCTGGAGACATTCAATTGTATGAGCGCTCTTTTGAAGAATT  
 ATTAGCTAACCTAACTAAAAATACACAA

## SEQ ID NO. 4602

## STRAIN 1169NT

AAAAGCAGGCTCTAGTGACGTTGACAAATATTATTTTACCCAACGTGGTTTAGAGCAAGC  
 AGGTGTAACATATTACCTTTCTCACCGAATAATATCAGTGAGGATTTAGAGATTATTGC  
 AGGAAATGCTTTTCGTCACAGATAACAATGAAGAGTTGGCTTATGTTATTGAAAAGGGCTA  
 TCATTTTAAACGATATCATGAATTTCTCGGAGATTTTATGCGTCAGTTCACTAGTCTAGG  
 TGTAGCTGGGGCACATGGAAAAACCTCAACGACAGGTTTATTAGCTCATGTTTTAAAAAA  
 TATTACAGACACTTCTTTCTTAATTGGAGATGGTACAGGACGTGGTCTGCTAATGCTAA  
 TTAATTTGTGTTTGAAGCTGAATGAATACGAACGTCATTTTATGCCGTACCATCCAGAATA  
 CTAATTTATTACCAATATTGATTTTGACCATCTGATTATTTTACAGGCCTAGAGGACGT  
 ATTAATGCCTTTAATGACTATGCTAAGCAAGTTCAAAAAGGTTTATTCATTTATGGAGA

## SEQUENCE LISTING

AGATCCAAAACCTTCATGAAATCACTTCTGAGGCACCAATATATTATTATGGTTTTGAAGA  
 TTCAAATGATTTTATAGCAAAAGACATCACTCGAACTGTTAATGGTTCTGACTTTAAGGT  
 TTTCTATAACCAAGAAGAAATTGGTCAGTTTCATGTACCAGCATACGGTAAACATAATAT  
 CTTAAATGCAACTGCTGTTATTGCTAACCTTTACATAATGGGAATTGATATGGCATTAGT  
 AGCTGAGCATTGGAAGACATTTTCAGGGGTAAAGCGTCGTTTACTGAGAAGATTATTGA  
 CGATACGTCTATTATGATGACTTTGCTCACCATCCTACTGAGATTATTGCGACATTAGA  
 TGCTGCTCGACAAAAATACCCGTCAAAAGAAATTGTAGCTATTTTCCAACCGCATACGTT  
 CACTCGTACGATAGCTCTTTTAGACGAATTTGCCCATGCCTTGAGTCAAGCGGATAGCGT  
 TTATCTCGCTCAAATATATGGTCTGCTAGAGAAGTAGATAATGGTGAGGTGAAGGTAGA  
 AGATTTAGCTGCTAAGATTGTCAAACACTCAGATTTAGTGACAGTCGAAAATGTCTCGCC  
 TTTACTCAATCATGATAATGCTGTCTATGTCTTTATGGGTGCTGGAGACATTCAATTGTA  
 TGAGCGCTCTTTTGAAGAATTATTAGCTAACCTAACTAAAAATACACAA

SEQ ID NO. 4603

STRAIN 090

AAAGCAGGCTCTAGTGACGTTGACAAATATTATTTTACCCAACGTGGTTTAGAGCAAGCA  
 GGTGTAACTATATTACCTTTCTCACCGAATAATATCAGTGAGGATTTAGAGATTATTGCA  
 GGAAATGCTTTTCGTCAGATAACAAATGAAGAGTTGGCTTATGTTATTGAAAAGGGCTAT  
 CATTTTAAACGATATCATGAATTTCTCGGAGATTTTATGCGTCAGTTCAGTAGTCTAGGT  
 GTAGCTGGGGCACATGGAAAAACCTCAACGACAGGTTTATTAGCTCATGTTTTAAAAAAT  
 ATTACAGACACTTCTTTCTAATTGGAGATGGTACAGGACGTGGTCTGCTAATGCTAAT  
 TACTTTGTGTTTGAAGCTGATGAATACGAACGTCATTTTATGCCGTACCATCCAGAATAC  
 TCAATTATTACCAATATTGATTTTGACCATCCTGATTATTTTACAGGCCTAGAGGACGTA  
 TTCAATGCTTTTAAATGACTATTGCTAAGCAAGTTCAAAAAGGTTTATTCATTTATGGAGAA  
 GATTCAAAACTTCATGAAATCACTTCTAAGGCACCAATATATTATTATGGTTTTGAAGAT  
 TCAATGATTTTATAGCAAAAGACATCACTCGAACTGTTAATGGTTCTGACTTTAAGGTT  
 TTCTATAACCAAGAAGAAATTGGTCAGTTTCATGTACCAGCATACGGTAAACATAATATC  
 TTAAATGCAACTGCTGTTATTGCTAACCTTTACATAATGGGAATTGATATGGCATTAGTA  
 GCTGAGCATTTGAAGACATTTTCAGGGGTAAAACGTCGTTTACTGAGAAGATTATTGAC  
 GATACTGTCATTATTGATGACTTTGCTCACCATCCTACTGAGATTATTGCGACATTAGAT  
 GCTGCTCGACAAAAATACCCGTCAAAAGAAATTGTAGCTATTTTCCAACCGCATACGTTT  
 ACTCGTACGATAGCTCTTTTAGACGATTTTGCCCATGCTTTGAGTCAAGCGGATAGCGTT  
 TATCTTGCTCAAATATATGGTTCTGCTAGAGAAGTAGATAATGGTGAGGTGAAGGTAGAA  
 GATTTAGCTGCTAAGATTGTCAAACACTCAGATTTAGTGACAGTCGAAAATGTCTCGCCT  
 TTAATCATGATAATGCTGTCTATGTCTTTATGGGTGCTGGAGACATTCAATTGTAT  
 GAGCGCTCTTTTGAAGAATTATTAGCTAACCTAACTAAAAATACACAA

SEQ ID NO. 4604

STRAIN H36B

AAAAGCAGGCTCTAGTGACGTTGACAAATATTATTTTACTCAACGTGGTTTAGAGCAAGCAGGT  
 ATAACATATATTACCTTTCTCACCGAATAATATCAGTGAGGATTTAGAGATTATTGCAAGCA  
 AATGCTTTTTCGTCAGATAACAAATGAAGAGTTGGCTTATGTTATTGAAAAGGGCTATCAT  
 TTTAAACGATATCATGAATTTCTCGGAGATTTTATGCGTCAGTTCAGTAGTCTAGGTGTA  
 GCTGGGGCACATGGAAAAACCTCAACGACAGGTTTATTAGCTCATGTTTTAAAAAATATT  
 ACAGACACTTCTTTCTAATTGGAGATGGTACAGGACGTGGTCTGCTAATGCTAATTAC  
 TTTGTGTTTGAAGCTGATGAATACGAACGTCATTTTATGCCGTACCATCCAGAATACTCA  
 ATTATTACCAATATTGATTTTGACCATCCTGATTATTTTACAGGCCTAGAGGACGTATTC  
 AATGCTTTTAAATGACTATGCTAAGCAAGTTCAAAAAGGTTTATTCATTTATGGAGAAGAT  
 CCAAAACTTCATGAAATCACTTCTGAGGCACCAATATATTATTATGGTTTTGAAGATTCA  
 AATGATTTTATAGCAAAAGATATCACTCGAACTGTTAATGGTTCTGACTTTAAGGTTTTCT  
 TATAACCAAGAAGAAATTGGTCAGTTTACGTACCAGCATACGGTAAACATAATATCTTA  
 AATGCAACTGCTGTTATTGCTAACCTTTACATAATGGGAATTGATATGGCATTAGTAGCT  
 GAGCATTTGAAGACATTTTCAGGGGTAAAACGTCGTTTACTGAGAAAATTATTGACGAT  
 ACTGTCTATTATTGATGACTTTGCTCACCATCCTACTGAGATTATTGCGACATTAGATGCT  
 GCTCGACAAAAATACCCGTCAAAAGAAATTGTAGCTATTTTCCAACCGCATACGTTCACT  
 CGTACGATAGCTCTTTTAGACGAATTTGCCCATGCCTTGAGTCAAGCGGATAGCGTTTAT  
 CTCGCTCAAATATATGGTCTGCTAGAGAAGTAGATAATGGTGAGGTGAAGGTAGAAGAT  
 TTAGCTGCTAAGATTGTCAAACACTCAGATTTAGTGACAGTCGAAAATGTCTCGCCTTTA  
 CTCAATCATGATAATGCTGTCTATGTCTTTATGGGTGCTGGAGACATTCAATTGTATGAG  
 CGCTCTTTTGAAGAATTATTAGCTAACCTAACTAAAAATACACAA

SEQ ID NO. 4605

STRAIN 18RS21

AAAGCAGGCTCTAGTGACGTTGACAAATATTATTTTACCCAACGTGGTTTAGAGCAAGCA



## SEQUENCE LISTING

GGTGTAACATATATTACCTTTCTCACC GAATAATATCAGTGAGGATTTAGAGATTATTGCA  
 GGAAATGCTTTTCGTCAGATAACAATGAAGAGTTGGCTTATGTTATTGAAAAGGGCTAT  
 CATTTTAAACGATATCATGAATTTCTCGGAGATTTTATGCGTCAGTTCAGTAGTCTAGGT  
 GTAGCTGGGGCACATGGAAAAACCTCAACGACAGGTTTATTAGCTCATGTTTTAAAAAAT  
 ATTACAGACACTTCTTTCTAATTGGAGATGGTACAGGACGTGGTCTGCTAATGCTAAT  
 TACTTTGTGTTTGAAGCTGATGAATACGAACGTCATTTTATGCCGTACCATCCAGAATAC  
 TCAATTATTACCAATATTGATTTTGAACCATCCTGATTATTTTACAGGCTTAGAGGACGTA  
 TTCAATGCCTTTAATGACTATGCTAAGCAAGTTCAAAAAGGTTTATTCAATTTATGGAGAA  
 GATCCAAAACCTTCATGAAATCACTTCTGAGGCACCAATATATTATTATGGTTTTGAAGAT  
 TCAAATGATTTTATAGCAAAAGACATCACTCGAACTGTTAATGGTCTGACTTTAAGGTT  
 TTCTATAACCAAGAAGAAATTGGTCAGTTTTCATGTACCAGCATACGGTAACATAATATC  
 TTAAATGCAACTGCTGTTATTGCTAACCTTTACATAATGGGAATTGATATGGCATTAGTA  
 GCTGAGCATTGTAAGACGTTTTTCAGGGGTAAAGCGTCGTTTTACTGAGAAGATTATTGAC  
 GATACTGTCAATTATTGATGACTTTGCTCACCATCCTACTGAGATTATTGCGACATTAGAT  
 GCTGCTCGACAAAAATACCCGTCAAAAGAAATTTAGTCTATTTTCCAACCGCATACGTTT  
 ACTCGTACGATAGCTCTTTTAGACGAATTTGCCCATGCCTTGAGTCAAGCGGATAGCGTT  
 TATCTCGCTCAAATATATGGTCTGCTAGAGAAGTAGATAATGGTGAGGTGAAGGTAGAA  
 GATTAGCTGCTAAGATTGTCAAACACTCAGATTAGTGACAGTCGAAAATGTCTCGCCT  
 TTAATCAATCATGATAATGCTGTCTATGTCTTTATGGGTGCTGGAGACATTCAATTGTAT  
 GAGCGCTCTTTTGAAGAATTATTAGCTAACCTAACTAAAAATACACAA

SEQ ID NO. 4606

STRAIN M732

AAAAGCAGGCTCTAGTGACGTTGACAAATATATTATTTACCCAACGTGGTTTAGAGCAAGCAG  
 GTGTAACATATATTACCTTTCTCACC GAATAATATCAGTGAGGATTTAGAGATTATTGCAG  
 GAAATGCTTTTCGTCAGATAACAATGAAGAGTTGGCTTATGTTATTGAAAAGGGCTATC  
 ATTTTAAACGATATCATGAATTTCTCGGAGATTTTATGCGTCAGTTCAGTAGTCTAGGTG  
 TAGCTGGGGCACATGGAAAAACCTCAACGACAGGTTTATTAGCTCATGTTTTAAAAAATA  
 TTACAGACACTTCTTTCTAATTGGAGATGGTACAGGACGTGGTCTGCTAATGCTAATT  
 ACTTTGTGTTTGAAGCTGATGAATACGAACGTCATTTTATGCCGTACCATCCAGAATACT  
 CAATTATTACCAATATTGATTTTGAACCATCCTGATTATTTTACAGGCCTAGAGGACGTAT  
 TCAATGCCTTTAATGACTATGCTAAGCAAGTTCAAAAAGGTTTATTCAATTTATGGAGAAG  
 ATCCAAAACCTTCATGAAATCACTTCTGAGGCACCAATATATTATTATGGTTTTGAAGATT  
 CAAATGATTTTATAGCAAAAGACATCACTCGAACTGTTAATGGTCTGACTTTAAGGTTT  
 TCTATAACCAAGAAGAAATTGGTCAGTTTTCATGTACCAGCATACGGTAACATAATATCT  
 TAAATGCAACTGCTGTTATTGCTAACCTTTACATAATGGGAATTGATATGGCATTAGTAG  
 CTGAGCATTGTAAGACATTTTCAGGGGTAAAGCGTCGTTTTACTGAGAAGATTATTGACG  
 ATACTGTCAATTATTGATGACTTTGCTCACCATCCTACTGAGATTATTGCGACATTAGATG  
 CTGCTCGACAAAAATACCCGTCAAAAGAAATTTAGTCTATTTTCCAACCGCATACGTTTCA  
 CTCGTACGATAGCTCTTTTAGACGAATTTGCCCATGCCTTGAGTCAAGCGGATAGCGTTT  
 ATCTCGCTCAAATATATGGTCTGCTAGAGAAGTAGATAATGGTGAGGTGAAGGTAGAA  
 ATTAGCTGCTAAGATTGTCAAACACTCAGATTAGTGACAGTCGAAAATGTCTCGCCTT  
 TACTCAATCATGATAATGCTGTCTATGTCTTTATGGGTGCTGGAGACATTCAATTGTATG  
 AGCGCTCTTTTGAAGAATTATTAGCTAACCTAACTAAAAATACACAA

SEQ ID NO. 4607

STRAIN M781

AAAGCAGGCTCTAGTGACGTTGACAAATATATTATTTACCCAACGTGGTTTAGAGCAAGCAG  
 GTGTAACATATATTACCTTTCTCACC GAATAATATCAGTGAGGATTTAGAGATTATTGCAG  
 GAAATGCTTTTCGTCAGATAACAATGAAGAGTTGGCTTATGTTATTGAAAAGGGCTATC  
 ATTTTAAACGATATCATGAATTTCTCGGAGATTTTATGCGTCAGTTCAGTAGTCTAGGT  
 GTAGCTGGGGCACATGGAAAAACCTCAACGACAGGTTTATTAGCTCATGTTTTAAAAA  
 TATTACAGACACTTCTTTCTAATTGGAGATGGTACAGGACGTGGTCTGCTAATGCTAA  
 TACTTTGTGTTTGAAGCTGATGAATACGAACGTCATTTTATGCCGTACCATCCAGAATA  
 CTCAATTATTACCAATATTGATTTTGAACCATCCTGATTATTTTACAGGCCTAGAGGACGT  
 ATTCAATGCCTTTAATGACTATGCTAAGCAAGTTCAAAAAGGTTTATTCAATTTATGGAGA  
 AGATCCAAAACCTTCATGAAATCACTTCTGAGGCACCAATATATTATTATGGTTTTGAAGA  
 TTCAAATGATTTTATAGCAAAAGACATCACTCGAACTGTTAATGGTCTGACTTTAAGGT  
 TTTCTATAACCAAGAAGAAATTGGTCAGTTTTCATGTACCAGCATACGGTAACATAATAT  
 CTTAAATGCAACTGCTGTTATTGCTAACCTTTACATAATGGGAATTGATATGGCATTAGT  
 AGCTGAGCATTGTAAGACATTTTTCAGGGGTAAAGCGTCGTTTTACTGAGAAGATTATTGA  
 CGATACTGTCAATTATTGATGACTTTGCTCACCATCCTACTGAGATTATTGCGACATTAGA  
 TGCTGCTCGACAAAAATACCCGTCAAAAGAAATTTAGTCTATTTTCCAACCGCATACGTT  
 CACTCGTACGATAGCTCTTTTAGACGAATTTGCCCATGCCTTGAGTCAAGCGGATAGCGT

## SEQUENCE LISTING

TTATCTCGCTCAAATATATGGTTCTGCTAGAGAAGTAGATAATGGTGAGGTGAAGGTAGA  
AGATTTAGCTGCTAAGATTGTCAAACACTCAGATTTAGTGACAGTCGAAAATGTCTCGCC  
TTTACTCAATCATGATAATGCTGTCTATGTCTTTATGGGTGCTGGAGACATTCAATTGTA  
TGAGCGCTCTTTTGAAGAATTATTAGCTAACCTAACTAAAAATACACAA

SEQ ID NO. 4608

STRAIN CJB110

AAAAAGCAGGCTCTAGTGACGTTGACAAATATATTTTACCCAACGTGGTTTAGAGCAAGCA  
GGTGTAACATATATTACCTTTCTCACCGAATAATATCAGTGAGGATTTAGAGATTATTGCA  
GGAAATGCTTTTCGTCAGATAACAATGAAGAGTTGGCTTATGTTATTGAAAAGGGCTAT  
CATTTTAAACGATATCATGAATTTCTCGGAGATTTTATGCGTCAGTTCAGTAGCTTAGGT  
GTAGCTGGGGCACATGGAAAAACCTCAACGACAGGTTTATTAGCTCATGTTTTAAAAAAT  
ATTACAGACACTTCTTCCTAATTGGAGATGGTACAGGACGTGGTCTGCTAATGCTAAT  
TACTTTGTGTTTGAAGCTGATGAATACGAACGTCATTTTATGCCGTACCATCCAGAATAC  
TCAATTATTACCAATATTGATTTTGACCATCCTGATTATTTTACAGGCCTAGAGGACGTA  
TTCAATGCTTTTAAATGACTATGCTAAGCAAGTTCAAAAAGGTTTATTTCATTTATGGAGAA  
GATTCAAAACCTTCATGAAATCACTTCTAAGGCACCAATATATTATTATGGTTTTGAAGAT  
TCAAATGATTTTATAGCAAAAGACATCACTCGAAGCTTAAATGGTCTGACTTTAAGGTT  
TTCTATAACCAAGAAGAAATTTGTCAGTTTCATGTACCAGCATACGGTAAACATAATATC  
TTAAATGCAACTGCTGTTATTGCTAACCTTTACATAATGGGAATTGATATGGCATTAGTA  
GCTGAGCATTGGAAGACATTTTACAGGGTAAAACGTCGTTTTACTGAGAAGATTATTGAC  
GATACGTGCTATTATTGATGACTTTGCTCACCATCCTACTGAGATTATTGCGACATTAGAT  
CTGCTCGACAAAAATACCCGTCAAAAGAAATTGTAGCTATTTTCCAACCGCATACGTTT  
ACTCGTACGATAGCTCTTTTAGACGATTTTGCCCATGCTTTGAGTCAAGCGGATAGCGTT  
TATCTTGCTCAAATATATGGTTCTGCTAGAGAAGTAGATAATGGTGAGGTGAAGGTAGAA  
GATTTAGCTGCTAAGATTGTCAAACACTCAGATTTAGTGACAGTCGAAAATGTCTCGCCT  
TTACTCAATCATGATAATGCTGTCTATGTCTTTATGGGTGCTGGAGACATTCAATTGTAT  
GAGCGCTCTTTTGAAGAATTATTAGCTAACCTAACTAAAAATACACAA

SEQ ID NO. 4609

STRAIN JM9130013 (reverse complement)

GTTCAAAAAGCAGGCTCTAGTGACGTTGACAAATATTTTACTCAACGTGGTTTAGA  
GCAAGCAGGTATAACTATATTACCTTTCTCACCGAATAATATCAGTGAGGATTTAGAGAT  
TATTGCAGGAAATGCTTTTCGTCAGATAACAATGAAGAGTTGGCTTATGTTATTGAAAA  
GGGCTATCATTTTAAACGATATCATGAATTTCTCGGAGATTTTATGCGTCAGTTCAGTAG  
TCTAGGTGTAGCTGGGGCACATGGAAAAACCTCAACGACAGGTTTATTAGCTCATGTTTT  
AAAAAATATTACAGACACTTCTTTCCTAATTGGAGATGGTACAGGACGTGGTCTGCTAA  
TGCTAATTACTTTTGTGTTTGAAGCTGATGAATACGAACGTCATTTTATGCCGTACCATCC  
AGAATACTCAATTATTACCAATATTGATTTTGACCATCCTGATTATTTTACAGGCCTAGA  
GGACGTATTCAATGCTTTTAAATGACTATGCTAAGCAAGTTCAAAAAGGTTTATTCATTTA  
TGGAGAAGATCCAAAACCTTCATGAAATCACTTCTGAGGCACCAATATATTATTATGGTTT  
TGAAGATTCAAATGATTTTATAGCAAAAGATATCACTCGAAGCTTAAATGGTTCTGACTT  
TAAGGTTTTCTATAACCAAGAAGAAATTTGGTCAGTTTCACGTACCAGCATACGGTAAACA  
TAATATCTTAAATGCAACTGCTGTTATTGCTAACCTTTACATAATGGGAATTGATATGGC  
ATTAGTAGCTGAGCATTGGAAGACATTTTACAGGGTAAAACGTCGTTTTACTGAGAAAAT  
TATTGACGATACTGTCAATTATTGATGACTTTGCTCACCATCCTACTGAGATTATTGCGAC  
ATTAGATGCTGCTCGACAAAAATACCCGTCAAAAGAAATTGTAGCTATTTTCCAACCGCA  
TACGTTCACTCGTACGATAGCTCTTTTAGACGAATTTGCCCATGCTTTGAGTCAAGCGGA  
TAGCGTTTATCTCGCTCAAATATATGGTTCTGCTAGAGAAGTAGATAATGGTGAGGTGAA  
GGTAGAAGATTAGCTGCTAAGATTGTCAAACACTCAGATTTAGTGACAGTCGAAAATGT  
CTCGCTTTACTCAATCATGATAATGCTGTCTATGTCTTTATGGGTGCTGGAGACATTCA  
ATTGTATGAGCGCTCTTTTGAAGAATTATTAGCTAACCTAACTAAAAATACACAA

SEQ ID NO. 4610

STRAIN COH1 reverse complement

CAGGCTCTAGTGACGTTGACAAATATTTTACCCAACGTGGTTAGAGCAAGCAGGTGTAA  
CTATATTACCTTTCTCACCGAATAATATCAGTGAGGATTTAGAGATTATTGCAGGAAATG  
CTTTTCGTCAGATAACAATGAAGAGTTGGCTTATGTTATTGAAAAGGGCTATCATTTTA  
AACGATATCATGAATTTCTCGGAGATTTTATGCGTCAGTTCAGTAGCTTAGGTGTAGCTG  
GGGCACATGGAAAAACCTCAACGACAGGTTTATTAGCTCATGTTTTAAAAAATATTACAG  
ACACTTCTTTTCCTAATTGGAGATGGTACAGGACGTGGTCTGCTAATGCTAATTACTTTG  
TGTTTGAAGCTGATGAATACGAACGTCATTTTATGCCGTACCATCCAGAATACTCAATTA  
TTACCAATATTGATTTTGACCATCCTGATTATTTTACAGGCCTAGAGGACGTATTCAATG  
CCTTTAATGACTATGCTAAGCAAGTTCAAAAAGGTTTATTTCATTTATGGAGAAGATCCAA

## SEQUENCE LISTING

AACTTCATGAAATCACTTCTGAGGCACCAATATATTATTATGGTTTGAAGATTCAAATG  
 ATTTTATAGCAAAAGACATCACTCGAACTGTTAATGGTTCTGACTTAAAGGTTTCTATA  
 ACCAAGAAGAAATGGTCAGTTTCATGTACCAGCATACGGTAAACATAATATCTTAAATG  
 CAACTGCTGTTATTGCTAACCTTTACATAATGGGAATTGATATGGCATTAGTAGCTGAGC  
 ATTTGAAGACATTTTCAGGGGTAAAGCGTCGTTTTACTGAGAAGATTATTGACGATACTG  
 TCATTATTGATGACTTTGCTCACCATCCTACTGAGATTATTGCGACATTAGATGCTGCTC  
 GACAAAAATACCCGTCAAAGAAATTTAGCTATTTTCCAACCGCATACGTTCACTCGTA  
 CGATAGCTCTTTTAGACGAATTTGCCCATGCCTTGAGTCAAGCGGATAGCGTTTATCTCG  
 CTCAAATATATGGTCTGCTAGAGAAGTAGATAATGGTGAGGTGAAGGTAGAAGATTTAG  
 CTGCTAAGATTGTCAAACACTCAGATTTAGTGACAGTCGAAAATGTCTCGCCTTTACTCA  
 ATCATGATAATGCTGTCTATGTCTTTATGGGTGCTGGAGACATTCAATTGTATGAGCGCT  
 CTTTGAAGAATTATTAGCTAACCTAACTAAAAATACACAA

## SEQ ID NO. 4611

## STRAIN 2603

atgtcaaaaacttatcattttatttggtattaaaggatccggaatgagtgccctagcactg  
 atgcttcatcaaatgggacataacgtccaaggaagtacggttgacaaatattattttacc  
 caacgtgggttagagcaagcaggtgtaactatattacctttctcaccgaataatcagtg  
 gaggatttagagattattgcaggaaatgcttttcgtccagataacaatgaagagttggct  
 tatgtttattgaaaagggtatcatcaatttaaagcatatcatgaatttctcggagattttatg  
 cgtcagttcactagtctaggtgtagctggggcacatggaaaaacctcaacgacaggttta  
 ttagctcatgttttaaaaaatattacagacacttctttcctaattggagatggtacagga  
 cgtggttctgctaattgctaattactttgtgtttgaagctgatgaatacgaacgtcatttt  
 atgctgaccatccagaataactcaattattaccaatattgattttgaccatcctgattat  
 tttacaggtcttagagcagctattcaatgcctttaatgactatgctaagcaagttcaaaaa  
 ggtttattcattttatggagaagatccaaaacttcatgaaatcacttctgaggcaccata  
 tattattatgggtttgaagattcaaatgattttatagcaaaagacatcactcgaactgtt  
 aatggttctgactttaagggttttctataaccaagaagaattggtcagtttcatgtacca  
 gcatacgggtaaacataatattcttaaatgcaactgctgttattgctaacctttacataatg  
 ggaattgatattggcattagtagctgagcatttgaagacgttttcaggggtaaaagcgtcgt  
 tttactgagaagattattgacgatactgtcattattgatgactttgctcaccatcctact  
 gagattattgcgacattagatgctgctcgacaaaaatacccgtcaaaagaaattgtagct  
 atttccaaccgcatacgttccactcgtacgatagctcttttagacgaatttgcccatgcc  
 ttgagtcgaagcggatagcgtttatctcgctcaaatatattggttctgctagagaagtagat  
 aatggtgaggtgaaggtagaagatttagctgctaagattgtcaaacactcagatttagtg  
 acagtcgaaaatgtctcgctttactcaatcatgataatgctgtctatgtctttatgggt  
 gctggagacattcaattgtatgagcgctcttttgaagaattattagctaacctaaactaaa  
 aatacacia

## SEQ ID NO. 4612

## STRAIN COH1 reverse complement

CAGGCTCTAGTGACGTTGACAAATATATTTTACCCAACGTGGTTTAGAGCAAGCAGGTGTAA  
 CTATATTACCTTTTCTACCGAATAATATCAGTGAGGATTATTAGAGATTATTGACAGGAAATG  
 CTTTTCGTCCAGATAACAATGAAGAGTTGGCTTATGTTATTGAAAAGGGCTATCATTTTA  
 AACGATATCATGAATTTCTCGGAGATTTTATGCGTCAGTTCACTAGTCTAGGTGTAGCTG  
 GGGCACATGGAAAAACCTCAACGACAGGTTTATTAGCTCATGTTTAAAAAATATTACAG  
 ACACTTCTTTCTAATTGGAGATGGTACAGGACGTGGTCTGCTAATGCTAATTACTTTG  
 TGGTTGAAGCTGATGAATACGAACGTCATTTTATGCCGTACCATCCAGAATACTCAATTA  
 TTACCAATATTGATTTTGACCATCCTGATTATTTTACAGGCCTAGAGGACGTATTCAATG  
 CCTTTAATGACTATGCTAAGCAAGTTCAAAAAGGTTTATTCAATTATGGAGAAGATCCAA  
 AACTTCATGAAATCACTTCTGAGGCACCAATATATTATTATGGTTTGAAGATTCAAATG  
 ATTTTATAGCAAAAGACATCACTCGAACTGTTAATGGTTCTGACTTAAAGGTTTCTATA  
 ACCAAGAAGAAATGGTCAGTTTCATGTACCAGCATACGGTAAACATAATATCTTAAATG  
 CAACTGCTGTTATTGCTAACCTTTACATAATGGGAATTGATATGGCATTAGTAGCTGAGC  
 ATTTGAAGACATTTTCAGGGGTAAAGCGTCGTTTTACTGAGAAGATTATTGACGATACTG  
 TCATTATTGATGACTTTTGTCTCACCATCCTACTGAGATTATTGCGACATTAGATGCTGCTC  
 GACAAAAATACCCGTCAAAGAAATTTAGCTATTTTCCAACCGCATACGTTCACTCGTA  
 CGATAGCTCTTTTAGACGAATTTGCCCATGCCTTGAGTCAAGCGGATAGCGTTTATCTCG  
 CTCAAATATATGGTCTGCTAGAGAAGTAGATAATGGTGAGGTGAAGGTAGAAGATTTAG  
 CTGCTAAGATTGTCAAACACTCAGATTTAGTGACAGTCGAAAATGTCTCGCCTTTACTCA  
 ATCATGATAATGCTGTCTATGTCTTTATGGGTGCTGGAGACATTCAATTGTATGAGCGCT  
 CTTTGAAGAATTATTAGCTAACCTAACTAAAAATACACAA

## SEQ ID NO. 4613

## SEQUENCE LISTING

**STRAIN A909 frame: 2**

DKYYFTQRGLEQAGVTILPFSPNNISEDLEIIAGNAFRPDNNEELAYVIEKGYHFKRYHE  
 FLGDFMRQFTSLGVAGAHGKTSTTGLLAHVLKNITDTSFLIGDGTGRGSANANYFVFEAD  
 EYERHFMPYHPEYSIITNIDFDHPDYFTGLEDVFNAFNDYAKQVQKGLFIYGEDPKLHEI  
 TSEAPIYYYGFEDSNDFFIAKDITRTVNGSDFKVFYNQEEIGQFHVPAVGKHNILNATAVI  
 ANLYIMGIDMALVAEHLKTFSGVKRRFTEKIIDDTVIIDDFAHHPTEIIATLDAARQKYP  
 SKEIVAIQFPHFTFTRTIALLDFAHALSQADSVYLAQIYGSAREVDNGEVKVEDLAAKIV  
 KHSDLVTVENVSPLLNHDNAVYVFMGAGDIQLYERSFEELLANLTKNTQ

**SEQ ID NO. 4614****STRAIN 1169NT frame: 2**

KAGSSDVKYYFTQRGLEQAGVTILPFSPNNISEDLEIIAGNAFRPDNNEELAYVIEKGY  
 HFKRYHEFLGDFMRQFTSLGVAGAHGKTSTTGLLAHVLKNITDTSFLIGDGTGRGSANAN  
 YFVFEADEYERHFMPYHPEYSIITNIDFDHPDYFTGLEDVFNAFNDYAKQVQKGLFIYGE  
 DPKLHEITSEAPIYYYGFEDSNDFFIAKDITRTVNGSDFKVFYNQEEIGQFHVPAVGKHN  
 LNATAVIANLYIMGIDMALVAEHLKTFSGVKRRFTEKIIDDTVIIDDFAHHPTEIIATLD  
 AARQKYP SKEIVAIQFPHFTFTRTIALLDFAHALSQADSVYLAQIYGSAREVDNGEVKVE  
 DLAAKIVKHSDLVTVENVSPLLNHDNAVYVFMGAGDIQLYERSFEELLANLTKNTQ

**SEQ ID NO. 4615****STRAIN 090 FRAME: 1**

KAGSSDVKYYFTQRGLEQAGVTILPFSPNNISEDLEIIAGNAFRPDNNEELAYVIEKGY  
 HFKRYHEFLGDFMRQFTSLGVAGAHGKTSTTGLLAHVLKNITDTSFLIGDGTGRGSANAN  
 YFVFEADEYERHFMPYHPEYSIITNIDFDHPDYFTGLEDVFNAFNDYAKQVQKGLFIYGE  
 DSKLHEITSKAPIYYYGFEDSNDFFIAKDITRTVNGSDFKVFYNQEEIGQFHVPAVGKHN  
 LNATAVIANLYIMGIDMALVAEHLKTFSGVKRRFTEKIIDDTVIIDDFAHHPTEIIATLD  
 AARQKYP SKEIVAIQFPHFTFTRTIALLDFAHALSQADSVYLAQIYGSAREVDNGEVKVE  
 DLAAKIVKHSDLVTVENVSPLLNHDNAVYVFMGAGDIQLYERSFEELLANLTKNTQ

**SEQ ID NO. 4616****STRAIN H36B frame: 2**

KAGSSDVKYYFTQRGLEQAGVTILPFSPNNISEDLEIIAGNAFRPDNNEELAYVIEKGY  
 HFKRYHEFLGDFMRQFTSLGVAGAHGKTSTTGLLAHVLKNITDTSFLIGDGTGRGSANAN  
 YFVFEADEYERHFMPYHPEYSIITNIDFDHPDYFTGLEDVFNAFNDYAKQVQKGLFIYGE  
 DPKLHEITSEAPIYYYGFEDSNDFFIAKDITRTVNGSDFKVFYNQEEIGQFHVPAVGKHN  
 LNATAVIANLYIMGIDMALVAEHLKTFSGVKRRFTEKIIDDTVIIDDFAHHPTEIIATLD  
 AARQKYP SKEIVAIQFPHFTFTRTIALLDFAHALSQADSVYLAQIYGSAREVDNGEVKVE  
 DLAAKIVKHSDLVTVENVSPLLNHDNAVYVFMGAGDIQLYERSFEELLANLTKNTQ

**SEQ ID NO. 4617****STRAIN 18RS21 frame: 1**

KAGSSDVKYYFTQRGLEQAGVTILPFSPNNISEDLEIIAGNAFRPDNNEELAYVIEKGY  
 HFKRYHEFLGDFMRQFTSLGVAGAHGKTSTTGLLAHVLKNITDTSFLIGDGTGRGSANAN  
 YFVFEADEYERHFMPYHPEYSIITNIDFDHPDYFTGLEDVFNAFNDYAKQVQKGLFIYGE  
 DPKLHEITSEAPIYYYGFEDSNDFFIAKDITRTVNGSDFKVFYNQEEIGQFHVPAVGKHN  
 LNATAVIANLYIMGIDMALVAEHLKTFSGVKRRFTEKIIDDTVIIDDFAHHPTEIIATLD  
 AARQKYP SKEIVAIQFPHFTFTRTIALLDFAHALSQADSVYLAQIYGSAREVDNGEVKVE  
 DLAAKIVKHSDLVTVENVSPLLNHDNAVYVFMGAGDIQLYERSFEELLANLTKNTQ

**SEQ ID NO. 4618****STRAIN M732 frame: 2**

KAGSSDVKYYFTQRGLEQAGVTILPFSPNNISEDLEIIAGNAFRPDNNEELAYVIEKGY  
 HFKRYHEFLGDFMRQFTSLGVAGAHGKTSTTGLLAHVLKNITDTSFLIGDGTGRGSANAN  
 YFVFEADEYERHFMPYHPEYSIITNIDFDHPDYFTGLEDVFNAFNDYAKQVQKGLFIYGE  
 DPKLHEITSEAPIYYYGFEDSNDFFIAKDITRTVNGSDFKVFYNQEEIGQFHVPAVGKHN  
 LNATAVIANLYIMGIDMALVAEHLKTFSGVKRRFTEKIIDDTVIIDDFAHHPTEIIATLD  
 AARQKYP SKEIVAIQFPHFTFTRTIALLDFAHALSQADSVYLAQIYGSAREVDNGEVKVE  
 DLAAKIVKHSDLVTVENVSPLLNHDNAVYVFMGAGDIQLYERSFEELLANLTKNTQ

**SEQ ID NO. 4619****STRAIN JM9130013 frame: 2**

FKKAGSSDVKYYFTQRGLEQAGVTILPFSPNNISEDLEIIAGNAFRPDNNEELAYVIEK  
 GYHFKRYHEFLGDFMRQFTSLGVAGAHGKTSTTGLLAHVLKNITDTSFLIGDGTGRGSAN  
 ANYFVFEADEYERHFMPYHPEYSIITNIDFDHPDYFTGLEDVFNAFNDYAKQVQKGLFIY

## SEQUENCE LISTING

GEDPKLHEITSEAPIYYYGFEDSNDFFIAKDITRTVNGSDFKVFYNQEEIGQFHVPAVGKH  
NILNATAVIANLYIMGIDMALVAEHLKTFSGVKRRFTEKIIDDTVIIDDFAHHPTEIAT  
LDAARQKYPskeIVAI FQPHFTFTRTIALLDFAHALSQADSVYLAQIYGSAREVDNGEVK  
VEDLAAKIVKHS DLTVENVSPLLNDNAVYVFMGAGDIQLYERSFEELLANLTKNTQ

SEQ ID NO. 4620

STRAIN M781 frame: 1

KAGSSDVKYYFTQRGLEQAGVTILPFSNNISEDLEIIAGNAFRPDNNEELAYVIEKGY  
HFKRYHEFLGDFMRQFTSLGVAGAHGKTSTTGLLAHVLNITDTSFLIGDGTGRGSANAN  
YFVFEADEYERHFMYPYHPEYSIITNIDFDHPDYFTGLEDVFNAFNDYAKQVQKGLFIYGE  
DPKLHEITSEAPIYYYGFEDSNDFFIAKDITRTVNGSDFKVFYNQEEIGQFHVPAVGKHNI  
LNATAVIANLYIMGIDMALVAEHLKTFSGVKRRFTEKIIDDTVIIDDFAHHPTEIATLD  
AARQKYPskeIVAI FQPHFTFTRTIALLDFAHALSQADSVYLAQIYGSAREVDNGEVKVE  
DLAAKIVKHS DLTVENVSPLLNDNAVYVFMGAGDIQLYERSFEELLANLTKNTQ

SEQ ID NO. 4621

STRAIN CJB110 frame: 3

KAGSSDVKYYFTQRGLEQAGVTILPFSNNISEDLEIIAGNAFRPDNNEELAYVIEKGY  
HFKRYHEFLGDFMRQFTSLGVAGAHGKTSTTGLLAHVLNITDTSFLIGDGTGRGSANAN  
YFVFEADEYERHFMYPYHPEYSIITNIDFDHPDYFTGLEDVFNAFNDYAKQVQKGLFIYGE  
DSKLHEITSEAPIYYYGFEDSNDFFIAKDITRTVNGSDFKVFYNQEEIGQFHVPAVGKHNI  
LNATAVIANLYIMGIDMALVAEHLKTFSGVKRRFTEKIIDDTVIIDDFAHHPTEIATLD  
AARQKYPskeIVAI FQPHFTFTRTIALLDFAHALSQADSVYLAQIYGSAREVDNGEVKVE  
DLAAKIVKHS DLTVENVSPLLNDNAVYVFMGAGDIQLYERSFEELLANLTKNTQ

SEQ ID NO. 4622

STRAIN 2603 frame: 1

MSKTYHFHIGIKSGMSALALMLHQMGNVQSDVDKYYFTQRGLEQAGVTILPFSNNIS  
EDLEIIAGNAFRPDNNEELAYVIEKGYQFKRYHEFLGDFMRQFTSLGVAGAHGKTSTTGL  
LAHVLNITDTSFLIGDGTGRGSANANYFVFEADEYERHFMYPYHPEYSIITNIDFDHPDY  
FTGLEDVFNAFNDYAKQVQKGLFIYGEDPKLHEITSEAPIYYYGFEDSNDFFIAKDITRTV  
NGSDFKVFYNQEEIGQFHVPAVGKHNI LNATAVIANLYIMGIDMALVAEHLKTFSGVKRR  
FTEKIIDDTVIIDDFAHHPTEIATLDAAARQKYPskeIVAI FQPHFTFTRTIALLDFAHA  
LSQADSVYLAQIYGSAREVDNGEVKVEDLAAKIVKHS DLTVENVSPLLNDNAVYVFMG  
AGDIQLYERSFEELLANLTKNTQ

SEQ ID NO. 4623

STRAIN COH1 frame: 3

GSSDVKYYFTQRGLEQAGVTILPFSNNISEDLEIIAGNAFRPDNNEELAYVIEKGYHF  
KRYHEFLGDFMRQFTSLGVAGAHGKTSTTGLLAHVLNITDTSFLIGDGTGRGSANANYF  
VFEADEYERHFMYPYHPEYSIITNIDFDHPDYFTGLEDVFNAFNDYAKQVQKGLFIYGEDP  
KLHEITSEAPIYYYGFEDSNDFFIAKDITRTVNGSDFKVFYNQEEIGQFHVPAVGKHNI LN  
ATAVIANLYIMGIDMALVAEHLKTFSGVKRRFTEKIIDDTVIIDDFAHHPTEIATLDAA  
RQKYPskeIVAI FQPHFTFTRTIALLDFAHALSQADSVYLAQIYGSAREVDNGEVKVEDL  
AAKIVKHS DLTVENVSPLLNDNAVYVFMGAGDIQLYERSFEELLANLTKNTQ

SEQ ID NO. 4701

STRAIN A909

TATTTTTTAAACAACAAAAAAGGAAAAGAGCTAAGGAAAAATGCAGAAAA  
ATTCTATGGAGAATATAAAGAAAATCCAGAAGAATATCATCAAATAGCTA  
AAGATAAAGCAAGTGAATATTCAAATTTAGCTGTTGATACTTTTAAAGAT  
TATAAAGGTAAATTTGAATCAGGTGAATTGACAACAGAGGATATCGTCTC  
AGCCGTTAAGGAAAAAAGCGGAGAAGTAGTTGACTTTGCTAATGATTTTG  
TCAATCAAGCTAAATCAAAATTTCTCAGACGAGGATACTGCTAAAAAAGAA  
GATAAGGCTCCTGAAACAAAAGTAGAAGATATTGTCTATTGATTATAAAGA  
AAACACAGAAGATAAAGAAAAA

SEQ ID NO. 4702

STRAIN H36B

TATTTTTTAAACAACAAAAAAGGAAAAGAGCTAAGGAAAAATGCAGAAAA  
ATTCTATGGAGAATATAAAGAAAATCCAGAAGAATATCATCAAATAGCTA  
AAGATAAAGCAAGTGAATATTCAAATTTAGCTGTTGATACTTTTAAAGAT  
TATAAAGGTAAATTTGAATCAGGTGAATTGACAACAGAGGATATCGTCTC  
AGCCGTTAAGGAAAAAAGCGGAGAAGTAGTTGACTTTGCTAATGATTTTG

## SEQUENCE LISTING

TCAATCAAGCTAAATCAAATCTCAGACGAGGATACTGCTAAAAAAGAA  
GATAAGGCTCCTGAAACAAAAGTAGAAGATATTGTCATTGATTATAAAGA  
AAACACAGAAGATAAAGAAAAA

SEQ ID NO. 4703

STRAIN 18RS21

TATTTTTTAACAACAAAAAAGGAAAAGAGCTAAGGAAAAATGCAGAAAA  
ATTCTATGGAGAATATAAAGAAAATCCAGAAGAATATCATCAAATAGCTA  
AAGATAAAGCAAGTGAATATTCAAATTTAGCTGTTGATACTTTTAAAGAT  
TATAAAGGTAAATTTGAATCAGGTGAATTGACAACAGAGGATATCGTCTC  
AGCCGTTAAGGAAAAAAGCGGAGAAGTAGTTGACTTTGCTAATGATTTTG  
TCAATCAAGCTAAATCAAATCTCAGACGAGGATACTGCTAAAAAAGAA  
GATAAGGCTCCTGAAACAAAAGTAGAAGATATTGTCATTGATTATAAAGA  
AAACACAGAAGATAAAGAAAAA

SEQ ID NO. 4704

STRAIN M732

TATTTTTTAACAACAAAAAAGGAAAAGAGCTAAGGAAAAATGCAGAAAA  
ATTCTATGGAGAATATAAAGAAAATCCAGAAGAATATCATCAAATAGCTA  
AAGATAAAGCAAGTGAATATTCAAATTTAGCTGTTGATACTTTTAAAGAT  
TATAAAGGTAAATTTGAATCAGGTGAATTGACAACAGAGGATATCGTCTC  
AGCCGTTAAGGAAAAAAGCGGAGAAGTAGTTGACTTTGCTAATGATTTTG  
TCAATCAAGCTAAATCAAATCTCAGACGAGGATACTGCTAAAAAAGAA  
GATAAGGCTCCTGAAACAAAAGTAGAAGATATTGTCATTGATTATAAAGA  
AAACACAGAAGATAAAGAAAAA

SEQ ID NO. 4705

STRAIN COH1

TATTTTTTAACAACAAAAAAGGAAAAGAGCTAAGGAAAAATGCAGAAAA  
ATTCTATGGAGAATATAAAGAAAATCCAGAAGAATATCATCAAATAGCTA  
AAGATAAAGCAAGTGAATATTCAAATTTAGCTGTTGATACTTTTAAAGAT  
TATAAAGGTAAATTTGAATCAGGTGAATTGACAACAGAGGATATCGTCTC  
AGCCGTTAAGGAAAAAAGCGGAGAAGTAGTTGACTTTGCTAATGATTTTG  
TCAATCAAGCTAAATCAAATCTCAGACGAGGATACTGCTAAAAAAGAA  
GATAAGGCTCCTGAAACAAAAGTAGAAGATATTGTCATTGATTATAAAGA  
AAACACAGAAGATAAAGAAAAA

SEQ ID NO. 4706

STRAIN M781

TATTTTTTAACAACAAAAAAGGAAAAGAGC  
TAAGGAAAAATGCAGAAAAATTTCTATGGAGAATATAAAGAAAATCCAGAA  
GAATATCATCAATAGCTAAAGATAAAGCAAGTGAATATTCAAATTTAGC  
TGTTGATACTTTTAAAGATTATAAAGGTAAATTTGAATCAGGTGAATTGA  
CAACAGAGGATATCGTCTCAGCCGTTAAGGAAAAAAGCGGAGAAGTAGTT  
GACTTTGCTAATGATTTTGTCAATCAAGCTAAATCAAATTTCTCAGACGA  
GGATACTGCTAAAAAAGAGATAAGGCTCCTGAAACAAAAGTAGAAGATA  
TTGTCATTGATTATAAAGAAAACACAGAAGATAAAGAAAAA

SEQ ID NO. 4707

STRAIN 2603

tattttttaacaacaaaaaaggaaaagagctaaggaaaaatgcagaaaa  
attctatggagaatataaagaaaatccagaagaatcatcaaataagcta  
aagataaagcaagtgaatttcaaatttagctggttgatacttttaagat  
tataaaggtaaatttgaatcaggtgaattgacaacagaggatatcgctc  
agccgtaaggaaaaaagcggagaagtagttgactttgctaattgattttg  
tcaatcaagctaaattcaaatttctcagacgaggatactgctaaaaaagaa  
gataaggctcctgaaacaaaagtagaagatattgtcattgattataaaga  
aaacacagaagataaagaaaaa

SEQ ID NO. 4708

STRAIN 090

TATTTTTTaACaACAAAAAAGGAAAAGAGCTAAGGAAAAATGCAGAAAA  
ATTCTATGGAGAATATAAAGAAAATCCAGAAGAATATCATCAAATAGCTA  
AAGATAAAGCAAGTGAATATTCAAATTTAGCTGTTGATACTTTTAAAGAT

## SEQUENCE LISTING

TATAAAGGTAAATTTGAATCAGGTGAATTGACAACAGAGGATATCGTCTC  
AGCCGTTAAGGAAAAAAGCGGAGAAGTAGTTGACTTTGCTAATGATTTTG  
TCAATCAAGCTAAATCAAATTTCTCAGACGAGGATACTGCTAAAAAGAA  
GATAAGGCTCCTGAAACAAAAGTAGAAGATATTGTCATTGATTATAAGA  
AAACACAGAAGATAAAGAAAAA

SEQ ID NO. 4709

STRAIN CJB110

TATTTTAAACAACAAAAAAGGAAAAGAGCTAAGGAAAA  
ATGCAGAAAAATTTCTATGGAGAATATAAAGAAAATCCAGAAGAATATCAT  
CAAATAGCTAAAGATAAAGCAAGTGAATATTCAAATTTAGCTGTTGATAC  
TTTTAAAGATTATAAAGGTAAATTTGAATCAGGTGAATTGACAACAGAGG  
ATATCGTCTCAGCCGTAAAGGAAAAAAGCGGAGAAGTAGTTGACTTTGCT  
AATGATTTTGTCAATCAAGCTAAATCAAATTTCTCAGACGAGGATACTGC  
TAAAAAGAAGATAAGGCTCCTGAAACAAAAGTAGAAGATATTGTCATTG  
ATTATAAAGAAAACACAGAAGATAAAGAAAAA

SEQ ID NO. 4710

STRAIN 1169NT

TATTTTAAACAACAAAAAAGGAAAAGAGCTAAGGAAA  
AATGCAGAAAAATTTCTATGGAGAATATAAAGAAAATCCAGAAGAATATCA  
TCAAATAGCTAAAGATAAAGCAAGTGAATATTCAAATTTAGCTGTTGATA  
CTTTTAAAGATTATAAAGGTAAATTTGAATCAGGTGAATTGACAACAGAG  
GATATCGTCTCAGCCGTAAAGGAAAAAAGCGGAGAAGTAGTTGACTTTGC  
TAATGATTTTGTCAATCAAGCTAAATCAAATTTCTCAGATGAGGATACTG  
CTAAAAAGAAAATAAGGCTCCTGAAACAAAAGTAGAAGATATTGTCATT  
GATTATAAAGAAAACACAGAAGATAAAGAAAAA

SEQ ID NO. 4711

STRAIN JM9130013

TATTTTAAACAACAAAAAAGGAAAAGAGCTAAGGAAA  
ATGCAGAAAAATTTCTATGGAGAATATAAAGAAAATCCAGAAGAATATCAT  
CAAATAGCTAAAGATAAAGCAAGTGAATATTCAAATTTAGCTGTTGATAC  
TTTTAAAGATTATAAAGGTAAATTTGAATCAGGTGAATTGACAACAGAGG  
ATATCGTCTCAGCCGTAAAGGAAAAAAGCGGAGAAGTAGTTGACTTTGCT  
AATGATTTTGTCAATCAAGCTAAATCAAATTTCTCAGACGAGGATACTGC  
TAAAAAGAAGATAAGGCTCCTGAAACAAAAGTAGAAGATATTGTCATTG  
ATTATAAAGAAAACACAGAAGATAAAGAAAAA

SEQ ID NO. 4712

STRAIN 2603

YFLTTHKKGKELRKNAEKFYGEYKENPEEYHQIAKDKASEYSNLAVDTFKDYKGFESGEL  
TTEDIVSAVKEKSGEVVDFANDFVNQAKSKFSDEDTAKKEDKAPETKVEDIVIDYKENTE  
DKEK

SEQ ID NO. 4713

STRAIN A909 frame: 1

YFLTTHKKGKELRKNAEKFYGEYKENPEEYHQIAKDKASEYSNLAVDTFKDYKGFESGEL  
TTEDIVSAVKEKSGEVVDFANDFVNQAKSKFSDEDTAKKEDKAPETKVEDIVIDYKENTE  
DKEK

SEQ ID NO. 4714

STRAIN H36B frame: 1

YFLTTHKKGKELRKNAEKFYGEYKENPEEYHQIAKDKASEYSNLAVDTFKDYKGFESGEL  
TTEDIVSAVKEKSGEVVDFANDFVNQAKSKFSDEDTAKKEDKAPETKVEDIVIDYKENTE  
DKEK

SEQ ID NO. 4715

STRAIN 18RS21 frame: 1

YFLTTHKKGKELRKNAEKFYGEYKENPEEYHQIAKDKASEYSNLAVDTFKDYKGFESGEL  
TTEDIVSAVKEKSGEVVDFANDFVNQAKSKFSDEDTAKKEDKAPETKVEDIVIDYKENTE  
DKEK

SEQ ID NO. 4716

STRAIN M732 frame: 1

## SEQUENCE LISTING

YFLTTHKKGKELRKNAEKFYGEYKENPEEYHQIAKDKASEYSNLAVDTFKDYKGKFESGEL  
TTEDIVSAVKEKSGEVVDFANDFVNQAKSKFSDEDTAKKEDKAPETKVEDIVIDYKENTE  
DKEK

SEQ ID NO. 4717

STRAIN\_COH1 frame: 1

YFLTTHKKGKELRKNAEKFYGEYKENPEEYHQIAKDKASEYSNLAVDTFKDYKGKFESGEL  
TTEDIVSAVKEKSGEVVDFANDFVNQAKSKFSDEDTAKKEDKAPETKVEDIVIDYKENTE  
DKEK

SEQ ID NO. 4718

STRAIN\_M781 frame: 1

YFLTTHKKGKELRKNAEKFYGEYKENPEEYHQIAKDKASEYSNLAVDTFKDYKGKFESGEL  
TTEDIVSAVKEKSGEVVDFANDFVNQAKSKFSDEDTAKKEDKAPETKVEDIVIDYKENTE  
DKEK

SEQ ID NO. 4719

STRAIN\_090 frame: 1

YFLTTHKKGKELRKNAEKFYGEYKENPEEYHQIAKDKASEYSNLAVDTFKDYKGKFESGEL  
TTEDIVSAVKEKSGEVVDFANDFVNQAKSKFSDEDTAKKEDKAPETKVEDIVIDYKENTE  
DKEK

SEQ ID NO. 4720

STRAIN\_CJB110 frame: 1

YFLTTHKKGKELRKNAEKFYGEYKENPEEYHQIAKDKASEYSNLAVDTFKDYKGKFESGEL  
TTEDIVSAVKEKSGEVVDFANDFVNQAKSKFSDEDTAKKEDKAPETKVEDIVIDYKENTE  
DKEK

SEQ ID NO. 4721

STRAIN\_1169NT frame: 1

YFLTTHKKGKELRKNAEKFYGEYKENPEEYHQIAKDKASEYSNLAVDTFKDYKGKFESGEL  
TTEDIVSAVKEKSGEVVDFANDFVNQAKSKFSDEDTAKKENKAPETKVEDIVIDYKENTE  
DKEK

SEQ ID NO. 4722

STRAIN\_JM9130013 frame: 1

YFLTTHKKGKELRKNAEKFYGEYKENPEEYHQIAKDKASEYSNLAVDTFKDYKGKFESGEL  
TTEDIVSAVKEKSGEVVDFANDFVNQAKSKFSDEDTAKKEDKAPETKVEDIVIDYKENTE  
DKEK

SEQ ID NO: 4801

STRAIN\_2603

aatagtactgagacaagtgccttcagtagttcctactacaaatactatcgt  
tcaaactaatgacagtaatcctaccgcaaaatttgatcagaatcaggac  
aatctgtaataggtaagtaaaaccagataattctgcggcgcttacaaca  
gttgacacgcctcatcatatttcagctccagatgctttaaaaacaactca  
atcaagtcctgtcgttgagagtacttctactaagttaactgaagagactt  
acaaacaaaaagatgggtcaagatttagccaacatgggtgagaagtggtcaa  
gttactagttaggaactcgttaatatggcatacgaatattattgctaaaga  
aaacccatctttaaataagcagtcattactactagacgccaagaagctattg  
aagaggctagaaaaacttaaaagataccaatcagccggttttaggtgttccc  
ttgttagtcaaggggttagggcacagatttaaaggtggtgaaaccaataa  
tggtctgatctatgcagatggaaaaattagcacatttgacagtagctatg  
tcaaaaaatataaagatttaggatttatttttaggacaaacgaacttt  
ccagagtatgggtggcgtaataaacagattctaaattataggtctaac  
gcataatccttgggtatcttgctcataatgctgggtggtccttctgggtgaa  
gtgcagcagccatttgctagcggaatgacgccaattgctagcggtagtgat  
gctgggtggttctatccgtattccatcttcttggacgggcttggtaggttt  
aaaaccaacaagaggattggtgagtaataaaagccagattcgatatagta  
cagcagttcattttccattaactaagtcattctagagacgcagaaacatta  
ttaacttatctaagaaaaagcgatcaaacgctagtagttagttaatgatt  
aaaatctttaccaattgcttatactttgaaatcaccaatgggaacagaag  
tagtcaagatgctaaaaacgctattatggacaacgtcacattcttaaga  
aaacaaggattcaaagtaacagagatagacttaccatttaggttagagc



## SEQUENCE LISTING

attaatgcgtgattattcaaccttggctattggcatgggaggagcttttt  
caacaattgaaaaagacttaaaaaaacatgggttttactaaagaagacgtt  
gatcctattacttgggcagttcatgttatttatcaaaattcagataaggc  
tgaacttaagaaatctattatggaagcccaaaacatatggatgattatc  
gtaaggcaatggagaagcttcacaagcaatcttctattttcttatcgcca  
acgaccgcaagtttagccctctaaatacacagatccatatgtaacagagga  
agataaaagagcgatttataatatggaaaacttgagccaagaagaagaa  
ttgctctctttaatcgccagtgaggcctatgttgctagaacacctttt  
acacaaattgctaatatgacaggactcccagctatcagtatcccgactta  
cttatctgagtcgtgtttaccatagggacgatgttaatggcaggtgcaa  
actatgatattggtatttaatttaatttgcaactttctttgaaaaacatcat  
ggttttaatgttaaatggcaagaataatagataaagaagtgaaccatc  
tactggcctaatacagcctactaactccctctttaagctcattcatcat  
tagtaaattagaagaaaattcacaagttactcaagtatctatctctaaa  
aatggatgaaatcgctctgtttaaaaaataaacatccgtaatggcatatca  
aaaagca

SEQ ID NO: 4802

STRAIN 090

AATAGTACTGAGACAAGTGCTTCAGTAGTTCCTACTACAA  
ATACTATCGTTCAAAC TAATGACAGTAATCCTACCGCAAAATTTGTATCA  
GAATCAGGACAATCTGTAATAGGTCAAGTAAAACAGATAATTCTGCGGC  
GCTTACAACAGTTGACACGCCTCATCATATTTAGCTCCAGATGCTTTAA  
AAACAAC TAATCAAGTCTGTGCTTGAGAGTACTTCTACTAAGTTAACT  
GAAGAGACTTACAAACAAAAGATGGTAAAGATTTAGCCAACATGGTGAG  
AAGTGGTCAAGTTACTAGTGAGGAACCTGTTAATATGGCATAACGATATTA  
TTGCTAAAGAAAACCCATCTTTAAATGCAGTCATTACTACTAGACGCCAA  
GAAGCTATTGAAGAGGCTAGAAAACCTTAAAGATACCAATCAGCCGTTT  
AGGTGTTCCCTTGTTAGTCAAGGGGTAGGGCACAGTATTAAAGGTGGTG  
AAACCAATAATGGCTTGATCTATGCAGATGGAAAAATTAGCACATTTGAC  
AGTAGCTATGTCAAAAAATATAAAGATTTAGGATTTATTATTTAGGACA  
AACGAAC TTTCCAGAGTATGGGTGGCGTAATATAACAGATTCTAAATTAT  
ACGGTCTAACGCAATAATCCTTGGGATCTTGCTCATAATGCTGGTGGCTCT  
TCTGGTGAAGTGCAGCAGCCATTGCTAGCGGAATGACGCCAATTGCTAG  
CGGTAGTGATGCTGGTGGTTCTATCCGTATTCCATCTTCTTGACGGGCT  
TGGTAGGTTTAAACCAACAAGAGGATGGTGAGTAATGAAAAGCCAGAT  
TCGTATAGTACAGCAGTTCAATTTCCATTAAGTCATCTAGAGACGC  
AGAAACATTATTAACTTATCTAAAGAAAAGCGATCAAACGCTAGTATCAG  
TTAATGATTTAAATCTTTACCAATTGCTTATAC TTTGAAATCACCAATG  
GGAACAGAAGTTAGTCAAGATGCTAAAAACGCTATTATGGACAACGTCAC  
ATTCTTAAAGAAAACAAGGATTCAAAGTAACAGAGATAGACTTACCAATTG  
ATGGTAGAGCATTAATGCGTGATTATCAACCTTGGCTATTGGCATGGGA  
GGAGCTTTTCAACAATTGAAAAAGACTTAAAAAACATGGTTTTACTAA  
AGAAGACGTTGATCTTATTACTTGGGCAGTTTATGTTATTTATCAAATT  
CAGATAAGGCTGAAC TTAAGAAATCTATTATGGAAGCCCAAAACATATG  
GATGATTATCGTAAGGCAATGGAGAAGCTTCACAAGCAATTTCTATTTT  
CTTATCGCCAACGACCGCAAGTTTAGCCCTCTAAATACAGATCCATATG  
TAACAGAGGAAGATAAAAGAGCGATTATAATATGGAAAACTTGAGCCAA  
GAAGAAAGAATTGCTCTCTTTAATCGCCAGTGGGAGCCTATGTTGCGTAG  
AACACCTTTTACACAATTTGCTAATATGACAGGACTCCCAGCTATCAGTA  
TCCCGACTTACTTATCTGAGTCTGGTTTACCCATAGGGACGATGTTAATG  
GCAGGTGCAAACTATGATATGGTATTAATTAAATTTGCAACTTTCTTTGA  
AAAACATCATGGTTTTAATGTTAAATGGCAAAGAATAATAGATAAAGAAG  
TGAAACCATCTACTGGCCTAATACAGCCTACTAACTCCCTCTTTAAAGCT  
CATTCATCATTAGTAAATTTAGAAGAAAATTCACAAGTTACTCAAGTATC  
TATCTCTAAAAAATGGATGAAATCGTCTGTTAAAAATAAACATCCGTAA  
TGGCATATCAAAAAGCA

SEQ ID NO: 4803

STRAIN A909

TACTACAAATACTATCGTTCAAAC TAATGACAGTAATCCTACCGCAAAAT  
TTGTATCAGAATCAGGACAATCTGTAATAGGTCAAGTAAAACAGATAAT  
TCTGCGGCGCTTACAACAGTTGACACGCCTCATCATATTTAGCTCCAGA  
TGCTTTAAAAACAAC TAATCAAGTCTGTGCTTGAGAGTACTTCTACTA

## SEQUENCE LISTING

AGTTAACTGAAGAGACTTACAAACAAAAGATGGTCAAGATTTAGCCAAC  
 ATGGTGAGAAGTGGTCAAGTTACTAGTGAGGAACCTCGTTAATATGGCATA  
 CGATATTATTGCTAAAGAAAACCCATCTTTAAATGCAGTCATTACTACTA  
 GACGCCAAGAAGCTATTGAAGAGGCTAGAAAACCTTAAAGATACCAATCAG  
 CCGTTTTTAGGTGTTCCCTTGTAGTCAAGGGGTAGGGGCACAGTATTAA  
 AGGTGGTGAACCAATAATGGCTTGATCTATGCAGATGAAAAATTAGCA  
 CATTTGACAGTAGCTATGTCAAAAAATATAAGATTTAGGATTTATTATT  
 TTAGGACAAACGAACCTTTCCAGAGTATGGGTGGCGTAATATAACAGATTC  
 TAAATTATACGGTCTAACGCATAATCCTTGGGATCTTGCTCATAATGCTG  
 GTGGCTCTTCTGGTGAAGTGCAGCAGCCATTGCTAGCGGAATGACGCCA  
 ATTGCTAGCGGTAGTGTATGCTGGTGGTTCTATCCGTATTCCATCTTCTTG  
 GACGGGCTTGGTAGGTTTAAACCAACAAGAGGATTGGTGAGTAATGAAA  
 AGCCAGATTTCGTATAGTACAGCAGTTCATTTCCATTAACTAAGTCATCT  
 AGAGACGCAGAAACATTATTAACTTATCTAAAGAAAAGCGATCAAACGCT  
 AGTATCAGTTAATGATTTAAATCTTTACCAATTGCTTATACTTTGAAAT  
 CACCAATGGGAACAGAAAGTTAGTCAAGATGCTAAAAACGCTATTATGGAC  
 AACGTCACaTTCTTAAGAAAACAAGGATTCAAAGTAACAGAGATAGACTT  
 ACCAATTGATGGTAGAGCATTAAATGCGTGATATTCAACCTTGGCTATTG  
 GCATGGGAGGAGCTTTTTCAACAATTGAAAAAGACTTAAAAAACATGGT  
 TTTACTAAAGAAGACGTTGATCCTTACTTGGGCAGTTCATGTTATTTA  
 TCAAAATTCAGATAAGGCTGAACCTTAAGAAATCTATTATGGAAGCCCAA  
 AACATATGGATGATTATCGTAAGGCAATGGAGAAGCTTCACAAGCAATTT  
 CCTATTTTCTTATCGCCAACGACCGCAAGTTAGCCCCCTCTAAATACAGA  
 TCCATATGTaACAGAGGAAGATAAAAGAGCGATTATAATATGGAAAACCT  
 TGAGCCAAGAAGAAAAGAAATTTGCTCTCTTTAATCGCCAGTGGGAGCCTATG  
 TTGCGTAGAACACCTTTTACACAAATTGCTAATATGACAGGACTCCCAGC  
 TATCAGTATCCCGACTTACTTATCTGAGTCTGGTTTACCCATAGGGACGA  
 TGTTAATGGCAGGTGCAACCTATGATATGGTATTAATTAATTTGCAACT  
 TTCTTTGAAAAACATCATGGTTTAAATGTTAAATGGCAAAGAATAATAGA  
 TAAAGAAGTGAACCATCTACTGGCCTAATACAGCCTACTAACTCCCTCT  
 TTAAAGCTCATTCATCATTAGTAAATTTAGAAGAAAATTCACAAGTTACT  
 CAAGTATCTATCTCTAAAAAATGGATGAAATCGTCTGTTAAAAATAAAC  
 ATCCGTAATGGCATATCAAAAAGCA

SEQ ID NO: 4804

STRAIN COH1

AATAGTACTGAGACAAGTGCTTCAGTAGCTCCTACTACAAAT  
 ACTATCGTTCAAACATAATGACAGTAATCCTACCGCAAAATTTGCATCAGA  
 ATCAGGACAATCTGTAATAGGTCAAGTAAACACAGCTAATTCTGCGGCGC  
 TTACAACAGTTGACACGCCCTCATATTTAGCTCCAGATGCTTTAAAAACA  
 ACTCAATCAAGTCTGTGCTGAGAGTCTTCTACTAAGTTAACTGAAGA  
 GACATACAAACAAAAGATGGTCAAGATTTAGCCAACATGGTGAGAAGTG  
 GTCAGTTTACTAGTGAGGAACTCGTCAATATGGCATAACGATATTATCGCT  
 AAAGAAAACCCATCTTTAAATGCAGTCATTACTACTAGACGCCAAGAAGC  
 CATTGAAGAGGCTAGAAAACCTTAAAGATACTAATCAGCCGTTTTTAGGTG  
 TTCCcTTGTTAGTCAAGGGGTAGGGGCACAGTATTAAAGGTGGTGAACCC  
 AATAATGGCTTGATCTATGCAGATGAAAAATTAGCACATTGACAGTAG  
 CTATGTCAAAAAATATAAGATTTAGGATTTATTATTTTAGGACAAACGA  
 ATTTTCCAGAGTATGGGTGGCGTAATATAACAGACTCTAAATTATACGGT  
 CCAACGCATAATCCTTGGAACTCTTGCTCATAACGCTGGTGGCTCTTCTGG  
 TGAAGTGCAGCAGCTATTGCTAGCGGAATGACGCCAATTGCTAGCGGCA  
 GTGATGCTGGTGGTTCTATCCGTATTCCATCTTCTTGACGGGCTTAGTA  
 GGTTTAAACCAACAAGAGGATTGGTGAGTAATGAAAAGCCAGATTTCGTA  
 TAGTACAGCAGTTCATTTTCCATTAACTAAGTCATCTAGAGACGCAGAAA  
 CATTGTTAACTTACCTAAAGAAAAGCGATCAAACGCTAGTATCAGTTAAT  
 GATTTAAATCTTTACCAATTGCTTATACTTTGAAATCACCAATGGGAAC  
 AGAAGTTAGTCAAGATGCTAAAAATGCTATTATGGACAACGTCACATTCT  
 TAAGAAAACAAGGATTCAAAGTGACAGAGATAGATTtACCAATTGATGGT  
 AGAGCATTAAATGCGTGATTATTCAACCTTGGCTATTGGCATGGGAGGAGC  
 TTTTTCAACAATTGAAAAAGACTTAAAAAACATGGTTTTTACTAAAGAAG  
 ACGTTGATCCCATCTTACTTGGGCAGTTCATGTTATTTATCAAATTCAGAT  
 AAGGCTGAACCTTAAGAAATCTATTGTGGAAGCCCCAAAACATATGGATGA  
 TTATCGTAAGGCAATGGAGAAGCTTCACAAGCAATTTCTATTTTCTTAT  
 CGCCAACGACCGCAAGTTTAGCCCCCTCTAAATACAGATCCATATGTAACA

## SEQUENCE LISTING

GAGAAAGATAAAAGAGCGATTTATAATATGGAAAACCTTGAGCCAAGAAGA  
AAGAATTGCTCTCTTTAATCGCCAGTGGGAGCCTATGTTGCGTAGAACAC  
CTTTTACACCAATTGCTAATATGACAGGACTCCCAGCTATCAGTATCCCG  
ACTTACTTATCTGAGTCTGGTTTACCCATAGGGACGATGTTAATGGCAGG  
TGCAAACTATGATATGGTATTAAATTAAATTTGCAACTTCTTTGAAAAAC  
ATCATGGTTTTAATGTTAAATGGCAAAGAATAATAGATAAAGAAGTGAAA  
CCATCTGCTGACCTAATACAGCCTACTAACTCCCTCTTTAAAGCTCATTC  
ATCATTAGTAAATTTAGAAGAAAATTCACAAGTTACTCAAGTATCTATCT  
CTAAAAATGGATGAAATCGTCTGTTAAAAATAAACCATCCGTAATGGCA  
TATCAAAAAGCA

SEQ ID NO: 4805

STRAIN M732

TCAGTAGCTCCTACTACAAATACTATCGTTCAACTAATGACAGTAATCC  
TACCGCAAAATTTGCTACAGAAATCAGGACAATCTGTAATAGGTCAAGTAA  
AACCAGCTAATTCTGCGGCGCTTACAACAGTTGACACGCCTCATATTTCA  
GCTCCAGATGCTTTAAAAACAACCTCAATCAAGTCCTGTCGTTGAGAGTCC  
TTCTACTAAGTTAACTGAAGAGACATACAAACAAAAAGATGGTCAAGATT  
TAGCCAACATGGTGAGAAGTGGTCAAGTTACTAGTGAGGAACCTCGTCAAT  
ATGGCATAAGATATTATCGCTAAAGAAAACCCATCTTTAAATGCAGTCAT  
TACTACTAGACGCCAAGAAGCCATTGAAGAGGCTAGAAAACTTAAAGATA  
CTAATCAGCCGTTTTTAGGTGTTCCCTTGTTAGTCAAGGGGTTAGGGCAC  
AGTATTAAAGGTGGTGAAACCAATAATGGCTTGATCTATGCAGATGGAAA  
AATTAGCACATTTGACAGTAGCTATGTCAAAAAATATAAAGATTTAGGAT  
TTATTATTTTAGGACAAACGAATTTCCAGAGTATGGGTGGCGTAATATA  
ACAGACTCTAAATTATACGGTCAACGCATAATCCTTGGGATCTTGCTCA  
TAACGCTGGTGGCTCTTCTGGTGGAAGTGCAGCAGCTATTGCTAGCGGAA  
TGACGCCAATTGCTAGCGGCAGTGATGCTGGTGGTTCTATCCGTATTCCA  
TCTTCTTGGACGGGCTTAGTAGGTTTAAACCAACAAGAGGATTGGTGAG  
TAATGAAAAGCCAGATTCTGTATAGTACAGCAGTTCATTTCCATTAACTA  
AGTCATCTAGAGACGCAGAAACATTGTTAACTTACCTAAAGAAAAGCGAT  
CAAACGCTAGTATCAGTTAATGATTTAAATCTTTACCAATTGCTTATAC  
TTTGAAATCACCATTGGGAACAGAGTTAGTCAAGATGCTAAAAATGCTA  
TTATGGACAACGTCACATTCTTAAGAAAACAAGGATTCAAAGTGACAGAG  
ATAGATTTACCAATTGATGGTAGAGCATTAAATGCGTGATTATTCAACCTT  
GGCTATTGGCATGGGAGGAGCTTTTCAACAATTGAAAAAGACTTAAAAA  
AACATGGTTTTTACTAAAGAAGACGTTGATCCCATTACTTGGGCAGTTCAT  
GTTATTTATCAAAATTCAGATAAGGCTGAACCTTAAGAAATCTATTGTGGA  
AGCCAAAAACATATGGATGATTATCGTAAGGCAATGGAGAAGCTTCACA  
AGCAATTTCTATTTCTTATCGCCAACGACCGCAAGTTTAGCCCCCTCTA  
AATACAGATCCATATGTTACAGAGAAAGATAAAAGAGCGATTATTAATAT  
GGAAAACCTTGAGCCAAGAAGAAAGAAATGCTCTCTTTAATCGCCAGTGGG  
AGCCTATGTTGCGTAGAACACCTTTTACACCAATTGCTAATATGACAGGA  
CTCCAGCTATCAGTATCCCGACTTACTTATCTGAGTCTGGTTTACCCAT  
AGGGACGATGTTAATGGCAGGTGCAAACTATGATATGGTATTAAATTAAT  
TTGCAACTTTCTTTGAAAAACATCATGGTTTTAATGTTAAATGGCAAAGA  
ATAATAGATAAAGAAGTGAAACCATCTGCTGACCTAATACAGCCTACTAA  
CTCCCTCTTTAAAGCTCATTATCATTAGTAAATTTAGAAGAAAATTCAC  
AAGTTACTCAAGTATCTATCTTAAAAATGGATGAAATCGTCTGTAA  
AATAAACCATCCGTAATGGCATATCAAAAAGCA

SEQ ID NO: 4806

STRAIN 18RS21

AATAGTACTGAGACAAGTGCTTCAGTAGTTCCTACTACAAATACTATCGT  
TCAAACTAATGACAGTAATCCTACCGCAAAATTTGTATCAGAATCAGGAC  
AATCTGTAATAGGTCAAGTAAACAGATAAATCTGCGGCGCTTACAACA  
GTTGACACGCCTCATCATATTTAGCTCCAGATGCTTTAAAAACAACCTCA  
ATCAAGTCTGTGCTTGAAGTACTTCTACTAAGTTAACTGAAGAGACTT  
ACAAACAAAAGATGGTCAAGATTTAGCCAACATGGTGAGAAGTGGTCAA  
GTTACTAGTGAGGAACCTGTTAATATGGCATACGATATTATTGCTAAAGA  
AAACCCATCTTTAAATGCAGTCATTACTACTAGACGCCAAGAAGCTATTG  
AAGAGGCTAGAAAACCTTAAAGATACCAATCAGCCGTTTTTAGGTGTTCCC  
TTGTTAGTCAAGGGGTTAGGGCACAGTATTAAAGGTGGTGAAACCAATA  
TGCTTGATCTATGCAGATGGAAAAATAGCACATTTGACAGTAGCTATG

## SEQUENCE LISTING

TCAAAAATATAAAGATTTAGGATTTATTATTTTAGGACAAACGAACTTT  
 CCAGAGTATGGGTGGCGTAATATAACAGATTCTAAATTATACGGTCTAAC  
 GCATAATCCTTGGGATCTTGCTCATAATGCTGGTGGCTCTTCTGGTGGAA  
 GTGCAGCAGCCATTGCTAGCGGAATGACGCCAATTGCTAGCGGTAGTGAT  
 GCTGGTGGTCTATCCGTATTCCATCTTCTTGGACGGGCTTGGTAGGTTT  
 AAAACCAACAAGAGGATTGGTGAGTAATGAAAAGCCAGATTTCGTATAGTA  
 CAGCAGTTTCAATTTCCATTAACTAAGTCATCTAGAGACGCAGAAACATTA  
 TTAATCTATCTAAAGAAAAGCGATCAAACGCTAGTATCAGTTAATGATTT  
 AAAATCTTTACCAATTGCTTATACTTTGAAATCACCATGGGAACAGAAG  
 TTAGTCAAGATGCTAAAAACGCTATTATGGACAACGTCACATTCTTAAGA  
 AAACAAGGATTCAAAGTAACAGAGATAGACTTACCAATTGATGGTAGAGC  
 ATTAATGCGTGATTATCAACCTTGGCTATTGGCATGGGAGGAGCTTTT  
 CAACAATTGAAAAAGACTTAAAAAACATGGTTTTACTAAAGAAGACGTT  
 GATCCTATTACTTGGGCAGTTCATGTTATTTATCAAAATTGAGATAAGGC  
 TGAACCTTAAGAAATCTATTATGGGAAGCCCAAAACATATGGATGATTATC  
 GTAAGGCAATGGAGAAGCTTCACAAGCAATTTCTTATTTCTTATCGCCA  
 ACGACCGCAAGTTTAGCCCCCTCTAAATACAGATCCATATGTAACAGAGGA  
 AGATAAAAAGAGCGATTTATAATATGGAAAACCTTGAGCCAAGAAGAAAGAA  
 TTGCTCTCTTTAATCGCCAGTGGGAGCCTATGTTGCGTAGAACACCTTTT  
 ACACAAATTGCTAATATGACAGGACTCCAGCTATCAGATCCCGACTTA  
 CTTATCTGAGTCTGGTTTACCCATAGGGACGATGTTAATGGCAGGTGCAA  
 ACTATGATATGGTATTAATTAATTTGCAACTTTCTTTGAAAAACATCAT  
 GGTTTTAATGTTAAATGGCAAAGAATAATAGATAAAGAAGTGAAACCATC  
 TACTGGCCTAATACAGCCTACTAACTCCCTCTTTAAAGCTCATTTCATCAT  
 TAGTAAATTTAGAAGAAAATTCACAAGTTACTCAAGTATCTATCTCTAAA  
 AAATGGATGAAATCGTCTGTTAAAAATAAACCATCCGTAATGGCATATCA  
 AAAAGCA

SEQ ID NO: 4807

STRAIN M781

TGCTTCAGTAGCTCCTACTACAAATACTATCGTTCAAACATGACAGTA  
 ATCTTACCGCAAAATTTGCATCAGAATCAGGACAATCTGTAATAGGTCAA  
 GTAAAACAGCTAATTCTGCGGCGCTTACAACAGTTGACACGCCCTCATAT  
 TTCAGCTCCAGATGCTTTAAAAACAACCTCAATCAAGTCCTGTCTGTTGAGA  
 GTCCTTCTACTAAGTTAACTGAAGAGACATACAAAACAAAAGATGGTCAA  
 GATTTAGCCAACATGGTGAGAAAGTGGTCAAGTTACTAGTGAGGAACCTCGT  
 CAATATGGCATAACGATATTATCGCTAAAGAAAACCCATCTTTAAATGCAG  
 TCATTACTACTAGACGCCAAGAACCCATTGAAGAGGCTAGAAAACCTTAAA  
 GATACTAATCAGCCGTTTTTAGGTGTTCCCTTGTAGTCAAGGGGTTAGG  
 GCACAGTATTAAAGGTGGTGAAACCAATAATGGCTTGATCTATGCAGATG  
 GAAAAATTAGCACATTTGACAGTAGCTATGTCAAAAAATATAAAGATTTA  
 GGATTTATTATTATTAGGACAAACGaATTTTCCAGAGTATGGGTGGCGTAA  
 TATAACAGACTCTAAATTATACGGTCCAACGCATAATCCTTGGAaTCTTG  
 CTCATAACGCTGGTGGCTCTTCTGGTGGAGTGCAGCAGCTATGCTAGC  
 GGAATGACGCCAATTGCTAGCGGCAGTGATGCTGGTGGTTCTATCCGTAT  
 TCCATCTTCTTGGACGGGCTTAGTAGGTTTAAACCAACAAGAGGATTGG  
 TGAGTAATGAAAAGCCAGATTTCGTATAGTACAGCAGTTCAATTTCCATTA  
 ACTAAGTCATCTAGAGACGCAGAAACATTGTTAACTTACCTAAAGAAAAG  
 CGATCAAACGCTAGTATCAGTTAATGATTTAAaTCTTTACCAATTGCTT  
 ATACTTTGAAATCACCATGGGAACAGAAgTTAGTCAAGATGCTAAAAAT  
 GCTATTATGGACAACGTCACATTCTTAAGAGAACAAGGATTCAAAGTGAC  
 AGAGATAGATTTACCAATTGATGGTAGAGCATTAATGCGTGATTATTCAA  
 CCTTGGCTATTGGCATGGGAGGAGCTTTTTCAACAATTGAAAAAGACTTA  
 AAAAAACATGGTTTTACTAAAGAAGACGTTGATCCCATTAATTGGGCAGT  
 TCATGTTATTTATCAAAATTGAGATAAGGCTGAACTTAAGAAATCTATTG  
 TGAAGCCCAAAACATATGGATGATTATCGTAAGGCAATGGAGAAGCTT  
 CACAAGCAATTTCTATTTCTTATCGCCAACGACCGCAAGTTTAGCCCC  
 TCTAAATACAGATCCATATGTAACAGaGaAAGATAAAAGAGCGATTATA  
 ATATGGAAAACCTTGAGCCAAGAAAGAAAGAAATGCTCTCTTTAATCGCCAG  
 TGGGAGCCTATGTTGCGTAGAACACCTTTTACACCAATTGCTAATATGAC  
 AGGACTCCAGCTATCAGTATCCGACTTACTTATCTGAGTCTGGTTTAC  
 CCATAGGGACGATGTTAATGGCAGGTGCAAACTATGATATGGTATTAAAT  
 AAATTTGCAACTTTCTTTGAAAAACATCATGGTTTTAATGTTAAATGGCA  
 AAGAATAATAGATAAAGAAGTGAAACCATCTGCTGACCTAATACAGCCTA

## SEQUENCE LISTING

CTAACTCCCTCTTTAAAGCTCATTATCATATTAGTAAATTTAGAAGAAAAT  
TCACAAGTTACTCAAGTATCTATCTCTAAAAAATGGATGAAATCGTCTGT  
TAAAAATAAACCATCCGTAATGGCATATCAAAAAGCA

SEQ ID NO: 4810

STRAIN CJB110

TAGTTCCTACTACAAATACTATCGTTCAACTAATGACAGTAATCCTACC  
GCAAAATTTGTATCAGAATCAGGACAATCTGTAATAGGTCAAGTAAACC  
AGATAATTCTGCGGCGCTTACAACAGTTGACACGCCCTCATCATATTTAG  
CTCCAGATGCTTTAAAAACAACCTCAATCAAGTCCTGTCGTTGAGAGTACT  
TCTACTAAGTTAACTGAAGAGACTTACAAACAAAAAGATGGTAAAGATTT  
AGCCAAACATGGTGAGAAGTGGTCAAGTTACTAGTGAGGAACTCGTTAATA  
TGGCATACGATATATTGCTAAAGAAAACCCATCTTAAATGCAGTCATT  
ACTACTAGACGCCAAGAAGCTATTGAAGAGGCTAGAAAACTTAAAGATAC  
CAATCAGCCGTTTTTAGGTGTTCCCTTGTAGTCAAGGGGTTAGGGCACA  
GTATTAAAGGTGGTGAAACCAATAATGGCTTGATCTATGCAGATGGAAAA  
ATTAGCACATTTGACAGTAGCTATGTCAAAAAATATAAAGATTTAGGATT  
TATTATTTTAGGACAAACGAACCTTCCAGAGTATGGGTGGCGTAATATAA  
CAGATTCTAAATTATACGGTCTAACGCATAATCCTTGGGATCTTGCTCAT  
AATGCTGGTGGCTCTTCTGGTGGAAAGTGCAGCAGCCATTGCTAGCGGAAT  
GACGCCAATTGCTAGCGGTAGTGATGCTGGTGGTCTATCCGTATTCCAT  
CTTCTTGGACGGGCTTGGTAGGTTTAAACCAACAAGAGGATTGGTGAGT  
CATGAAAAGCCAGATTTCGTATAGTACAGCAGTTCAATTTCCATTAACTAA  
GTCATCTAGAGACGCAGAAACATTATTAAGTATCTAAAGAAAAGCGATC  
AAACGCTAGTATCAGTTAATGATTTAAATCTTTACCAATTGCTTATACT  
TTGAAATCACCAATGGGAACAGAAGTTAGTCAAGATGCTAAAAACGCTAT  
TATGGACAACGTCACATTCTTAAGAAAACAAGGATTCAAAGTAACAGAGA  
TAGACTTACCAATTGATGGTAGAGCATTAAATGCGTGATTATTCACCTTG  
GCTATTGGCATGGGAGGAGCTTTTTCAACaATTGAAAAAGAcTTaAAAA  
AcATGGTTTTACTAAAGAAGACGTTGATCCTATTACTTGGGCAGTTCATG  
TTATTTATCAAAATTAGATAAGGCTGAACCTAAGAAATCTATTATGGAA  
GCCCCAAAACATATGGATGATTATCGTAAGGCAATGGAGAAGCTTCACAA  
GCAATTTCTATTCTTATCGCCAACGACCGCAAGTTTAGCCCCCTCTAA  
ATACAGATCCATATGTAACAGAGGAAGATAAAAGAGCGATTTATAATATG  
GAAACTTGAGCCAAGAAGAAAGAATTGCTCTCTTTAATCGCCAGTGGGA  
GCCTATGTTGCGTAGAACACCTTTTACACAAATTGCTAATATGACAGGAC  
TCCCAGCTATCAGTATCCCGACTTACTTATCTGAGTCTGGTTTACCCATA  
gGGACgATGTTAATGGCAGGTGCAAACTATGATATGGTATTAATTAAATT  
TGCAACTTTCTTTGAAAAACATCATGGTTTTAATGTTAAATGGCAAGAA  
TAATAGATAAAGAAGTGAAACCATCTACTGGCCTAATACAGCCTACTAAC  
TCCCTCTTTAAAGCTCATTCATCATTAGTAAATTTAGAAGAAAATTCACA  
AGTTACTCAAGTATCTATCTCTAAAAAATGGATGAAATCGTCTGTTAAAA  
ATAAACCATCCGTAATGGCATATCAAAAAGCA

SEQ ID NO: 4811

STRAIN 1169NT

AATAGTACTGAGACAAGTGCTTCAGTAGCTCCTACTACAAATACTATCGT  
TCAAACTAATGACAGTAATCCTACCGCAAAATTTGCATCAGAATCAGGAC  
AATCTGTAATATGTCAAGTAAAACAGATAATTCTGCGGCGCTTACAACA  
GTTGACACGCCCTCATATTTAGCTCCAGATGATTTAAAAACAACCTCAATC  
AAGTCCTGTCGTTGAGAGTACTTCTACTAAGTTAACTGAAGAGACATACA  
AACAAAAAGATGGTCAAGATTTAGCCAACATGGTGAGAAGTGGTCAAGTT  
ACTAGTGAGGAACCTCGTCAATATGGCATACGATATTATTGCTAAAGAAAA  
CCCTTCTTTAAATGCAGTCATTACTACTAGACGCCAAGAAGCCATTGAAG  
AGGCTAGAAAACTTAAAGATACTAATCAGCCATTTTtagGTGTTCCCTTG  
TAGTCAAGGGGTTAGGGCAGTATTAAAGGTGGTGAACCAATAATGG  
CTTGATCTATGCAGATGGAAAAATtAGCACATTTGACAGTAGCTATGTCA  
AAAAATATAAAGATTTAGGATTTATTATTTTAGGACAAACGAACCTTTCCA  
GAGTATGGGTGGCGTAATATAACAGATTCTAAATTATACGGTCCAACGCA  
TAACCTCGGAATCTTGCTCATAATGCTGGTGGCTCTTCTGGTGGAAAGTG  
CAGACCCATTGCTAGCGGATGACGCCAATTGCTAGCGGTAGTGATGCT  
GGTGGTTCTATCCGtATTCCATCTTCTTGGACGGGCTTGGTAGGTTTAAA  
ACCAACAAGAGGATTGGTGAGTAATGAAAAGCCAGATTGCTATAGTACAG  
CAGTTCATTTTCATTAACTAAGTCATCTAGAGACGCAGAAACATTATTA

## SEQUENCE LISTING

ACTTATCTAAAGAAAAGCGATCAAACGCTAGTATCAGTTAATGATTTAAA  
 ATCTTTACCAATTGCTTATACTTTGAAATCACCAATGGGAACAGAAGTTA  
 GTCAAGATGCTAAAAACGCTATTATGGACAACGTCACATTCTTAAGAAA  
 CAAGGATTCAAAGTAACAGAGATAGACTTACCAATTGATGGTAGAGCATT  
 AATGCGTGATTATTCAACCTTGCTATTGGCATGGGAGGAGCTTTTCAA  
 CAATTGAAAAAGACTTAAAAAACATGGTTTTACTAAAGAAGACGTTGAT  
 CCTATTACTTTGGGCAGTTTCATGTTATTTATCAAATTCAGATAAGGCTGA  
 ACTTAAGAAATCTATTATGGAAGCCCAAAAACATATGGATGATTATCGTA  
 AGGCAATGGAGAAGCTTCACAAGCAATTTCTTATTTCTTATCGCCAACG  
 ACCGCAAGTTTAGCCCCCTCTAAATACAGATCCATATGTAACAGAGGAAGA  
 TAAAAGAGCGATTATAATATGGAAGAACTTGAGCCAAGAAGAAAGATTG  
 CTCTCTTTAATCGCCAGTGGGAGCCTATGTTGCGTAGAACACCTTTTACA  
 CAAATTGCTAATATGACAGGACTCCAGCTATCAGTATCCCGACTTACTT  
 ATCTGAGTCTGGTTTACCCATAGGGACGATGTTAATGGCAGGTGCAAACT  
 ATGATATGGTATTAATTAATTTGCAACTTTCTTTGAAAAACATCATGGT  
 TTTAATGTTAAATGGCAAGAATAATAGATAAAGAAGTGAACCATCTAC  
 TGGCCTAATACAGCCTACTAACTCCCTCTTTAAAGCTCATTATCATTAG  
 TAAATTTAGAAGAAATTCACAAGTTACTCAAGTATCTATCTCTAAAAAA  
 TGGATGAAATCGTCTGTTAAAAATAAACCATCCGTAATGGCATATCAAAA  
 AGCA

SEQ ID NO: 4812

STRAIN JM9130013

TTCACTAGCTCCTACTACAAATACTATCGTTCAAACCTAATGACAGTAATC  
 CTACCGCAAAATTTTCATCAGAATCAGGACAATCTGTAATAGGTCAAGTA  
 AAACCAGCTAATTCTGTGGCGCTTACAACAGTTGACACGCCTCATATTTT  
 AGCTCCAGATGCTTTAAAAACAACCTCAATCAAGTCCTGTCTGAGAGTC  
 CTTCTACTAAGTTAACTGAAGAGACATACAAACAAAAGATGGTCAAGAG  
 TTAGCCAACATGGTGAGAAGTGGTCAAGTTACTAGTGAGGAACCTCGTCAA  
 TATGGCATACGATATTATTGCTAAAGAAAACCCATCTTTAAATGCAGTCA  
 TTACTACTAGACGCCAAGAAGCTATTGAAGAGGCTAGAAAACCTTAAAGAT  
 ACCAATCAGCCGTTTTTAGGTGTTCCCTTGTTAGTCAAGGGGTTAGGGCA  
 CAGTATTAAAGGTGGTGAAACCAATAATGGCTTGATCTATGCAGGTGGAA  
 AAATTAGCACATTGTGACAGTAGCTATGTCAAAAAATATAAGATTTAGGA  
 TTTATTATTTTAGGACAAACGAACCTTCCAGAGTATGGATGGCGCAATAT  
 AACAGATTCTAAATTATACGGTCCAACGCATAACCCCTGGAATCTTGCTC  
 ATAATGCTGGTGGCTCTTCTGGTGGAGTGACAGCAGTTATTGCTAGCGGG  
 ATGACGCCAATTGCTAGCGGTAGTGATGCTGGTGGTTCTATCCGTATTCC  
 ATCTTCTTGGACGGGCTTGGTAGGTTTAAACCAACAAGAGGATTGGTGA  
 GTAATGAAAAGCCAGATTTCGTATAGTACAGCAGTTTCTTTCCATTAACT  
 AAGTCATCTAGAGACGCAGAAACATTATTAACCTTATCTAAAGAAAAGCGA  
 TCAAACGCTAGTATCAGTTAATGATTAAAAATCTTTACCAATTGCTTATA  
 CTTTGAATCACCATTGGGAACAGAAGTTAGTCAAGATGCTAAAAATGCT  
 ATTATGGACAACGTCATATTCTTAAGAAAACAAGGATTCAAAGTGACAGA  
 GATAGACTTACCAATTGATGGTAGAGCATTAAATGCGTGATTATTCAACCT  
 TGGCTATTGGTATGGGAGGAGCTTTTCAACAATTGAAAAGACTTAAAA  
 AAACATGGTTTTACTAAAGAAGACGTTGATCCCATTACTTGGGGAGTTCA  
 TGTTATTTATCAAAATTCAGATAAGGCTGAACTTAAGAAATCTATTATGG  
 AAGCCCAAAAACATATGGATGATTATCGTAAGGCAATGGAGAAGCTTCAC  
 AAGCAATTTCTATTTTCTTATCGCCACGACCGCAAGTTTAGCCCTCT  
 AAATACAGATCCATATGTAACAGAGGAAGATAAAAGAGCGATTATAATA  
 TGGAAAACCTTGAGCCAAGAAGAAGAAATGCTCTCTTTAATCGCCAGTGG  
 GAGCCTATGTTGCGTAGAACACCTTTTACACAAATGCTAATATGACAGG  
 ACTCCAGCTATCAGTATCCGACTTACTTATCTGAGTCTGGTTTACCCA  
 TAGGGACGATGTTAATGGCAGGTGCAAACTATGATATGGTATTAATAAA  
 TTTGCAACTTTCTTTGAAAAATATCATGGTTTTAATGTTAAATGGCAAAG  
 AATAATAGATAAAGAAGTGAACCATCTACTGGCCTAATACAGCCTACTA  
 ACTCCCTCTTTAAAGCTCATTATCATTAGTAAATTTAGAAGAAAATTCA  
 CAAGTTACTCAAGTATCTATCTCTAAAAATGGATGAAATCGTCTGTTAA  
 AAATAAACCATCCGTAATGGCATAT

SEQ ID NO: 4813

STRAIN H36B

CTTCAGTAGTTTCTACTACAAATACTATCGTTCAAACCTAATGACAGTAAT

## SEQUENCE LISTING

CCTACCGCAAAATTTTCATCAGAATCAGGACAATCTGTAATAGGTCAAGT  
 AAAACCAGCTAATTTCTGTGGCGCTTACAACAGTTGACACGCCTCATATTT  
 CAGCTCCAGATGCTTTAAAAACAACCTCAATCAAGTCTGTGCTGAGAGT  
 CCTTCTACTAAGTTAACTGAAGAGACATACAAACAAAAGATGGTCAAGA  
 TTTAGCCAACATGGTGAGAAGTGGTCAAGTTACTAGTGAGGAACCTCGTCA  
 ATATGGCAtaCGATAtTATTGCTAAAGAAAACCCATCTTTAAATGCAGTC  
 ATTACTACTAGACGCCAAGAAGCTATTGAAGAGGCTAGAAAACCTTAAAGA  
 TACCAATCAGCCGTTTGTAGGTGTTCCCTTGTAGTCAAGGGGTTAGGGC  
 ACAGTATTAAAGGTGGTGAAACCAATAATGGCTTGATCTATGCAGGTGGA  
 AAAATTAGCACATTTGACAGTAGCTATGTCAAAAAATATAAAGATTAGG  
 ATTTATTATTTTAGGACAAACGAACCTTCCAGAGTATGGATGGCGCAATA  
 TAACAGATTCTAAATATACGGTCCAACGCATAACCCCTTGAATCTTGCT  
 CATAATGCTGGTGGCTCTTCTGGTGAAGTGCAGCAGTTATTGCTAGCGG  
 GATGACGCCAATTGCTAGCGGTAGTGATGCTGGTGGTCTATCCGTATTC  
 CATCTTCTTGGACGGGCTTGGTAGGTTTAAACCAACAAGAGGATTGGTG  
 AGTAATGAAAAGCCAGATTCTGTATAGTACAGCAGTTCATTTCCATTAAAC  
 TAAGTCATCTAGAGACGCAGAAACATTATTAACCTATCTAAAGAAAAGCG  
 ATCAAACGCTAGTATCAGTTAATGATTTAAATCTTTACCAATTGCTTAT  
 ACTTTGAAATCACCAATGGGAACAGAAGTTAGTCAAGATGCTAAAAATGC  
 TATTATGGACAACGTCATATTTCTTAAGAAAACAAGGATTCAAAGTGACAG  
 AGATAGACTTACCAATTGATGGTAGAGCATTAAATGCGTGATTATTCAACC  
 TTGGCTATTGGTATGGGAGGAGCTTTTCAACAATTGAAAAAGACTTAAA  
 AAAACATGGTTTTACTAAAGAAGACGTTGATCCCATTACTTGGGCAGTTC  
 ATGTTATTTATCAAAATTCAGATAAGGCTGAACCTAAGAAATCTATTATG  
 GAAGCCCAAAACATATGGATGATTATCGTAAGGCAATGGAGAAGCTTCA  
 CAAGCAATTTCCATTCTTATCGCCAACGACCGCAAGTTTAGCCCCCTC  
 TAAATACAGATCCATATGTAACAGAGGAAGATAAAAGAGCGATTATAAT  
 ATGGAAAACCTTGAGCCAAGAAGAAAGAAATTGCTCTCTTAAATCGCCAGTG  
 GGAGCCTATGTTGCGTAGAACACCTTTTACACAAATGCTAATATGACAG  
 GACTCCCGCTATCAGTATCCCGACTTACTTATCTGAGTCTGGTTTACCC  
 ATAGGGACGATGTTAATGGCAGGTGCAAACTATGATATGGTATTAAATTAA  
 ATTTGCAACTTTCTTTGAAAAATATCATGGTTTAAATGTTAAATGGCAAA  
 GAATAATAGATAAAGAAGTGAAACCATCTACTGGCCTAATACAGCCTACT  
 AACTCCCTCTTTAAGCTCATTCATCATTAGTAAATTTAGAAGAAAATTC  
 ACAAGTTACTCAAGTATCTATCTCTAAAAAATGGATGAAATCGTCTGTTA  
 AAAATAAA

## SEQ ID NO: 4814

STRAIN 2603 frame: 1

NSTETSASVVPPTNTIVQTNDSNPTAKFVSESGQSVIGQVKPDNSAALTIVDTPHHISAP  
 DALKTTQSSPVVESTSTKLTEETYKQKDGQDLANMVRSGQVTSEELVNMAYDIIAKENPS  
 LNAVITTRRQEAIEEARKLKDTNQPFLGVPLLVKGLGHSIKGGETNNGLIYADGKISTFD  
 SSVYKKYKDLGFIILGQTNFPEYGWRNITDSKLYGLTHNPWDLAHNAGGSSGGSAAAIAS  
 GMTPIASGSDAGGSIRIPSSWTGLVGLKPTRGLVSNKPDSTAVHFPLTKSSRDAETL  
 LTYLKKSDQTLVSVNDLKSPLIAYTLKSPMGTEVSQDAKNAIMDNVTFLRKQGFVKTEID  
 LPIDGRALMRDYSTLAIGMGGAFFSTIEKDLKKHGFTKEDVDPITWAVHVIYQNSDKAELK  
 KSIMEAQKHMDYRKAMEKLHKQFPFI FLSPPTASLAPLNTDPYVTEEDKRAIYNMENLSQ  
 EERIALFNQRQWEPMLRRTPTQIANMTGLPAISIPTYLSESGLPIGTMLMAGANYDMVLI  
 KFATFFEKHHGFNVKQWRIIDKEVKPSTGLIQPTNSLFKAHSSLVNLEENSQVTQVSISK  
 KWMKSSSVKNKPSVMAYQKA

## SEQ ID NO: 4815

STRAIN \_090 frame: 1

NSTETSASVVPPTNTIVQTNDSNPTAKFVSESGQSVIGQVKPDNSAALTIVDTPHHISAP  
 DALKTTQSSPVVESTSTKLTEETYKQKDGKDLANMVRSGQVTSEELVNMAYDIIAKENPS  
 LNAVITTRRQEAIEEARKLKDTNQPFLGVPLLVKGLGHSIKGGETNNGLIYADGKISTFD  
 SSVYKKYKDLGFIILGQTNFPEYGWRNITDSKLYGLTHNPWDLAHNAGGSSGGSAAAIAS  
 GMTPIASGSDAGGSIRIPSSWTGLVGLKPTRGLVSNKPDSTAVHFPLTKSSRDAETL  
 LTYLKKSDQTLVSVNDLKSPLIAYTLKSPMGTEVSQDAKNAIMDNVTFLRKQGFVKTEID  
 LPIDGRALMRDYSTLAIGMGGAFFSTIEKDLKKHGFTKEDVDPITWAVHVIYQNSDKAELK  
 KSIMEAQKHMDYRKAMEKLHKQFPFI FLSPPTASLAPLNTDPYVTEEDKRAIYNMENLSQ  
 EERIALFNQRQWEPMLRRTPTQIANMTGLPAISIPTYLSESGLPIGTMLMAGANYDMVLI  
 KFATFFEKHHGFNVKQWRIIDKEVKPSTGLIQPTNSLFKAHSSLVNLEENSQVTQVSISK  
 KWMKSSSVKNKPSVMAYQKA

## SEQUENCE LISTING

## SEQ ID NO: 4816

STRAIN A909 frame: 2

TTNTIVQTNDNSNPTAKEVSESGQSVIGQVKPDNSAALT TVDTPHHISAPDALKTTQSSPV  
 VESTSTKLTEETYKQKDGQDLANMVRSGQVTSEELVN MAYDIIAKENPSLNAVITTRRQE  
 AIEEARKLKDTNQPF LGVPLL VKGLGHSIKGGETNNGLIYADGKISTFDSSYVKKYKDLG  
 FIILGQTNFPEYGWRNITDSKLYGLTHNPWDLAHNAGGSSGGSA AAIASGMTPIASGSDA  
 GGSIRIPSSWTGLVGLKPTRGLVSN EKPDSYSTAVHFFLT KSSRDAETLLTYLKKSDQTL  
 VSVNDLKS LPIAYTLKSPMGTEVSQDAKNAIMDNVTFLRKQGF KVTEIDLPI DGRALMRD  
 YSTLAIGMGGA FSTIEKDLKKHGFTKEDVD PITWAVHVIYQNSDKAELKKSIMEAQKHMD  
 DYRKAMEKLHKQFPIFLSPTTASLAPLNTDPYVTEEDKRAIYNMENLSQEERIALFNRQW  
 EPMLRRTFPTQIANMTGLPAISIPTYLSESGLP IGTMLMAGANYDMVL IKFATFFEKHHG  
 FNVKWQRIIDKEVKPSTGLIQPTNSL FKAHSSLVNLEENSQVTQVSISKKWMKSSSVKNKP  
 SVMAYQKA

## SEQ ID NO: 4817

STRAIN COH1 frame: 1

NSTETSASVAPTNTNTIVQTNDNSNPTAKFASESGQSVIGQVKPANS AALT TVDTPHISAPD  
 ALKTTQSSPVVESTSTKLTEETYKQKDGQDLANMVRSGQVTSEELVN MAYDIIAKENPSL  
 NAVITTRRQE AIEEARKLKDTNQPF LGVPLL VKGLGHSIKGGETNNGLIYADGKISTFD  
 SYVKKYKDLGFIILGQTNFPEYGWRNITDSKLYGPTHNPWDLAHNAGGSSGGSA AAIASG  
 MTPIASGSDAGGSIRIPSSWTGLVGLKPTRGLVSN EKPDSYSTAVHFFLT KSSRDAETLL  
 TYLKKSDQTLVSVNDLKS LPIAYTLKSPMGTEVSQDAKNAIMDNVTFLRKQGF KVTEIDL  
 PIDGRALMRDYSTLAIGMGGA FSTIEKDLKKHGFTKEDVD PITWAVHVIYQNSDKAELK  
 SIVEAQKHMDDYRKAMEKLHKQFPIFLSPTTASLAPLNTDPYVTEEDKRAIYNMENLSQE  
 ERIALFNRQWEPMLRRTFPTPIANMTGLPAISIPTYLSESGLP IGTMLMAGANYDMVL IK  
 FATFFEKHHGFNVKWQRIIDKEVKPSADLIQPTNSL FKAHSSLVNLEENSQVTQVSISKK  
 WMKSSSVKNKPSVMAYQKA

## SEQ ID NO: 4818

STRAIN M732 frame: 1

SVAPTNTNTIVQTNDNSNPTAKFASESGQSVIGQVKPANS AALT TVDTPHISAPDALKTTQ  
 SPVVESTSTKLTEETYKQKDGQDLANMVRSGQVTSEELVN MAYDIIAKENPSLNAVITTR  
 ROEAIEEARKLKDTNQPF LGVPLL VKGLGHSIKGGETNNGLIYADGKISTFDSSYVKKYK  
 DLGFIILGQTNFPEYGWRNITDSKLYGXTNPNWDLAHNAGGSSGGSA AAIASGMTPIASG  
 SDAGGSIRIPSSWTGLVGLKPTRGLVSN EKPDSYSTAVHFFLT KSSRDAETLLTYLKKSD  
 QTLVSVNDLKS LPIAYTLKSPMGTEVSQDAKNAIMDNVTFLRKQGF KVTEIDLPI DGRAL  
 MRDYSTLAIGMGGA FSTIEKDLKKHGFTKEDVD PITWAVHVIYQNSDKAELKKSIVEAQK  
 HMDDYRKAMEKLHKQFPIFLSPTTASLAPLNTDPYVTEEDKRAIYNMENLSQEERIALFN  
 RQWEPMLRRTFPTPIANMTGLPAISIPTYLSESGLP IGTMLMAGANYDMVL IKFATFFEK  
 HHGFNVKWQRIIDKEVKPSADLIQPTNSL FKAHSSLVNLEENSQVTQVSISKKWMKSSSVK  
 NKPSVMAYQKA

## SEQ ID NO: 4819

STRAIN 18RS21 frame: 1

NSTETSASVPTNTNTIVQTNDNSNPTAKEVSESGQSVIGQVKPDNSAALT TVDTPHHISAP  
 DALKTTQSSPVVESTSTKLTEETYKQKDGQDLANMVRSGQVTSEELVN MAYDIIAKENPS  
 LNAVITTRRQE AIEEARKLKDTNQPF LGVPLL VKGLGHSIKGGETNNGLIYADGKISTFD  
 SSVYVKKYKDLGFIILGQTNFPEYGWRNITDSKLYGLTHNPWDLAHNAGGSSGGSA AAIAS  
 GMTPIASGSDAGGSIRIPSSWTGLVGLKPTRGLVSN EKPDSYSTAVHFFLT KSSRDAETL  
 LTYLKKSDQTLVSVNDLKS LPIAYTLKSPMGTEVSQDAKNAIMDNVTFLRKQGF KVTEID  
 LPIDGRALMRDYSTLAIGMGGA FSTIEKDLKKHGFTKEDVD PITWAVHVIYQNSDKAELK  
 KSIMEAQKHMDDYRKAMEKLHKQFPIFLSPTTASLAPLNTDPYVTEEDKRAIYNMENLSQ  
 EERIALFNRQWEPMLRRTFPTQIANMTGLPAISIPTYLSESGLP IGTMLMAGANYDMVL I  
 KFATFFEKHHGFNVKWQRIIDKEVKPSTGLIQPTNSL FKAHSSLVNLEENSQVTQVSISK  
 KWMKSSSVKNKPSVMAYQKA

## SEQ ID NO: 4820

STRAIN M781 frame: 2

ASVAPTNTNTIVQTNDNSNPTAKFASESGQSVIGQVKPANS AALT TVDTPHISAPDALKTTQ  
 SSPVVESTSTKLTEETYKQKDGQDLANMVRSGQVTSEELVN MAYDIIAKENPSLNAVIT  
 RRQE AIEEARKLKDTNQPF LGVPLL VKGLGHSIKGGETNNGLIYADGKISTFDSSYVKKY  
 KDLGFIILGQTNFPEYGWRNITDSKLYGPTHNPWDLAHNAGGSSGGSA AAIASGMTPIAS  
 GSDAGGSIRIPSSWTGLVGLKPTRGLVSN EKPDSYSTAVHFFLT KSSRDAETLLTYLKK



## SEQUENCE LISTING

DQTLVSVNDLKSPLIAYTLKSPMGTEVSQDAKNAIMDNVTFLEQQGFKVTEIDLPIIDGRA  
LMRDYSTLAIGMGGAFASTIEKDLKKHGFTKEDVDPIWAVHVIYQNSDKAELKKSIVEAQ  
KHMDYRKAMEKLHKQFPIFLSPTTASLAPLNTDPYVTEKDKRAIYNMENLSQEERIALF  
NRQWEPMLRRTPFTPIANMTGLPAISIPTYLSESGLPITGMLMAGANYDMVLKIFATFFE  
KHGFFNVKWQRIIDKEVKPSTGLIQPTNSLFKAHSSLVNLEENSQVTQVSIKKWMKSSV  
KNKPSVMAYQKA

## SEQ ID NO: 4821

STRAIN CJB110 frame: 3

VPTTNTIVQTNDNSNPTAKFVSESGQSVIGQVKPDNSAALTVDTPHHISAPDALKTTQSS  
PVVESTSTKLTEETYKQKDGKDLANMVRSGQVTSEELVNMAYDIIAKENPSLNAVITTRR  
QEAIEEARKLKDTNQPFGLVPLLVKGLGHSIKGGETNNGLIYADGKISTFDSSYVKKYK  
LGFIILGQTNFPEYGWRNITDSKLYGLTHNPWDLAHNAGGSSGGSSAAAIASGMTPIASGS  
DAGGSIRIPSSWTGLVGLKPTRGLVSHEKPDSSYSTAVHFFLTSSRDAETLLTYLKKSDQ  
TLVSVNDLKSPLIAYTLKSPMGTEVSQDAKNAIMDNVTFLEQQGFKVTEIDLPIIDGRA  
LMRDYSTLAIGMGGAFASTIEKDLKKHGFTKEDVDPIWAVHVIYQNSDKAELKKSIMEAQK  
MDDYRKAMEKLHKQFPIFLSPTTASLAPLNTDPYVTEEDKRAIYNMENLSQEERIALFNR  
QWEPMLRRTPFTPIANMTGLPAISIPTYLSESGLPITGMLMAGANYDMVLKIFATFFEKH  
HGFNVKWQRIIDKEVKPSTGLIQPTNSLFKAHSSLVNLEENSQVTQVSIKKWMKSSVKN  
KPSVMAYQKA

## SEQ ID NO: 4822

STRAIN 1169NT frame: 1

NSTETSASVAPTNTIVQTNDNSNPTAKFSESGQSVIGQVKPDNSAALTVDTPHHISAPD  
DLKTTQSSPVVESTSTKLTEETYKQKDGQDLANMVRSGQVTSEELVNMAYDIIAKENPSL  
NAVITTRRQEAIEEARKLKDTNQPFGLVPLLVKGLGHSIKGGETNNGLIYADGKISTFDS  
SYVKKYKDLGFIILGQTNFPEYGWRNITDSKLYGPTHNPRLAHNAGGSSGGSSAAAIASG  
MTPIASGSDAGGSIRIPSSWTGLVGLKPTRGLVSNEKPDSSYSTAVHFFLTSSRDAETLL  
TYLKKSDQTLVSVNDLKSPLIAYTLKSPMGTEVSQDAKNAIMDNVTFLEQQGFKVTEIDL  
PIDGRALMRDYSTLAIGMGGAFASTIEKDLKKHGFTKEDVDPIWAVHVIYQNSDKAELKK  
SIMEAQKHMDYRKAMEKLHKQFPIFLSPTTASLAPLNTDPYVTEEDKRAIYNMENLSQE  
ERIALFNRQWEPMLRRTPFTPIANMTGLPAISIPTYLSESGLPITGMLMAGANYDMVLK  
FATFFEKHGFFNVKWQRIIDKEVKPSTGLIQPTNSLFKAHSSLVNLEENSQVTQVSIKK  
WMKSSVKNKPSVMAYQKA

## SEQ ID NO: 4823

STRAIN JM9130013 frame: 2

SVAPTNTIVQTNDNSNPTAKFSSSESGQSVIGQVKPANSVALTTVDTPHHISAPDALKTTQ  
SPVVESPTKLTEETYKQKDGQDLANMVRSGQVTSEELVNMAYDIIAKENPSLNAVITTR  
RQEAIEEARKLKDTNQPFGLVPLLVKGLGHSIKGGETNNGLIYAGGKISTFDSSYVKKYK  
DLGFIILGQTNFPEYGWRNITDSKLYGPTHNPWNLAHNAGGSSGGSSAAVIASGMTPIASG  
SDAGGSIRIPSSWTGLVGLKPTRGLVSNEKPDSSYSTAVHFFLTSSRDAETLLTYLKKSD  
QTLVSVNDLKSPLIAYTLKSPMGTEVSQDAKNAIMDNVIFLRKQGFVKVTEIDLPIIDGRAL  
MRDYSTLAIGMGGAFASTIEKDLKKHGFTKEDVDPIWGVHVIYQNSDKAELKKSIMEAQK  
HMDDYRKAMEKLHKQFPIFLSPTTASLAPLNTDPYVTEEDKRAIYNMENLSQEERIALFNR  
QWEPMLRRTPFTPIANMTGLPAISIPTYLSESGLPITGMLMAGANYDMVLKIFATFFEKH  
YHGFNVKWQRIIDKEVKPSTGLIQPTNSLFKAHSSLVNLEENSQVTQVSIKKWMKSSVKN  
KNKPSVMAY

## SEQ ID NO: 4824

STRAIN H36B frame: 3

SVVPTTNTIVQTNDNSNPTAKFSSSESGQSVIGQVKPANSVALTTVDTPHHISAPDALKTTQ  
SPVVESPTKLTEETYKQKDGQDLANMVRSGQVTSEELVNMAYDIIAKENPSLNAVITTR  
RQEAIEEARKLKDTNQPFGLVPLLVKGLGHSIKGGETNNGLIYAGGKISTFDSSYVKKYK  
DLGFIILGQTNFPEYGWRNITDSKLYGPTHNPWNLAHNAGGSSGGSSAAVIASGMTPIASG  
SDAGGSIRIPSSWTGLVGLKPTRGLVSNEKPDSSYSTAVHFFLTSSRDAETLLTYLKKSD  
QTLVSVNDLKSPLIAYTLKSPMGTEVSQDAKNAIMDNVIFLRKQGFVKVTEIDLPIIDGRAL  
MRDYSTLAIGMGGAFASTIEKDLKKHGFTKEDVDPIWAVHVIYQNSDKAELKKSIMEAQK  
HMDDYRKAMEKLHKQFPIFLSPTTASLAPLNTDPYVTEEDKRAIYNMENLSQEERIALFNR  
QWEPMLRRTPFTPIANMTGLPAISIPTYLSESGLPITGMLMAGANYDMVLKIFATFFEKH  
YHGFNVKWQRIIDKEVKPSTGLIQPTNSLFKAHSSLVNLEENSQVTQVSIKKWMKSSVKN  
KNK

## SEQ ID NO: 4901

## SEQUENCE LISTING

## STRAIN 2603

aaacatccgatacttaatgatcaaaaatcccttagcaattggtgaacagat  
 agaatatgattttgataaattcgataattcagaagcttctttttatgcaa  
 cattagctagawttcgcgttatggatagagaaatcaaaaatttattaga  
 gaaaatccaaatagtc aaatcctttcaattggttggtgacttgatacaag  
 gtttgaaagagtcgataaatggacaaattaggtggtataaccttgatttgc  
 cagaggttatggagataagaaaattatttttgaagagcatgaaagagtt  
 actaatatagcaaaatcagccctagatgaaacttggacacgggaggtaaa  
 tccccaaatgcccccttttctaactcgtgtcagaaggtgttttaattgtttc  
 taaaagaagatgacgtagagacttttctcatatcctgacaaattcattt  
 agccaatttatggcacaaatttgatttgtgtcataaggaatgattaataa  
 aggaagcaacatgatacagtaaaagtatatggatacagaatttcagtttg  
 gtatcacagatggtcatgagattgtggttagaccctaaattaaagcaa  
 ataaatctgattaactttacagatgagatgagcaatttgagttaggcac  
 acttcgctctttacttccaacaattcgtaaatttaataattgttttaggtg  
 tgtacgaatataaagcatc

## SEQ ID NO: 4902

## STRAIN 090

TAATGATCAAAAATCCTTAGCAATTGTTGAACAGATAGAATATGATTTTG  
 ATAAATTCGATAATTCAGAAGCTTCTTTTATGCAACATTAGCTAGAATT  
 CGCGTTATGGATAGAGAAATCAAAAATTTATTAGAGAAAATCCAAATAG  
 TCAAATCCTTTCAATTGGTTGTGGACTTGATACAAGGTTTGAAAGAGTCG  
 ATAATGGACAAATTAGGTGGTATAACCTTGATTGCCAGAGTTATGGAG  
 ATAAGAAAATTATTTTGAAGAGCATGAAAGAGTTACTAATATAGCAAA  
 ATCAGCCATAGATGAAACTTGGACACGGGAGGTAAATCCCCAAATGCCC  
 CTTTTCTAATCGTGTGAGAAGGTGTTTAAATGTTTCTAAAAGAAGATGAC  
 GTAGAGACTTTTCTTCATATCCTGACAAATTCATTAGCCAATTTATGGC  
 ACAATTTGATTTGTGTGATAAGGAAATGATTAATAAGGAAAGCAACATG  
 ATACAGTAAAGTATATGGATACAGAATTCAGTTTGGTATCACAGATGGT  
 CATGAGATTGTGGATTAGACCCTAAATTAAGCAAATAAATCTGATTAA  
 CTTTACAGATGAGATGAGCAAATTTGAGTTAGGCACACTTCGCTCTTTAC  
 TTCCAACAATTCGTAAATTTAATAATTGTTTAGGTGTGTACGAATATAAA  
 GCATC

## SEQ ID NO: 4903

## STRAIN A909

AAACATCCGATACTTAATGA  
 TCAAAAATCCTTAGCAATTGTTGAACAGATAGAATATGATTTTGATAAAT  
 TCGATAATTCAGAAGCTTCTTTTATGCAACATTAGCTAGAATTCGCGTT  
 ATGGATAGAGAAATCAAAAATTTATTAGAGAAAATCCAAATAGTCAAAT  
 CTTTTCaATTGGTTGTGGACTTGATACAAGGTTTGAAAGAGTCGATAATG  
 GACAAATTAGGTGGTATAACCTTGATTGCCAGAGGTTATGGAGATAAGA  
 AAATTaTTTTTTGAAGAGCATGAAAGAGTTACTAATATAGCAAAATCAGC  
 CCTAGATGaAACTTGGACACGGGAGGTAAATCCCCAAATGCCCTTTTC  
 TAATCGTGTGAGAAGGTGTTTAAATGTTtCTAAAAGAAGATGACGTAGAG  
 ACTTTTCTTCATATCCTGACAAATTCATTAGCCAATTTATGGCACAATT  
 TGATTTGTGTGATAAGGAAATGATTAATAAGGAAAGCAACATGATACAG  
 TAAAGTATATGGATACAGAATTTAGTTTGGTATCACAGATGGTCATGAG  
 ATTGTGGATTAGACCCCTAAATTAAGCAAATAAATCTGATTAACTTTAC  
 AGATGAGATGAGCAAATTTGAGTTAGGCACACTTCGCTCTTTACTTCCAA  
 CAATTCGTAAATTTAATAATTGTTTAGGTGTGTACGAATATAAAGCATC

## SEQ ID NO: 4904

## STRAIN H36B

AAACATCCGATACTTAATGATCAAAAATCCTTAGCA  
 ATTGTTGAACAGATAGAATATGATTTTGATAAATTCGATAATTCAGAAGC  
 TTCTTTTATGCAaCATTAGCTAGAATTCGCGTTATGGATAGAGAAATCA  
 AAAAATTTATTAGAGAAAATCCAAATAGTCATATCCTTTCAATTGGCTGT  
 GgACTTGATACAAGGTTTGAAAGAGTCGATAATGGACAAATTAGGTGGTA  
 TAACCTTGATTGGCCAGAGGTTATGGAGATAAGAAAATTTATTTTGAAG  
 AGCATGAAAGAGTTACTAATATAGCAAAATCAGCCcTAGATGAAACTTGG  
 ACACGGGAGGTAAATCCCCAAATGCCCTTTTCTAATCGTGTGAGAAGG  
 TGTTTTAATGTTTCTAAAAGAAGATGACGTAGAGACTTTCTTCATATCC

## SEQUENCE LISTING

TGACAAATTCATTTAGCCAATTTATGGCACAATTTGATTGTGTCAgAAG  
 GAAATGATTAATAAAGGAAAGCAACATGATACAGTAAAGTATATGGATAC  
 AGAATTTAGTTGGGTATCACAGATGGTCATGAAATTTGGATTAGACC  
 CTAATTAAGCAAATAAATCTGATTAACCTTTACAGATGAGATGAGCAAA  
 TTTGAGTTAGGCACACTTCGCTCTTTACTTCCAACAATTCGTAAATTTAA  
 TAATTGTTTAGGTGTGTACGAATATAAAGCATC

SEQ ID NO: 4905

STRAIN 18RS21

AACATCCGATACTTAATGATCAAAAATCCTTAGCAAT  
 TGTGTAACAGATAGAATATGATTTTGATAAATTCGATAATTCAGAAGCTT  
 CTTTTATGCAACATTAGCTAGAATTCGCGTTATGGATAGAGAAATCAA  
 AAATTTATTAGAGAAAATCCAATAGTCAATCCTTTCAATTGGTTGTGG  
 ACTTGATACAAGGTTTGAAAGAGTCGATAATGGACAAATTAGGTGGTATA  
 ACCTTGATTTGCCAGAGGTTATGGAGATAAGAAAATTATTTTTTGAAGAG  
 CATGAAAGAGTTACTAATATAGCAAAATCAGCCCTAGATGAAACTTGGAC  
 ACGGAGGTAATCCCCAAATGCCCTTTTCTAATCGTGTCAgAAGGTG  
 TTTAATGTTTCTAAAAGAAGATGACGTAGAGACTTTTCTTCATATCCTG  
 ACAAAATTCATTTAGCCAATTTATGGCACaATTTGATTGTGTCAaGGA  
 AATGATTAATAAAGGAAAGCAACATGATACAGTAAAGTATATGGATACAG  
 AATTCAGTTTGGTATCACAGATGGTCATGAGATTGTGGATTAGACCCT  
 AAATTAAGCAAATAAATCTGATTAACCTTTACAGATGAGATGAGCAAATT  
 TGAGTTAGGCACACTTCGCTCTTTACTTCCAACAATTCGTAAATTTAATA  
 ATTGTTTAGGTGTGTACGAATATAaAGCATC

SEQ ID NO: 4906

STRAIN M732

AAACATCCGATACTTAATGATCAAAAATCCTTAGCAATTGTTGAACA  
 GATAGAATATGATTTGGATAAATTCGATAATTCAGAAGCTTCTTTTATG  
 CAACATTAGCTAGAATTCGCGTTATGGATAGAGAAATCAAAAATTTATT  
 AGAGAAAATCCAATAGTCAAATCCTTTCAATTGGTTGTGGACTTGATAC  
 AAGGTTTGAAAGAGTCGATAATGGACAAATTAGGTGGTATAACCTTGATT  
 TGCCAGAGGTTATGGAGATAAGAAAATTATTTTTTGAAGAGCATGAAAGA  
 GTTACTAATATAGCAAAATCAGCCCTAGATGAAACTTGGACACGGGAGGT  
 AAATCCCCAAATGCCCTTTTCTAATCGTGTCAgAAGGTGTTTAATGT  
 TTCTAAAAGaAGATGACGTAGAGACTTTTCTTCATATCCTGACAAATTCa  
 TTTAGCCAATTTATGGCaCAATTTGATTGTGTCAaAGGAAATGATTAA  
 TAAAGGAAAGCAACATGATACAGTAAAGTATATGGATACAGAATTCAGT  
 TTGGTATCACAGATGGTCATGAGATTGTGGATTAGACCCTAAATTAAG  
 CAAATAAATCTGATTAACCTTTACAGATGAGATGAGCAAATTTGAGTTAgG  
 CACACTTCGCTCTTTACTTCCAACAATTCGTAAATTTAATAATTGTTTAG  
 GtGTGTACGAATATAAAGCATC

SEQ ID NO: 4907

STRAIN COH1

AAACATCCGATACTTAATGATCAAAAATCCTTAGCAA  
 TTGTTGAACAGATAGAATATGATTTGGATAAATTCGATAATTCAGAAGCT  
 TCTTTTATGCAACATTAGCTAGAATTCGCGTTATGGATAGAGAAATCAA  
 AAAATTTATTAGAGAAAATCCAATAGTCAAATCCTTTCAATTGGTTGTG  
 GACTTGATACAAGGTTTGAAAGAGTCGATAATGGACAAATTAGGTGGTAT  
 AACCTTGATTTGCCAGAGGTTATGGAGATAAGAAAATTATTTTTTGAAGA  
 GCATGAAAGAGTTACTAATATAGCAAAATCAGCCCTAGATGAAACTTGGa  
 CACGGGAGGTAATCCCCAAATGCCCTTTTCTAATCGTGTCAgAAGGT  
 GTTTAATGTTTCTAAAAGAAGATGACGTAGAGACTTTTCTTCATATCCT  
 GACAAATTCATTTAGCCAATTTATGGCACAATTTGATTGTGTCAaAGG  
 AAATGATTAATAAAGGAAAGCAACATGATACAGTAAAGTATATGGATACA  
 GAATTTAGTTTGGTATCACAGATGGTCATGAGATTGTGGATTAGACCC  
 TAAATTAAGCAAATAAATCTGATTAACCTTTACAGATGAGATGAGCAAAT  
 TTGAGTTAGGCACACTTCGCTCTTTACTTCCAACAATTCGTAAATTTAAT  
 AATTGTTTAGGTGTGTACGAATATAAAGCATC

SEQ ID NO: 4908

STRAIN M781

AAACATCCGATACTTAATGATCA

## SEQUENCE LISTING

AAAATCCTTAGCAATTGTTGAACAGATAGAATATGATTTGGATAAAATTCG  
ATAATTTCAGAAGCTTCTTTTATGCAACATTAGCTAGAATTCGCGTTATG  
GATAGAGAAATCAAAAAATTTATTAGAGAAAATCCAAATAGTCAAATCCT  
TTCAATTGGTTGTGGACTTGATACAAGGTTTGAAGAGTCGATAATGGAC  
AAATTAGGTGGTATAACCTTGATTTGCCAGAGGTTATGGAGATAAGAAAA  
TTATTTTTGAAGAGCATGAAAGAGTTACTAATATAGCAAAATCAGCCCT  
AGATGAAACTTGGACACGGGAGGTAAATCCCCAAAATGCCCTTTTCTAA  
TCGTGTCAGAAGGTGTTTAAATGTTTCTAAAAGAGATGACGTAGAGACT  
TTTCTTCATATCCTGACAAATtCATTAGCCAATTTATGGCACAATTTGA  
TTTGTGTCATAAGGAAATGATTAATAAAGGAAAGCAACATGATACAGTAA  
AGTATATGGATACAGAATTTAGTTTGGTATCACAGATGGTCATGAGATT  
GTGGATTTAGACCTTAAATTAAGCAAATAAATCTGATTAACTTTACAGA  
TGAGATGAGCAAATTTGAGTTAGGCACACTTCGCTCTTTACTTCCAACAA  
TTCGTAAATTTAATAATtGTTTAGGTGTGTACGAATATAAAGCATC

SEQ ID NO: 4909

STRAIN CJB110

AAACATCCGATACTTAATGATCAAAAATCCTTAGCAA  
TTGTTGAACAGATAGAATATGATTTTGATAAAATTCGATAATTCAGAAGCT  
TCTTTTATGCAACATTAGCTAGAATTCGCGTTATGGATAGAGAAATCAA  
AAAATTTATTAGAGAAAATCCAAATAGTCAAATCCTTTCAATTGGTTGTG  
GACTTGATACAAGGTTTGAAGAGTCGATAATGGACAAATTAGGTGGTAT  
AACCTTGATTTGCCAGAGGTTATGGAGATAAGAAAATTATTTTTGAAGA  
GCATGAAAGAGTTACTAATATAGCAAAATCAGCCATAGATGAACTTGGGA  
CAGGGGAGGTAAATCCCCAAAATGCCCTTTTCTAATCGTGTGAGAAGGT  
GTTTAAATGTTTCTAAAAGAAGATGACGTAGAGACTTTTCTTCATATCCT  
GACAAATTCATTAGCCAATTTATGGCACAATTTGATTTGTGTCATAAGG  
AAATGATTAATAAAGGAAAGCAACATGATACAGTAAAGTATATGGATACA  
GAATTTAGTTTGGTATCACAGATGGTCATGAGATTGTGGATTTAGACCC  
TAAATTAAGCAAATAAATCTGATTAACTTTACAGATGAGATGAGCAAAT  
TTGAGTTAGGCACACTTCGCTCTTTACTTCCAACAATTCGTAAATTTAAT  
AATTGTTTAGGTGTGTACGAATATAAAGCATC

SEQ ID NO: 4910

STRAIN 1169NT

AAACATCCGATACTTAATGATCAAAAATCCTTAGCAAT  
TGTGTAACAGATAGAATATGATTTTGATAAAATTCGATAATTCAGAAGCTT  
CTTTTATGCAACATTAGCTAGAATTCGCGTTATGGATAGAGAAATCAA  
AAATTTATTAGAGAAAATCCAAATAGTCATATCCTTTCTATTGGTTGTGG  
ACTTGATACAAGGTTTGAAGAGTCGATAATGGACAAATTAGGTGGTATA  
ACCTTGATTTGCCAGAGGTTATGGAGATAAGAAAATTATTTTTGAAGAG  
CATGAAAGAGTTACTAATATAGCAAAATCAGCCCTAGATGAACTTGGAC  
ACAGGAGGTAAATCCCCAAAATGCCCTTTTCTGATCGTGTGAGAAGGTG  
TTTTAATGTTTCTAAAAGAAGATGACGTAGAGACTTTTCTTCATATCCTG  
ACAAATTCATTAGCCAATTTATGGCACAATTTGATTTGTGtCAGAAGGA  
AATGATTAATAAAGGAAAGCAACATGATACAGTAAAGTATATGGATACAG  
AATTTAGTTTGGTATCACAGATGGTCATGAAATTTGTGGATTTAGACCT  
AAATTAAGCAAATAAATCTGATTAACTTTACAGATGAGATGAGCAAAT  
TGAGTTAGGCACACTTCGCTCTTTACTTCCAACAATTCGTAAATTTAATA  
ATTGTTTAGGTGTGTACGAATATAAAGCATC

SEQ ID NO: 4911

STRAIN JM9130013

AGCAATTGTTGAACAGATAGAATATGATT  
TTGATAAAATTCGATAATTCAGAAGCTTCTTTTATGCAACATTAGCTAGA  
ATTCGCGTTATGGATAGAGAAATCAAAAAATTTATTAGAGAAAATCCAA  
TAGTCATATCCTTTCAATTGGCTGTGGACTTGATACAAGGTTTGAAGAG  
TCGATAATGGACAAATTAGGTGGTATAACCTTGATTTGCCAGAGGTTATG  
GAGATAAGAAAATTATTTTTGAAGAGCATGAAAGAGTTACTAATATAGC  
AAAATCAGCCCTAGATGAACTTGGACACGGGAGGTAAATCCCCAAAATG  
CCCCTTTTCTAATCGTGTGAGAAGGTGTTTAAATGTTTCTAAAAGAAGAT  
GACGTAGAGACTTTTCTTCATATCCTGACAAATTCATTAGCCAATTTAT  
GGCACAATTTGATTTGTGTCagAAGGAAATGATTAATAAAGGAAAGCAAC  
ATGATACAGTAAAGTATATGGATACAGAATTTAGTTTGGTATCACAGAT

## SEQUENCE LISTING

GGTCATGAAATTGTGGATTAGACCCTAAATTAAAGCAAATAAATCTGAT  
TAACTTTACAGATGAGATGAGCAAATTTGAGTTAGGCACACTTCGCTCTT  
TACTTCCAACAATTCGTAAATTTAATAATTGTTTAGGTGTGTACGAATAT  
AAAGCATC

## SEQ ID NO: 4912

STRAIN 2603 frame: 1

KHPILNDQKSLAIVEQIEYDFDKFDNSEASFYATLARIRVMDREIKKFIRENPNSQILSI  
GCGLDTRFERVDNGQIRWYNLDLPEVMEIRKLFFEEHERVTNIAKSALDETTWTREVNPNQ  
APFLIVSEGVLMLFKEDDVETFLHILTNFSFSQFMAQFDLCHKEMINKGKHQDHTVKYMDTE  
FQFGITDGHEIVDLDPKLKQINLINFTDEMSKFELGTLRSLLPTIRKFNNCLGVY EYKA

## SEQ ID NO: 4913

STRAIN 090 frame: 2

NDQKSLAIVEQIEYDFDKFDNSEASFYATLARIRVMDREIKKFIRENPNSQILSIGCGLD  
TRFERVDNGQIRWYNLDLPEVMEIRKLFFEEHERVTNIAKSAIDETWTREVNPNQAPFLI  
VSEGVLMLFKEDDVETFLHILTNFSFSQFMAQFDLCHKEMINKGKHQDHTVKYMDTEFQFGI  
TDGHEIVDLDPKLKQINLINFTDEMSKFELGTLRSLLPTIRKFNNCLGVY EYKA

## SEQ ID NO: 4914

STRAIN A909 frame: 1

KHPILNDQKSLAIVEQIEYDFDKFDNSEASFYATLARIRVMDREIKKFIRENPNSQILSI  
GCGLDTRFERVDNGQIRWYNLDLPEVMEIRKLFFEEHERVTNIAKSALDETTWTREVNPNQ  
APFLIVSEGVLMLFKEDDVETFLHILTNFSFSQFMAQFDLCHKEMINKGKHQDHTVKYMDTE  
FQFGITDGHEIVDLDPKLKQINLINFTDEMSKFELGTLRSLLPTIRKFNNCLGVY EYKA

## SEQ ID NO: 4915

STRAIN H36B frame: 1

KHPILNDQKSLAIVEQIEYDFDKFDNSEASFYATLARIRVMDREIKKFIRENPNSHILSI  
GCGLDTRFERVDNGQIRWYNLDLPEVMEIRKLFFEEHERVTNIAKSALDETTWTREVNPNQ  
APFLIVSEGVLMLFKEDDVETFLHILTNFSFSQFMAQFDLCQKEMINKGKHQDHTVKYMDTE  
FQFGITDGHEIVDLDPKLKQINLINFTDEMSKFELGTLRSLLPTIRKFNNCLGVY EYKA

## SEQ ID NO: 4916

STRAIN 18RS21 frame: 3

HPILNDQKSLAIVEQIEYDFDKFDNSEASFYATLARIRVMDREIKKFIRENPNSQILSIG  
CGLDTRFERVDNGQIRWYNLDLPEVMEIRKLFFEEHERVTNIAKSALDETTWTREVNPNQ  
PFLIVSEGVLMLFKEDDVETFLHILTNFSFSQFMAQFDLCHKEMINKGKHQDHTVKYMDTE  
FQFGITDGHEIVDLDPKLKQINLINFTDEMSKFELGTLRSLLPTIRKFNNCLGVY EYKA

## SEQ ID NO: 4917

STRAIN M732 frame: 1

KHPILNDQKSLAIVEQIEYDLDKFDNSEASFYATLARIRVMDREIKKFIRENPNSQILSI  
GCGLDTRFERVDNGQIRWYNLDLPEVMEIRKLFFEEHERVTNIAKSALDETTWTREVNPNQ  
APFLIVSEGVLMLFKEDDVETFLHILTNFSFSQFMAQFDLCHKEMINKGKHQDHTVKYMDTE  
FQFGITDGHEIVDLDPKLKQINLINFTDEMSKFELGTLRSLLPTIRKFNNCLGVY EYKA

## SEQ ID NO: 4918

STRAIN COH1 frame: 1

KHPILNDQKSLAIVEQIEYDLDKFDNSEASFYATLARIRVMDREIKKFIRENPNSQILSI  
GCGLDTRFERVDNGQIRWYNLDLPEVMEIRKLFFEEHERVTNIAKSALDETTWTREVNPNQ  
APFLIVSEGVLMLFKEDDVETFLHILTNFSFSQFMAQFDLCHKEMINKGKHQDHTVKYMDTE  
FQFGITDGHEIVDLDPKLKQINLINFTDEMSKFELGTLRSLLPTIRKFNNCLGVY EYKA

## SEQ ID NO: 4919

STRAIN M781 frame: 1

KHPILNDQKSLAIVEQIEYDLDKFDNSEASFYATLARIRVMDREIKKFIRENPNSQILSI  
GCGLDTRFERVDNGQIRWYNLDLPEVMEIRKLFFEEHERVTNIAKSALDETTWTREVNPNQ  
APFLIVSEGVLMLFKEDDVETFLHILTNFSFSQFMAQFDLCHKEMINKGKHQDHTVKYMDTE  
FQFGITDGHEIVDLDPKLKQINLINFTDEMSKFELGTLRSLLPTIRKFNNCLGVY EYKA

## SEQ ID NO: 4920

STRAIN CJB110 frame: 1

## SEQUENCE LISTING

KHPILNDQKSLAIVEQIEYDFDKFDNSEASFYATLARIRVMDREIKKFIRENPNSQILSI  
GCGLDTRFERVDNGQIRWYNLDLPEVMEIRKLFFEEHERVTNIAKSAIDETWTREVNPQN  
APFLIVSEGVLMLFKEDDVETFLHILTNFSFSQFMAQFDLCHKEMINKGKHDTVKYMDTE  
FQFGITDGHEIVDLPKPKQINLINFTDEMSKFELGTLRSLPTIRKFNNCLGVYEYKA

## SEQ ID NO: 4921

STRAIN 1169NT frame: 1

KHPILNDQKSLAIVEQIEYDFDKFDNSEASFYATLARIRVMDREIKKFIRENPNSHILSI  
GCGLDTRFERVDNGQIRWYNLDLPEVMEIRKLFFEEHERVTNIAKSALDETWTQEVNPQN  
APFLIVSEGVLMLFKEDDVETFLHILTNFSFSQFMAQFDLCQKEMINKGKHDTVKYMDTE  
FQFGITDGHEIVDLPKPKQINLINFTDEMSKFELGTLRSLPTIRKFNNCLGVYEYKA

## SEQ ID NO: 4922

STRAIN JM9130013 frame: 2

AIVEQIEYDFDKFDNSEASFYATLARIRVMDREIKKFIRENPNSHILSIGCGLDTRFERV  
DNGQIRWYNLDLPEVMEIRKLFFEEHERVTNIAKSALDETWTREVNPQNAPFLIVSEGL  
MLFKEDDVETFLHILTNFSFSQFMAQFDLCQKEMINKGKHDTVKYMDTEFQFGITDGHEI  
VDLPKPKQINLINFTDEMSKFELGTLRSLPTIRKFNNCLGVYEYKA

## SEQ ID NO. 5001

STRAIN 2603

ATGAAAAACAAAACTATTACTGCTTATTGGAGGCTTATTAATAATGATAATGATGACA  
GCATGTAAGGATTCAAAAATCCAGAAAACCGCACAAAGGAAGAGTACCAAGCTGAACAA  
AATTTAAACCGTTTTTTGAGTTTTTAGCACAAAAAGATAAAGATTTGAGCAAAATACAA  
AAATACTTACTATTAGTATCGGATTCAGGTGATGCATTAGATTTAGAATATTTCTATAGT  
ATTCAAGATTTAAAAAAAATAAGGATTTAGGGAAGTTTGAAACAAGAAAAAGTCAAATA  
GAAAAGCCGGGTGGCTATAATGAGTTAGAAAATAAAGAGGTCCCATTTGAATATTTTAA  
AATAATATAGTTTATCCAAAAGGAAAACCGAATATTACATTTGATGACTTTATTATCGGA  
GCAATGGATACTAAAGAATTAAAAAGAATTAAAAAATTAAAAAGTAAAAAGTTATTATTA  
AAACATCCGGAACCTGAGTTGAAAGATATAACATATGAATTGCCGACACAGTCAAGCTT  
ATTAAAAAA

## SEQ ID NO. 5002

STRAIN 090

TAAGGATTCAAAAATCCAGAAAACCGCACAAAG  
GAAGAGTACCAAGCTGAACAAAATTTTAACTGTTTTTTGAGTTTTTTAGC  
ACAAAAATATAAAGATTTGAACAAAATACAAAATACTTACTATTAGTAT  
CGGATTCAGGTGATGCATTAGATTTAGAATATTTCTATAGTATTCAAGAT  
TTAAAAAAAATAAGGATTTAGGGAAGTTTGAAACAAGAAAAAGTCAAAT  
AGAAAAGCCGGGTGGCTATAATGAGTTAGAAAATAAAGAGGTCCCATTTG  
AATATTTTAAAAATAATATAGTTTATCCAAAAGGAAAACCGAATATTACA  
TTTGATGACTTTATTATTCGGAGCAATGGATACTAAAGAATTAAAAAATT  
AAAAGTAAAAAGTTATTTATTTAAACATCCGGAACCTGAGTTGAAAGATA  
TAACATATGAATTGCCGACACAGTCAAGCTTATTAAAAAA

## SEQ ID NO. 5003

STRAIN 18RS21

TAAGGATTCAAAAATCCAGAAAACCGCACAAAGGAAG  
AGTACCAAGCTGAACAAAATTTTAAACCGTTTTTTGAGTTTTTTAGCACAA  
AAAGATAAAGATTTGAGCAAAATACAAAATACTTACTATTAGTATCGGA  
TTCAGGTGATGCATTAGATTTAGAATATTTCTATAGTATTCAAGATTTAA  
AAAAAATAAGGATTTAGGGAAGTTTGAAACAAGAAAAAGTCAAATAGAA  
AAGCCGGGTGGCTATAATGAGTTAGAAAATAAAGAGGTCCCATTTGAATA  
TTTTAAAAATAATATAGTTTATCCAAAAGGAAAACCGAATATTACATTTG  
ATGACTTTATTATTCGGAGCAATGGATACTAAAGAATTAAAAAGAATTAAAA  
GAATTAAAAAATTAAAAAGTAAAAAGTTATTTATTTAAACATCCGGAAC  
TGAGTTGAAAGATATAACATATGAATTGCCGGCACAGTCAAGCTTATTAA  
AAAAA

## SEQ ID NO. 5004

STRAIN 2603 frame: 1

MKKQKLLLLLIGLLIMIMMTACKDSKIPENRTKEEYQAEQNFKPFEEFLAQKDKDLSKI  
QKYLIVSDSGDALDLEYFYSIQDLKKNKDLGKFETRKSQIEKPGGYNELENKEVPFEYFK  
NNIVYPKGKPNITFDDFIIGAMDTKELKELKKLVKSYLLKHPETELKDITYELPTQSKL  
IKK

## SEQUENCE LISTING

## SEQ ID NO. 5005

STRAIN 090 frame: 2

KDSKIPENRTKEEYQAEQNFKLPFFEFLLAQKYKDLNKIQKYLLLVSDSGDALDLEYFYISIQ  
DLKKNKDLGKFETRKSQIEKPGGYNELENKEVPFEYFKNNIVYPKGKPNITFDDFIIGAM  
DTKELKELKLVKSYLLKHPETELKDITYELPTQSKLIKK

## SEQ ID NO. 5006

STRAIN 18RS21 frame: 2

KDSKIPENRTKEEYQAEQNFKLPFFEFLLAQKDKDLSKIQKYLLLVSDSGDALDLEYFYISIQ  
DLKKNKDLGKFETRKSQIEKPGGYNELENKEVPFEYFKNNIVYPKGKPNITFDDFIIGAM  
DTKELKELKELKLVKSYLLKHPETELKDITYELPAQSKLIKK

## SEQ ID NO. 5101

STRAIN 2603

ttgaataataaaggtgtcggtggcgatggtgtccaaatttatcaatacta  
tatcaaaatggacaacaataaaccttacttaagtcccaaagataagacta  
ctgtagagaaggttagaagatcgctggaaaaaattactttcaaagttcag  
gatactggcatttggtttgaaagacgtttatcttcaatctgttaagtatgt  
tggttggtggcaataataaatttagaccttatcacacctccaggatttaaaa  
aagaagataaaaaaggttgaaaaaccaaatttagacctccaccaggaatt  
gatttaccagcaccaacttcaatgagaagttttgattattcaacccacc  
gggaactaagccaagcaaacccaaagatagtttatcaactcctccagggt  
tcccagatttaaacacgcgcgcggatgaagcaccaaaggatagtaaaaa  
gacgctattgaagataaatcaggagcaattaaatatgctaagtctcttca  
acttagctttgttgatggccctatttttagctagcaaaagtaaatggcaaaa  
tattacaagtcgaatctgatggcaaattagtcattcctagaaatgctttg  
tcagctaataatctgatgacactagtcttaaaatttatcgtaataataa  
tcgcaataaagaaattactatcacacagattattttgcatatacaaaat  
atgtcaatatcacagcggttgactatttgagcaataactacttttgagcaa  
ttagctactggtgaaacagtagattaccatgccattgtattttcaagctt  
tgctgctattaaagacaaggggtgtaagatttatgttaacgataaattgc  
aagaaacttctcgtatagcgcttaagataaatctgttaagattggtatt  
gaattaccaaatgatgtcagacatatgtatagtttatctggtcgtcgttt  
gaatgagggttaaaactgttgataatatcttgaaaaatgatgaacaagaca  
ttaatctcagcaaaacttaccattaaaatacaaccgcagaaatcgctcgt  
ctagagtttactattaataacatttaactcaagttcagaaatcatgaccac  
tttcaagatggaaaagatgccagaattgggtgaacaaaagatgtttctt  
tggaataaaacgatattggacatgagtaagtttaaaactattcgacttgga  
cgaaaggattctgaatttaagggaacacttattgcaaaaactggacaggt  
tgaattagatatgtttttcaaacaatctcaagaccagcttcaattatta  
aaaaaatataaccttccaaaatggtgttccaaatgaattgaaaaaattt  
gactctagttttggtttaactgaaagtcagatagatggatactatattta  
taaagatgcaattaaccttaaatttaaattaaccagtggtgcaagtctta  
aagttgtttataaagggcaagaagatccatatagtcatcagaaagaagat  
atgactaaaaaagggtgaacagctcagtcattcaactcaagccaatgaaaa  
tacagcaaaaagtaaccttttgctaatttgactggtcacattatagtaagg  
ttactgtgaatggaaaagaagttgttaaaaggtagtgagttacctttaact  
aaaggatggacaacatttgattacataaaacagaaaattcattaaatgt  
taaaagtttgattatggagacgggtagtgtaagtaagaaagttcaacaac  
ttcctttaagtcctagatttatctaaaaataagcatatgagggatagcta  
cttactatgcaaaaagattcagcgtattacgaaacaagtgacagcttagt  
ccttcgaattaatctcactgcagataactaaacttaatttttaagtctgtta  
aaggagcgagtgctcttactgaaaatatgatgatgagacagtttgagtt  
gctggaccacaagatgatcctgttagtgaaacataaaataccatcagttat  
tctcttaactcctgccttatttgaaactgctagtgaggcaactctaaatg  
gtaaggaaatcacagcatctggtattatcggtcacatcaaggatggtgat  
aaaagcaagcatgttgaagtcaaaatggtgaatgaaaatggagacatgct  
aggaacccctgttatattcaaggtaagacttgactaatcgaacaaaac  
cattaatgagtggaagtagagtagtatttgccggtaaaccaatatgagttc  
cgggtcaaatcactccttagtcgttttaacacttgattaggggtgaagt  
ggtaacagaagcaggagagaaagcaagtattgttcgtcgcatgttctttg  
accaatcagttccagagcttaacacagcagttgctaacgtgatttgact  
tctgatactgctcttatccacatcggttgccaaagatgactctctaaaact

## SEQUENCE LISTING

aaaattatatcaagatgattcattacttgaatctgttgataaaaccggtc  
 tttatagtttttagaaatgggtgtagaatcactaaagatatgacagtacca  
 ctagaatttggagataatattattaagttatctgctgttgacttatcaaa  
 ttatcgtcgtaatgagacccttcataatctatagaaccggttttgatgta  
 aagcaagccaaatgacagctgacaaaggagctaaagtaactgtggatatg  
 ttgatgaagcacttaagttgttccagaaatggcaggagcttatacatatac  
 aatcgacgaagctccaaacacaaatgaatcagggaatgtaacaaacgcta  
 aagtatcgattcattatgtaaattgggtgttgataaagttgatgttccg  
 attaaagtagttgacttagaagctattcgtaaagctgaagaagcacgtaa  
 agctgaagaagcacgtaagctgaagaagcacgtaagctgaagaggac  
 ataaaacccaagaagcacctatagttgaagaaggctacaaggttaataac  
 gttcatcaaactgatactacagttaaagcgtctgatttaccaaagactaa  
 gacagtttccgcagttcatatggctagaacagacaataaacagataactt  
 cacatcagacacatgttgaaaaacaaattaaaaatacattgccatccact  
 ggtgacagcaaacgtggttattatcactggaatggctatcggttatgct  
 gagtgtattatttagtttagctaaaaagtttaaaagcaaatat

SEQ ID NO. 5102

STRAIN A909

TTGAATAATAAAGGTGTCGGTGGCGAT

GGTGTCCAAATTTATCAATACTATATCAAAATGGACAACAATAAACCTTA  
 CTTAAGTCCCAAAGATAAGACTACTGTAGAGAGTTAGAAGATCGCTGGA  
 AAAAAATTACTTTCAAAGTTCAGGATACTGGCATTGGTTTGAAAGACGTT  
 TATCTTCAATCTGTTAAGTATGTTGGTGGTGGCAATAATAATTTAGACCT  
 TATCACACCTCCAGGATTTAAAAAGAAGATAAAAAAGTTGAAAAACCAA  
 AATTAGACCGTCCACCAGGAATTGATTTACCACCACCAACTTCAATGAGA  
 AGTTTTGATTATTTCAACCCACCGGGAAGCTAAGCCAAGCAAACCCAAAGA  
 TAGTTTATCAACTCCTCCAGGTTTCCAGATTTAAACACGCCGCCGGATG  
 AAGCACTAAAGGATAGTAAAAAGACGCTATTGAAGATAAATCAGGAGCA  
 ATTAAATATGCTAAGTCTCTTCAACTTAGCTTTGTTGATGACCTATTTT  
 AGCTAGCAAAGTAAATGGCAAAATATTACAAGTCGAATCTGATGGCAAAT  
 TAGTCATTCCCTAGAAATGCTTTGTCTAGCTAATCAATTTGATGACACTAGT  
 CTTAAAAATTTATCGTAATAATAATCGCAATAAAGAAATTACTATCACAAC  
 AGATTATTTTGCAGATACAAAAATATGTCAATATCACAGCGGTTGACTATT  
 TGAGCAATACTACTTTTGAAGCAATTAGCTACTGGTGAACAGTAGATTAC  
 CATGCCATTGTATTTTCAAGCTTTGCTGCTATTAAAGACAAGGGTGGTAA  
 GATTTATGTTAAGCATAAATTGCAAGAACTTCTCGTATAGCGCTTAAAG  
 ATAAATCTGTTAAGATTGGTATTGAATTACCAATGATGTGACACATATT  
 GATAGTTTATCTGTTCTGCTGTTGAATGAGGTTAAACTGTTGATAATAT  
 CTTGAAAAATGATGAACAAGACATTAATCTCAGCAAACTTACCAATTAA  
 AATACAACCCGACAAATCGTCGCTAGAGTTTACTATTAATAACATTAAC  
 TCAAGTTTCAAGAAATCATGACCACTTTCAAGATGGAAGATGCCAGAATT  
 GGTGTAaCAAAAGATGTTTCTTTGGATATAaCGATATGGACATGAGTA  
 AGTTTAAACTATTTCGACTTGGACGAAGGATTCTGAATTTAAGGGACAA  
 CTTATTGCAAAACTGGAACAGTTGAATTAGATATGTTTTTCAAACAATC  
 TCAAGACCCAGCTTCAATTATTAATAAATATACCTTATCCAAAATGGTG  
 TTCCAAATGAATTGAAAAAATTTGACTCTAGTTTGGTTTAACTGAAAGT  
 CAGATAGATGGATACTATATTTATAAAGATGCAATTAACCTTAAATTTAA  
 ATTAACCAAGTGGTGAAGTCTTAAAGTGTATAAAGGGCAAGAAGATC  
 CATATAGTCATCAGAAAGAAGATATGACTAAAAAGGTGAACAGCTCAGT  
 CATTCAACTCAAGCCAATGAAAAATACAGCAAAAGTAACCTTTGCTAATAT  
 TGACTGGTCACATTATAGTAAGGTTACTGTGAATGGAAAAGAAGTTGGTA  
 AAGGTAGTGAGTTACCTTTAACTAAAGGATGGACAACATTTGTATTACAT  
 AAAACAGAAAAATTCATTAAATGTTAAAGTTTGATTATGGAGACGGGTAG  
 TGTAAGTAAGAAAGTTCAACAACCTTCTTTAAGTCTAGATTATCTAAAA  
 ATAAGCATATGAGGGATATGCTACTTACTATGCAAAAAGATTGAGCGTAT  
 TACGAaCaAGTGACAGTCTAGTCCTTCGAATTAATCTCACTGCAGATAC  
 TAACTTAATTTTAAATGCTGTAAAGGAGCGAGTGCTCTTACTGAAAATA  
 TGATGATGAGACAGTTTGCAGTTGCTGGACCACAAGATGATCCTGTTAGT  
 GAACATAAATACCCATCAGTATTTCTCTTAACTCCTGCCTTATTGGAAC  
 TGCTAGTGAGGCAACTCTaAATGGTAAGGAAATCACAGCATCTGGTATTA  
 TCGGTCACATCAAGGATGGTGATAAAGCAAGCATGTTGAAGTCAAAATG  
 GTGAATGAAAAATGGAGACATGCTAGGAACCCCTGTTATTATTCAAGGTAA  
 AGACTTGACTAATCGAACAAAACCATTAATGAGTGGACGTAGAGTACTTT



## SEQUENCE LISTING

ATGCCGGTAAACAATATGAGTTCGGGGCTAAATTACCACTTAGTCGTTTT  
AACACTTGGATTAGGGTTGAAGTGGTAACAGAAGCAGGAGAGAAAGCAAG  
TATGTTCGTCGCATGTTCTTTGACCAATCAGTCCAGAGCTTAACACAG  
CAGTTGCTAAACGTGATTTGACTTCTGATACTGCTCTTATCCACATCGTT  
GCCAAAGATGACTCTCTAAACTAAAATTATATCAAGATGATTCATTACT  
TGAATCTGTTGATAAAAACCGGTCTTTATAGTTTTAGAAATGGTGTAGAAA  
TCACTAAAGATATGACAGTACCACTAGAATTTGGAGATAATATTATTAAG  
TTATCTGCTGTTGACTTATCAAATATCGTCGTAATGAGACCCCTCATAT  
CTATAGAAACCGTTTTGATGTTAAAGCAAGCCAAATGACAGCTGACAAAG  
GAGCTAAAGTAACGTGGATATGTTGATGAAGCACTTAGTTGTTCCAGAA  
ATGGCAGGAGCTTATACATTAACAATCGACGAAGATCCAAACACAAATGA  
ATCAGGAATGTTAAACAAACGCTAAAGTATCGATTCAATTATGTAAATGGTG  
GTGTTGATAAAGTTGATGTTCCGATTAAAGTAGTTGACTTAGAAGCTATT  
CGTAAAGCTGAAGAAGCACATAAAGCTGACGAAGCACGTAAAGCTGAAGA  
AGCACGTAAAGCTGAAGAAGCACGTAAAGCTGAAGAAGCACGTAAAGCTG  
AAGAGGGACATAAAACCCAAGAAGCACCTATAGTTGAAGAAGGCTACAAG  
GTTAATAACGTTCACTAACTGATACTACAGTTAAAGCGTCTGATTTACC  
AAAGACTAAGACAGTTTCCGCGTTTATATGGCTAGAACAGACAATAAAC  
AGATAACTTCACATCAGACACATGTTGAAAAACAAATTAAAAATA

SEQ ID NO. 5103

STRAIN H36B

TGGTGTCCAAATTTATCAATACTATATCAAATGGACAACAATAAACCTT  
ACTTAAGTCCCAAGATAAGACTACTGTAGAGAAGTTAGaaGATCGCTGG  
AAAAAATTACTTTCAAAGTTCAAGGATACTGGCATTGGTTTGAAAGACGT  
TTATCTTCAATCTGTTAAGTATGTTGGTGGTGGCAATAATAATTTAGACC  
TTATCACACCTCCAGGATTTAAAAAAGAAGATAAAAAAGTTGAAAAACCA  
AAATTAGACCGTCCACCAGGAATTGATTTACCAGCACCAACTTCAATGAG  
AAGTTTTGATTATTCAACCCACCGGGAACCTAAGCCAAGCAAAACCAAG  
ATAGTTTATCAACTCCTCCAGGTTTCCAGATTTAAACACGCCCGCGGAT  
GAAGCACTAAAGGATAGTAAAAAGACGCTATTGAAGATAAATCAGGAGC  
AATTAAATATGCTAAGTCTCTTCAACTTAGCTTTGTTGATGACCCTATTT  
TAGCTAGCAAAAGTAAATGGCAAAATATTACAAGTCAATCTGATGGCAAA  
TTAGTCATTCTAGAAATGCTTTGTGCTAGCTAATCAATTTGATGACACTAG  
TCTTAAATTTATCGTAATAATAATCGCAATAAAGAAATTacTATCACAA  
CAGATTATTTTGCAGATACAAATATGTCAATATCACAGCGGTTGACTAT  
TTGAGCAATACTACTTTTGAGCAATTAGCTACTGGTGAAaCAGTAGATTA  
CCATGCCATTGTATTTTCAAGCTTTGCTGCTATTAAAGACAAGGGTGGA  
AGATTTATGTCAACGATAAATTGCAAGAACTTCTCGTATAGCGCTTAA  
GATAAATCTGTTAAGATTGGTATTGAATTACCAATGATGTCAGACATAT  
TGATAGTTTATCTGTTGCTCGTTTGAATGAGGTTAAAACTGTTGATAATA  
TCTTGAAAAATGATGAACAAGACATTAATCTCAGCAAACTTACCAATTA  
AAATACAACCCGACAAATCGTCGTCTAGAGTTTACTATTAAATACATTAA  
CTCAAGTTCAGAAATCATGACCACTTTCAAAGATGGAAAGATGCCaAAT  
TGTTTGAACAAAAGATGTTTCTTTGGATATAAACGATATGGACATGAGT  
AAGTTTAAACTATTGCACTTGGACGAAAGGATTCTGAATTTAAGGGACA  
ACTTATTGCAAAAACCTGGAACAGTTGAATTAGATATGTTTTCAAACAAT  
CTCAAGACCCAGCTTCAATTATTAATAAATATACCTTATCCAAAATGGT  
GTTCCAAATGAATTGAAAAAATTTGACTTAGTTTTGGTTTAACTGAAAG  
TCAGATAGATGGATACTATATTTATAAAGATGCAATTAACCTTAAATTTA  
AATTAACCAAGTGGTCAAGTCTTAAAGTTGTTTATAAAGGGCAAGAAGT  
CCATATAGTcCATCAGAAAGAAGATATGACTAAAAAAGGTGAACAGCTCAG  
TCATTCAACTCAAGCCAATGAAAATACAGCAAAAGTAACCTTTGCTAATA  
TTGACTGGTCACATTATAGTAAGGTTACTGTGAATGGAAAAGAAGTTGGT  
AAAGGTAGTGAGTTACCTTTAACTAAAGGATGGACAACATTTGTATTACA  
TAAACAGAAAATTCATTAAATGTTAAAGTTTGATTATGGAGACGGGTA  
GTGTAAGTAAGAAAGTTCAACAACCTTCCTTTAAGTCCTAGATTATCTAAA  
AATAAGCATATGAGGGATATGCTACTTACTATGCAAAAAGATTGAGCGTA  
TTACGAAACAAGTGACAGTCTAGTCCTTCGAATTAATCTCACTGCAGATA  
CTAAACTTAATTTAATGCTGTTAAAGGAGCGAGTGCTCTTACTGAAAAT  
ATGATGATGAGACAGTTTGCAGTTGCTGGACCACAAGATGATCCTGTTAG  
TGAACATAAATACCCATCAGTATTTCTCTTAACTCCTGCCCTATTGGAAA  
CTGCTAGTGAGGCaACTTAAATGGTAAGGAAATCACAGCATCTGGTATT  
ATCGGTCACATCAAGGATGGTgATAAAAGCAAGCATGTTGAAGTCAAAAT

## SEQUENCE LISTING

GGTGAATGAAAATGGAGACATGCTAGGAACCCCTGTTATTATTCAAGGTA  
 AAGACTTGACTAATCGAACAAAACCATTATGAGTGGACGTAGAGTACTT  
 TATGCCGGTAAACAATATGAGTTCGGGGCTAAATTACCACTTAGTCGTTT  
 TAACaCTTGGATTAGGGTTGAAGTGGTAACAGAAGCAGGAGAGAAAGCAA  
 GTATTGTTTCGTCGCATGTTCTTTGACCAATCAGTTCAGAGCTTAACACA  
 GCAGTTGCTAAACGTGATTTGACTTCTGATACTGCTCTTATCCACATCGT  
 TGCCAAAGATGACTCTCTAAAACTAAAATTATATCAAGATGATTCATTAC  
 TTGAATCTGTTGATAAAACCGGTCTTTATAGTTTTAGAAATGGTGTAGAA  
 ATCACTAAAGATATGACAGTACCACTAGAATTTGGAGATAATATTACTAA  
 GTTATCTGCTGTTGACTTATCAAATTATCGTCGTAATGAGACCCCTTCATA  
 TCTATAGAAACCGTTTTGATGTTAAAGCAAGCCAAATGACAGCTGACAAA  
 GGAGCTAAAGTAACGTGGATATGTTGATGAAGCACTTAGTTGTTCCAGA  
 AATGGCAGGAGCTTATACATTAACAATCGACGAAGCTCCAAACACAAATG  
 AATCAGGAATGTTTAAACAAACGCTAAAGTATCGATTCAATTATGTAATGGT  
 GGTGTTGATAAAGtGATGTTCCGATTAAAGTAGTTGACTTAGAAGCTAT  
 TCGTAAAGCTGAAGAGCACATAAGCTGACGAAGCACGTAAAGCTGAAG  
 AAGCACGTAAAGCTGACGAAGCACATAAGCTGAAGAAGTACGTAAAGCT  
 GAAGAAGCACATAAAGTCGAAGAAGCACGTAAAGCTGAAGAGGGACATAA  
 AACCAGAAGACCTTATAGTTGAAGAAGGCTACAAGGTTAATAACGTTTC  
 ATCAAACGTGATACTACAGTTAAAGCGTCTGATTTACCAAAGACTAAGACA  
 GTTCCGCAGTTCATATGGCTAGAACAGACAATAAACAGATAACTTCACA  
 TCAGACACATG

SEQ ID NO. 5104

STRAIN 18RS21

TTGAATAATAAAGGTGTCGGTGGCGATGGTGTCCAA  
 ATTTATCAATACTATATCAAAATGGACAACAATAAACCTTACTTAAGTCC  
 CAAAGATAAGACTACTGTAGAGAAGTTAGAAGATCGCTGGAAAAAATTA  
 CTTTCAAAGTTTCAGGATACTGGCATTGGTTTGAAGACGTTTATCTTCAA  
 TCTGTTAAGTATGTTGGTGGTGGCAATAATAATTTAGACCTTATCACACC  
 TCCAGGATTTAAAAAGAAGATAAAAAAGTTGAAAAACCAAATTAGACC  
 GTCACCAGGAATTTGATTTACCAGCACCAACTTCAATGAGAAGTTTGTAT  
 TATTCACCCCCACCGGAACCTAAGCCAAGCAAACCCAAAGATAGTTTATC  
 AACTCCTCCAGGTTTCCAGATTTAAACACGCCGCCGGAaTGAAGCACCAA  
 AGGATAGTAAAAAGACGCTATTGAAGATAAATCAGGAGCAATTAAATAT  
 GCTAAGTCTCTTCAACTTAGCTTGTGATGACCCATTTTAGCTAGCAA  
 AGTAAATGGCAAAATATTACAAGTCGAATCTGATGGCAAATTAGTCATT  
 CTAGAAATGCTTTGTGAGCTAATCAATTTGATGACACTAGTCTTAAAT  
 TATCGTAATAATAATCGCAATAAAGAAATTACTATCACACAGATTATTT  
 TGCAGATACAAAATATGTCAATATCACAGCGGTTGACTATTTGAGCAATA  
 CTACTTTTGGAGCAATTAGCTACTGGTGAACAGTAGATTACCATGCCATT  
 GTATTTTCAAGCTTTGCTGCTATTAAAGACAAGGGTGGTAAGATTTATGT  
 TAACGATAAATTGCAAGAAaACTTCTCGTATAGCGCTTAAAGATAAATCTG  
 TTAAGATTGGTATTGAATTACCAAATGATGTGAGACATATTGATAGTTTA  
 TCTGTTTCGTCGTTGAATGAGGTTAAACCTGTTGATAATATCTTGAAAA  
 TGATGAACAAGACATTAATCTCAGCAAaACTTACCAATTAAATACAACC  
 CGACAAATCGTCGTCAGAGTTTACTATTAATAACATTAACCAAGTTCA  
 GAAATCATGACCACTTTCAAAGATGGAAAGATGCCAGAATTGGTTGAACA  
 AAAAGATGTTTCTTTGGATATAAACGATATGGACATGAGTAAGTTTAAAA  
 CTATTGCACTTGGACGAAGGATTCTGAATTTAAGGGACAACCTATTGCA  
 AAAACTGGAACAGTTGAATTAGATATGTTTTTCAAACAATCTCAAGACCC  
 AGCTTCAATTATTAATAAATATACCTTATCCAAAATGGTGTTCCAAATG  
 AATTGAAAAAATTTGACTCTAGTTTTTGGTTTAACTGAAAGTCAGATAGAT  
 GGATACTATATTTATAAAGATGCAATTAACCTTAAATTTAAATTAACCAG  
 TGGTGCAAGTCTTAAAGTTGTTTATAAAGGGCAAGAAGATCCATATAGTC  
 ATCAGAAAGAAGATATGACTAAAAAGGTGAACAGCTCAGTCATTCAACT  
 CAAGCCAATGAAATACAGCAAAGTAACCTTTGCTAATATTGACTGGTC  
 ACATTATAGTAAGGTTACTGTGAATGGAAAAGAAGTTGTTAAAGGTAGTG  
 AGTTACCTTTAACTAAAGGATGGACAACATTGTATTACATAAAACAGAA  
 AATTCAATTAAATGTTTAAAGTTTGATTATGGAGACGGGTAGTGTAAGTAA  
 GAAAGTTCAACAACCTTCCTTTAAGTCCTAGATTATCTAAAAATAAGCATA  
 TGAGGGATATGCTACTTACTATGCAAAAAGATTGAGCGTATTACGAAACA  
 AGTGACAGTCTAGTCCTTCGAATTAATCTCACTGCAGATACTAACTTAA  
 TTTAATGCTGTTAAAGGAGCGAGTGCTCTTACTGAAAATATGATGATGA

## SEQUENCE LISTING

GACAGTTTGCAGTTGCTGGACCACAAGATGATCCTGTTAGTGAACATAAA  
TACCCATCAGTATTTCTTAACTCCTGCCTTATTGGAACTGCTAGTGA  
GGCAACTCTAAATGGTAAGGAAATCACAGCATCTGGTATTATCGGTCACA  
TCAAGGATGGTGATAAAAGCAAGCATGTTGAAGTCAAAATGGTGAATGAA  
AATGGAGACATGCTAGGAACCCCTGTTATTATTCAAGGTAAAGACTTGAC  
TAATCGAACAAAACCATTAATGAGTGGACGTAGAGTACTTTATGCCGGTA  
AACAAATAGAGTTCCGGGCTAAATTACCACTTAGTCGTTTTAACACTTGG  
ATTAGGGTTGAAGTGGTAACAGAAGCAGGAGAGAAAGCAAGTATTGTTG  
TCGCATGTTCTTTGACCAATCAGTTCAGAGCTTAACACAGCAGTTGCTA  
AACGTGATTTGACTTCTGATACTGCTCTTATCCACATCGTTGCCAAGAT  
GACTCTCTAAACTAAAATTATATCAAGATGATTCAATTACTGAATCTGT  
TGATAAAACCGGCTTTATAGTTTTAGAAATGGTGTAGAAATCACTAAAG  
ATATGACAGTACCACATAGAATTTGGAGATAATATTATTAAGTTATCTGCT  
GTTGACTTATCAAATTATCGTCGTAATGAGACCCTTCATATCTATAGAAA  
CCGTTTTGATGTTAAAGCAAGCCAAATGACAGCTGACAAAGGAGCTAAAG  
TAACTGTGGaTATGTTGATGAAGCACTTAGTTGTTCCAGAAATGGCAGGA  
GCTTATACATTAACAATCGACGAAGCTCCAAACACAAATGAATCAGGAAT  
GTTAACAAACGCTAAAGTATCGATTCAATTATGTAATGGTGGTGTGATA  
AAGTTGATGTTCCGATTAAAGTAGTTGACTTAGAAGCTATTTCGTAAGCT  
GAAGAAGCAGTAAGCTGAAGAAGCACGTAAAGCTGAAGAGGGACATAA  
AACCAAGAAGCACCTATAGTTGAAGAAGGCTACAAGGTTAATAACGTTT  
ATCAAAGTATACATGAGTTAAAGCGTCTGATTTACCAAAGACTAAGACA  
GTTTCCGAGTTTCAATGGCTAGAACAGACAATAAACAGATAACTTCACA  
TCAGACACATGTTGAA

SEQ ID NO. 5105

STRAIN M732

TTGAATAATAAAGGTGTCGGTGGCGATGGTGTCC  
AAATTTATCAATACTATATCAAAATGGACAACAATAAACCTTACTTAAGT  
CCCAAAGATAAGACTACTGTAGAGAAGTTAGAAGATCGCTGGAAAAAAT  
TACTTTCAAAGTTCAGGATACTGGCATTTGGTTTGAAAGACGTTTATCTTC  
AATCTGTTAAGTATGTTGGTGGTGGCAATAATAATTTAGACCTTATCACA  
AATCCAGGATTTAAAAAAGAAGATAAAAAAGTTGAAAAACCAAAATTAGA  
CCGTCCacCAGGAATTGATTTACCAGCACCAACTTCAATGAGAAGTTTGT  
ATTATTCACCCACCGGGAACCTAAGCCAAGCAAACCCAAAGATAGTTTA  
TCAACTCCTCCAGGTTTCCAGATTTAAACACGCCCGCGGATGAAGCCAC  
CAAAGGATAGTAAAAAAGACGCTATTGAAGATAAATCAGGAGCAATTAAA  
TATGCTAAGTCTCTTCAACTTAGCTTTGTTGATGACCTATTTTAGCTAG  
CAAAGTAAATGGCAAAATATTACAAGTCGAATCTGATGGCAAATTAGTCA  
TTCCTAGAAATGCTTTGTGAGCTAATCAATTTGATGACACTAGTCTTAAA  
ATTTATCGTAATAATAATCGCAATAAAGAAATTACTATCACAACAGATTA  
TTTTGCAGATACAAATATGTCAATATCACAGCGGTTGACTATTTGAGCA  
ATACTACTTTTGAGCAATTAGCTACTGGTGAAACAGTAGATTACCATGCC  
ATTGTATTTTCAAGCTTTGCTGCTATTAAAGACAAGGGTGGTAAGATTTA  
TGTTAACGATAAATTGCAAGAACTTCTCGTATAGCGCTTAAAGATAAAT  
CTGTTAAGATTGGTATTGAATTACCAATGATGTCAGACATATTGATAGT  
TTATCTGTTCTGCTGTTGAATGAGGTTAAACTGTTGATAATATCTTGAA  
AAATGATGAACAAGACATTAATCTCAGCAAACTTACCAATTAAAAATACA  
ACCCGACAAATCGTCTGCTAGAGTTTACTATTAATAACATTAACCTAAGT  
TCAGAAATCATGACCACTTTCAAAGATGGAAAGATGCCAGAATTGGTTGA  
ACAAAAAGATGTTTCTTTGGATATAACGATATGGACATGAGTAAGTTTA  
AACTATTCGACTTGGACGAAAGGATCTGAATTTAAGGGACAACCTATT  
GCAAAACTGGAACAGTTGAATTAGATATGTTTTTCAAACAATCTCAAGA  
CCCAGCTTCAATTATTAATAAATATACCTTATCCAAATGGTGTCCAA  
ATGAATTGAAAAAATTGACTCTAGTTTGGTTTAACTGAAAGTCAGATA  
GATGGATACATATATTATAAAGATGCAATTAACCTTAAaTTTAAATTAA  
CAGTGGTGCAAGTCTTAAAGTTGTTTATAAAGGGCAAGAAGATCCATATA  
GTCATCAGAAAGAAGATATGACTAAAAAAGGTGAACAGCTCAGTCAATTCA  
ACTCAAGCCAATGAAAAATACAGCAAAAGTAACCTTTGCTAATATTGACTG  
GTCACATTATAGTAAGGTTACTGTGAATGGAAGAAGTTGGTAAAGGTA  
GTGAGTTACCTTTAACTAAAGGATGGACAACATTTGTATTACATAAAACA  
GAAATTCATTAAATGTTAAAGTTTGATTATGGAGACGGGTAGTGTAAAG  
TAAGAAAGTTCAACAACTTCTTTAAGTCTAGATTATCTAAAAATAAGC  
ATATGAGGGATATGCTACTTACTATGCAAAAGATTACGCGTATTACGAA

## SEQUENCE LISTING

ACAAGTGACAGTCTAGTCCTTCGAATTAATCTCACTGCAGATACTAACT  
 TAATTTTAATGCTGTAAAGGAGCGAGTGCTCTTACTGAAAATATGATGA  
 TGAGACAGTTTGCAGTTGCTGGACCACAAGATGATCCTGTTaGTGAACAT  
 AAATACCCATCAGTaTTTCTCTTAACTCCTGCCTTATTGGAAaCTGCTAG  
 TGAGGCAACTCTAAATGGTAAGGAAATCACAGCATCTGGTATTATCGGTC  
 ACATCAAGGATGGTGATAAAAGCAAGCATGTTGAAGTCAAATGGTGAAT  
 GAAATGGAGACATGCTAGGAACCCCTGTTATTATTCAAGGTAAAGACTT  
 GACTAATCGAACAAAACCATTAATGAGTGGACGTAGAGTACTTTATGCCG  
 GTAAACAATATGAGTTCGGGGCTAAATTACCACTTAGtCGTTTTAACACT  
 TGGATTAGGGTTGAAGTGGTAACAGAAGCAGGAGAGAAAGCAAGTATTGT  
 TCGTCGCATGTTCTTTGACCAATCAGTTCAGAGCTTAACACAGCAGTTG  
 CTAACCGTGATTGACTTCTGATACTGCTCTTATCCACATCGTTGCCAAA  
 GATGACTCTCTAAAACCTAAATATATCAAGATGATTCACTACTTGAATC  
 TGTTGATAAAACCGGTCTTTATAGTTTGTAGAAATGGTGTAGAAATCACTA  
 AAGATATGACAGTACCCTAGAAATTTGGAGATAATATTATTAAGTTATCT  
 GCTGTTGACTTATCAAATTATCGTCGTAATGAGACCCCTCATATCTATAG  
 AAACCGTTTTGATGTTAAAGCAAGCCAAATGACAGCTGACAAAGGAGCTA  
 AAGTAACTGTGGATATGTTGATGAAGCACTTAGTTGTTCCAGAAATGGCA  
 GGAGCTTATACATTACAATCGACGAAGCTCCAAACACAAATGAATCAGG  
 AATGTTAACAACGCTAAAGTATCGATTCACTTATGTAATGGTGGTGTG  
 ATAAAGTTGATGTTCCGATTAAAGTAGTTGACTTAGAAGCTATTGTAAG  
 GCTGAAGAAGCACATAAAGCTGACGAAGCACGTAAAGCTGAAGAAGCACG  
 TAAAGCTGAAGAAGCACATAAAGCTGAAGAAGTACGTAAAGCTGAAGAAG  
 CACATAAAGTCGAAGAAGCACGTAAAGCTGAAGAAGGACATAAAACCCAA  
 GAAGCACCTATAGTTGAAGAAGGCTACAAAGTTAATAACGTTTCATCAAAC  
 TGATACTACAGTTAAAGCGTCTGATTTACCAAAGACTAAGACAGTTTCCG  
 CAGTTCATATGGCTAGAACAGACAATAAACAGATAAATTCACATCAGACA  
 CATGTTGAAAA

SEQ ID NO. 5106

STRAIN COH1

TTGAATAATAAAGGTGTCCGGTGGCGATGGT  
 GTCCAAATTTATCAATACTATATCAAAATGGACAACAATAAACCTTACTT  
 AAGTCCCAAAGATAAGACTACTGTAGAGAAGTTAGAAGATCGCTGGAAAA  
 AAATTACTTTCAAAGTTCAGGATACTGGCATTGGTTTGAAGACGTTTAT  
 CTTCAATCTGTAAAGTATGTTGGTGGTGGCAATAATAATTAGACCTTAT  
 CACACCTCCAGGATTTAAAAAAGAAGATAAAAAAGTTGAAAAACCAAAT  
 TAGACCGTCCACCAGGAATTGATTTACCAGCACCAACTTCAATGAGAAGT  
 TTTGATTATTCAACCCACCGGGAACCTAAGCCAAGCAAAACCCAAAGATAG  
 TTTATCAACTCCTCCAGGtTTCCAGATTTAAACACGCCGCCGGATGAAG  
 CCaCCAAAGGATAGTAAAAAGACGCTATTGAAGATAAATCAGGAGCAAT  
 TAAATATGCTAAGTCTCTTCAACTTAGCTTTGTTGATGACCCTATTTTAG  
 CTAGCAAAGTAAATGGCAAAATATTACAAGTCGAATCTGATGGCAAATTA  
 GTCATTCCTAGAAATGCTTTGTGAGCTAATCAATTTGATGACACTAGTCT  
 TAAATTTATCGTAATAATAATCGCAATAAAGAAATTACTATCACAAACAG  
 ATTATTTTGCAGATACAAAATATGTCAATATCACAGCGGTTGACTATTTG  
 AGCAATACTACTTTTGAGCAATTAGCTACTGGTGAAACAGTAGATTACCA  
 TGCCATTGTATTTCAAGCTTTGCTGCTATTAAAGACAAGGGTGGTAAGA  
 TTTATGTTAAGCATAAATTGCAAGAACTTCTCGTATAGCGCTTAAAGAT  
 AAATCTGTTAAGATTGGTATTGAATTACCAATGATGTCAGACATATTGA  
 TAGTTTATCTGTTCTGCTGTTTGAATGAGGTTAAACTGTTGATAATATCT  
 TGAAAAATGATGAACAAGACATTAATCTCAGCAAACTTACCAATTAAAA  
 TACAACCCGACAAATCGTCGCTAGAGTTTACTATTAATAACATTAACTC  
 AAGTTCAGAAATCATGACCACTTTCAAAGATGGAAAGATGCCAGAATTGG  
 TTGAACAAAAAGATGTTTCTTTGGATATAAACGATATGGACATGAGTAAG  
 TTTAAACTATTTCGACTTGGACGAAAGGATCTGAATTTAAGGGACAAC  
 TATTGCAAAACTGGAACAGTTGAATTAGATATGTTTTTCAAACAATCTC  
 AAGACCCAGCTTCAATTATTAATAAATATACCTTATCCAAATGGTGT  
 CCAATGAATTGAAAAATTTGACTCTAGTTTGGTTTAACTGAAAGTCA  
 GATAGATGGTACTATATTTATAAAGATGCAATTAACTTAAATTTAAAT  
 TAACAGTGGTGCAAGTCTTAAAGTTGTTTATAAAGGGCAAGAAGATCCA  
 TATAGTCATCAGAAAGAAGATATGACTAAAAAGGTGAACAGCTCAGTCA  
 TTCAACTCAAGCCAATGAAATACAGCAAAAGTAACCTTTGCTAATATTG  
 ACTGGTCACATTATAGTAAGGTTACTGTGAATGGAAAGAGTTGGTAAA

## SEQUENCE LISTING

GGTAGTGAGTTACCTTTAACTAAAGGATGGACAACATTTGTATTACATAA  
AACAGAAAATTCATTTAAATGTTAAAAGTTTGATTATGGAGACGGGTAGTG  
TAAGTAAGAAAGTTCAACAACCTTCCTTTAAGTCCTA<sub>g</sub>ATTATCTAAAAAT  
AAGCATATGAGGGATATGCTACTTACTATGCAAAAAGATTAGCGTATTA  
CGAAACAAGTGACAGTCTAGTCCTTCGAATTAATCTCACTGCAGATACTA  
AACTTAATTTTAAATGCTTTAAAGGAGCGAGTGCTCTTACTGAAAATATG  
ATGATGAGACAGTTTGCAGTTGCTGGACCACAAGATGATCCTGTTAGTGA  
ACATAAATACCCATCAGTATTTCTCTTAACTCCTGCCTTATTGGAACTG  
CTAGTGAGGCAACTCTAAATGGTAAGGAAATCACAGCATCTGGTATTATC  
GGTCACATCAAGGATGGTGATAAAAGCAAGCATGTTGAAGTCAAAATGGT  
GAATGAAAATGGAGACATGCTAGGAACCCCTGTTATTATTCAAGGTAAAG  
ACTTGACTAATCGAACAAAACCATTAAATGAGTGGACGTAGAGTACTTTAT  
GCCGGTAAACAATATGAGTTCCGGGCTAAATTACCACTTAGTCGTTTTAA  
CACTTGGGATTAGGGTTGAAGTGGTAACAGAAGCAGGAGAGAAAGCAAGTA  
TTGTTCTCGCATGTTCTTTGACCAATCAGTTCAGAGCTTAACACAGCA  
GTTGCTAAACGTGATTTGACTTCTGATACTGCTCTTATCCACATCGTTGC  
CAAAGATGACTCTCTAA<sub>a</sub>CTAAATTTATATCAAGATGATTCACTACTTG  
AATCTGTTGATAAAACCGGTCTTTATAGTTT<sub>g</sub>AGAAATGGTGTAGAAATC  
ACTAAAGATATGACAGTACCACTAGAATTTGGAGATAATATTATTAAGTT  
ATCTGCTGTTGACTTTATCAAATTATCGTCGTAATGAGACCCCTCATATCT  
ATAGAAACCGTTTTGATGTTAAAGCAAGCCAAATGACAGCTGACAAAGGA  
GCTAAAGTAACTGTGGATATGTTGATGAAGCACTTAGTTGTTCCAGAAAT  
GGCAGGAGCTTATACATTAACAATCGACGAAGCTCCAACACAAATGAAT  
CAGGAATGTTAAACAACGCTAAAGTATCGATTCAATTATGTAATGGTGGT  
GTTGATAAAGTTGATGTTCCGATTAAAGTAGTTGACTTAGAAGCTATTG  
TAAAGCTGAAGAAGCACATAAAGCTGACGAAGCACGTAAGCTGAAGAAG  
CACGTAAGCTGAAGAAGCACATAAAGCTGAAGAAGTACGTAAGCTGAA  
GAAGCACATAAAGTCGAAGAAGCACGTAAGCTGAAGAGGGACATAAAAC  
CCAAGAAGCACCTTATAGTTGAAGAAGGCTACAAAGTTAATAACGTTTCATC  
AACTGATACTACAGTTAAAGCGTCTGATTTACCAAAGACTAAGACAGTT  
TCCGCAGTTCAATATGGCTAGAACAGACAATAAACAGATAACTTCACATCA  
GACACATGT

SEQ ID NO. 5107

STRAIN M781

TTGAATAATAAAGGTGTCGGTGGCGATGGT  
GTCCAAATTTATCAATACTATATCAAAATGGACAACAATAAACCTTACTT  
AAGTCCCAAAGATAAGACTACTGTAGAGAAGTTAGAAGATCGCTGGAAAA  
AAATTACTTTCAAAGTTCAGGATACTGGCATTGGTTTGAAGACGTTTAT  
CTTCAATCTGTTAAGTATGTTGGTGGTGGCAATAATAATTTAGACCTTAT  
CACACCTCCAGGATTTAAAAAAGAAGATAAAAAAGTTGAAAAACCAAAT  
TAGACCGTCCACCAGGAATTGATTTACCAGCACCAACTTCAATGAGAAGT  
TTTGATTATTCAACCCACCGGGAACTAAGCCAAGCAACCAAGATAG  
TTTATCAACTCCTCCAGGTTTCCCAGATTTAAACACGCCCGCGGATGAAG  
CCaCCAAAGGATAGTAAAAAAGACGCTATTGAAGATAAATCAGGAGCAAT  
TAAATATGCTAAGTCTCTCAACTTAGCTTTGTTGATGACCCTATTTTAG  
CTAGCAAAGTAAATGGCAAATATTACAAGTCAATCTGATGGCAAATTA  
GTCAATTCCTAGAAATGCTTTGTGAGCTAATCAATTTGATGACACTAGTCT  
TAAaATTTATCGTAATAATAATCGCAATAAAGAAATTaCTATCACACAG  
ATTATTTTGCAGATACAAAATATGTCAATATCACAGCGTTGACTATTTG  
AGCAATACTACTTTTGAAGCAATTAGCTACTGGTGAACAGTAGATTACCA  
TGCCATTGTATTTTCAAGCTTTGCTGCTATTAAAGACAAGGGTGGTAAGA  
TTTATGTTAAGATAAATTGCAAGAACTTCTCGTATAGCGCTTAAAGAT  
AAATCTGTTAAGATTGGTATTGAATTACCAATGATGTCAGACATATTGA  
TAGTTTATCTGTTCTGCTGTTTGAATGAGGTTAA<sub>a</sub>ACTGTTGATAATATCT  
TGAAAAATGATGAACAAGACATTAATCTCAGCAAACTTACCAATTA<sub>aa</sub>  
TACAACCCGACAAATCGTCTGCTAGAGTTTACTATTAAATAACATTAATC  
AAGTTCAGAAATCATGACCACTTTCAAAGATGGAAGATGCCAGAATTGG  
TTGAACAAAAAGATGTTCTTTGGATATAAACGATATGGACATGAGTAAG  
TTTAA<sub>a</sub>ACTATTCGACTTGGACGAAAGGATTCTGAATTTAAGGGACAAC  
TATTGCAAA<sub>a</sub>ACTGGAACAGTTGAATTAGATATGTTTTCAAACAATCTC  
AAGACCCAGCTTCAATTATTAAAAAATATACCTTATCCAAATGGTGT  
CCAATGAATTGAAAAAATTTGACTCTAGTTTGGTTTAACTGAAAGTCA  
GATAGATGGATACTATTTATAAAGATGCAATTAACCTTAAATTTAAAT

## SEQUENCE LISTING

TAACCAAGTGGTGCAAGTCTTAAAGTTGTTTATAAAGGGCAAGAAGATCCA  
TATAGTCATCAGAAAGAAGATATGACTAAAAAGGTGAACAGCTCAGTCA  
TTCAACTCAAGCCAATGAAAATACAGCAAAAGTAACCTTTGCTAATATTG  
ACTGGTCACATTATAGTAAGGTTACTGTGAATGGAAAAGAAGTTGGTAAA  
GGTAGTGAGTTACCTTTAACTAAAGGATGGACAACATTGTATTACATAA  
AACAGAAAATTCAATTAATGTTAAAGTTTGATTATGGAGACGGGTAGTG  
TAAGTAAGAAAGTTCAACAACCTTCTTTAAGTCCTAGATTATCTAAAAAT  
AAGCATATGAGGGATATGCTACTTACTATGCAAAAAGATTGAGCGTATTA  
CGAAACAAGTGACAGTCTAGTCCTTCGAATTAATCTCACTGCAGATACTA  
AACTTAATTTTAATGCTGTTAAAGGAGCGAGTGCTTACTGAAAAATATG  
ATGATGAGACAGTTTGCAGTTGCTGGACCACAAGATGATCCTGTTAGTGA  
ACATAAATACCCATCAGTATTTCTCTTAACCTCTGCCTTATTGGAACTG  
CTAGTGAGGCAACTCTAAATGGTAAGGAAATCACAGCATCTGGTATTATC  
GGTCACATCAAGATGGTGATAAAGCAAGCATGTTGAAGTCAAAATGGT  
GAATGAAAATGGAGACATGCTAGGAACCCCTGTTATTATTCAAGGTAAAG  
ACTTGACTAATCGAACAAAACCATTAATGAGTGGACGTAGAGTACTTTAT  
GCCGGTAAACAATATGAGTTCGGGGCTAAATTACCACTTAGTCGTTTTAA  
CACTTGGATTAGGGTTGAAGTGGTAACAGAAGCAGGAGAGAAAGCAAGTA  
TTGTTTCGTCGCATGTTCTTTGACCAATCAGTTCAGAGCTTAACACAGCA  
GTTGCTAAACGTGATTTGACTTCTGATCTGCTCTTATCCACATCGTTGC  
CAAAGATGACTCTCTAAACTAAAATTATATCAAGATGATTCATTACTTG  
AATCTGTTGATAAAACCGGTCTTTATAGTTTTAGAAATGGTGTAGAAATC  
ACTAAAGATATGACAGTACCACTAGAATTTGGAGATAATATTATTAAGTT  
ATCTGCTGTTGACTTATCAAATTATCGTCGTAATGAGACCCCTTCATATCT  
ATAGAAACCGTTTTGATGTTAAAGCAAGCCAAATGACAGCTGACAAAGGA  
GCTAAAGTAACTGTGGATATGTTGATGAAGCACTTAGTTGTTCCAGAAAT  
GGCAGGAGCTTATACATTAACAATCGACGAAGCTCCAAACACAAATGAAT  
CAGGAATGTTAAACAACGCTAAAGTATCGATTCAATTATGTAATGGTGGT  
GTTGATAAAGTTGATGTTCCGATTAAAGTAGTTGACTTAGAAGCTATTTCG  
TAAAGCTGAAGAAGCACATAAAGCTGACGAAGCACGTAAAGCTGAAGAAG  
CACGTAAGCTGAAGAAGCACATAAAGCTGAAGAAGTACGTAAGCTGAA  
GAAGCACATAAAGCTGAAGAAGCACCGTAAAGCTGAAGAGGGACATAAAA  
CCCAAGAGACACCTATAGTTGAAGAAGGCTACAAAGTTAATAACGTTTAT  
CAAAGTACTACTACAGTTAAAGCGTCTGATTTACCAAAGACTAAGACAGT  
TTCCGAGTTTATATGGCTAGAACAGACAATAAACAGATAAATTACATC  
AGACACATGTTG

SEQ ID NO. 5109

STRAIN JM9130013

TGGTGTCCAAATTTATCAATACTATATCAAAATGGACAACAATAAAC  
CTTACTTAAGTCCCAAAGATAAGACTACTGTAGAGAAGTTAGAAGATCGC  
TGGAAAAAATTACTTTCAAAGTTCAGGATACTGGCATTGGTTTGAAGA  
CGTTTATCTTCAATCTGTTAAGTATGTTGGTGGTGGCAATAATAATTTAG  
ACCTTATCACACCTCCAGGATTTAAAAAGAAGATAAAAAAGTTGAAAAA  
CCAAATTAGACCGTCCACCAGGAATTGATTTACCAGCACCAACTTCAAT  
GAGAAGTTTTGATTATTTCAACCCACCGGGAACTAAGCCAAGCAAACCCA  
AAGATAGTTTATCAACTCCTCCAGGTTTCCAGATTTAAACACGCCGCCG  
GATGAAGCACCAAGGATAGTAAAAAGACGCTATTGAAGATAAATCAGG  
AGCAATTAAATATGCTAAGTCTCTTCAACTTAGCTTTGTTGATGACCTA  
TTTTAGCTAGCAAAGTAAATGGCAAAATATTACAAGTCGAATCTGATGGC  
AAATTAGTCATTCTTAGAAATGCTTTGTGAGCTAATCAATTTGATGACAC  
TAGTCTTAAATTTATCGTAATAATAATCGCAATAAAGAAATTACTATCA  
CAACAGATTATTTTGCAGATACAAAATATGTCAATATCACAGCGGTTGAC  
TATTTGAGCAaTACTACTTTTGAAGCAATTAGCTACTGGTGAAACAGTAGA  
TTACCATGCCATTGATTTTCAAGCTTTGCTGCTATTAAAGACAAGGGTG  
GTAAGATTTATGTTAACGATAAATTGCAAGAAACTTCTCGTATAGCGCTT  
AAAGATAAATCTGTTAAGATTGGTATTGAATTACCAATGATGTCAGACA  
TATTGATAGTTTTATCTGTTCTGTCGTTGAATGAGGTTAAACTGTTGATA  
ATATCTTGA AAAATGATGAACAAGACATTAATCTCAGCAAAACTTACCAA  
TTAAAATACAACCCGACAAATCGTCGCTAGAGTTTACTATTAATAACAT  
TAACTCAAGTTCAGAAATCATGACCACTTTCAAAGATGGAAAGATGCCAG  
AATTGGTTGAACAAAAGATGTTTCTTTGGATATAAACGATATGGACATG  
AGTAAGTTTAAACTATTTCGACTTGGACGAAAGGATTCTGAATTTAAGGG  
ACAACCTATTGCAAAAACCTGGAACAGTTGAATTAGATATGTTTTTCAAAC

## SEQUENCE LISTING

AATCTCAAGACCCAGCTTCAATTATTAAAAAATATACCTTATCCAAAAT  
 GGTGTTCCAAATGAATTGAAAAAATTTGACTCTAGTTTTGGTTTAACTGA  
 AAGTCAGATAGATGGATACTATATTTATAAAGATGCAATTAACCTTAAAT  
 TTAAATTAAACAGTGGTGCAaGTCTTAAAGTTGTTTTATAAAGGGCAAGAA  
 GATCCATATAGTCATCAGAAAGAAGATATGACTAAAArAGGTGAACAGCT  
 CAGTCATTCAACTCAAGCCAATGAAAAATACAGCAAAAGTAACCTTTGCTA  
 ATATTGACTGGTCACATTATAGTAAGGTTACTGTGAATGGAAAAGAAGTT  
 GGTAAAGGTAGTGAGTTACCTTTAACTAAAGGATGGACAACATTTGTATT  
 ACATAAAACAGAAAATTCATTAAATGTTAAAGTTTGATTATGGAGACCG  
 GTAGTGTAAAGTAAGAAAGTTCAACAACCTTCCTTAAAGTCCTAGATTATCT  
 AAAAATAAGCATATGAGGGATATGCTACTTACTATGCAAAAAGATTTCAGC  
 GTATTACGAAACAAGTGACAGTCTAGTCCTTCGAATTAATCTCACTGCAG  
 ATACTAAACTTAATTTTAAAGCTGTTAAAGGAGCGAGTGCTTCTTACTGAA  
 AATATGATGATGAGACAGTTTGCAGTTGCTGGACCACAAGATGATCCTGT  
 TAGTGAACATAAAATACCCATCAGTATTTCTTAACTCCTGCCTTATTGG  
 AAAGTCTAGTGAGGCAACTCTAAATGGTAAGGAAATCACAGCATCTGGT  
 ATTATCGGTACATCAAGGATGGTGATAAAAGCAAGCATGTTGAAGTCAA  
 AATGGTGAATGAAAATGGAGACATGCTAGGAACCCCTGTATTATTCAAG  
 GTAAGACTTGACTAATCGAACAAAACCATTAATGAGTGGACGTAGAGTA  
 CTTTATGCGCGTTAAACAATATGAGTTCGCGGCTAAATTACCACTTAGTCG  
 TTTTAACTTGGATTAGGGTTGAAGTGGTAACAGAAGCAGGAgaGaaag  
 cAaGTATTGTTTCGTGCGCATGTTCTTTGACCAATCAGTTCAGAGCTTAAC  
 ACAGCAGTTGCTAAACGTGATTTGACTTCTGATACTGCTTATCCACAT  
 CGTTGCCAAAGATGACTCTCTAAACTAAAATTATATCAAGATGATTCAT  
 TACTTGAATCTGTTGATAAAACCGGTCCTTATAGTTTTAGAAATGGTGTA  
 GAAATCACTAAAGATATGACAGTACCACTAGAATTTGGAGATAATATTAT  
 TAAGTTATCTGCTGTTGACTTATCAAATTAATCGTCGTAATGAGACCCCTC  
 ATATCTATAGAAACCGTTTTGATGTTAAAGCAAGCCAAATGACAGCTGAC  
 AAAGGAGCTAAAGTAACTGTGGATATGTTGATGAAGCACTTAGTTGTTCC  
 AGAAATGGCAGGAGCTTATACATTAACAATCGACGAAGCTCCAAACACAA  
 ATGAATCAGGAATGTTAAACAAACGCTAAAGTATCGATTCAATATGTAAAT  
 GGTGGTGTGATAAAGTTGATGTTCCGATTAAAGTAGTTGACTTAGAAGC  
 TATTCTGTAAGCTGAAGAAGCACATAAAGCTGACGAAGCACGTAAAGCTG  
 AAGAAGCACGTAAAGCTGAAGAAGCACATAAAGCTGAAGAAGTACGTAAA  
 GCTGAAGAAGCACATAAAGTGAAGAAGCACCGTAAAGCTGAAGAGGGAC  
 ATAAAACCCAGAAGCACCTATAGTTGAAGAAGGCTACAAGGTTAATAAC  
 GTTCATCAAACTGATACTACAGTTAAAGCGTCTGATTTACCAAAGACTAA  
 GACAGTTTCCGACGTTTCATATGGCTAGAACAGACAATAAACAGATAACTT  
 CACATCAGACACATGTTG

SEQ ID NO. 5110

STRAIN 2603 frame: 1

LNKGVGGDGVQIYQYIKMDNNKPYLSPKDKTTVEKLEDRWKKITFKVQDTGIGLKDVY  
 LQSVKYVGGGNNNLDLITPPGFKKEDKKVEKPKLDRPPGIDLPAPTSMRSDYSTPPGTVK  
 PSKPKDSLSLTPPGFPDLNTPPEAPKDSKKDAIEDKSGAIKYAKSLQLSFVDGPILASKV  
 NGKILQVESDGKLVIPRNALSANQFDDTSLKIYRNNNRNKEITITTDYFADTKYVNITAV  
 DYLSNTTTFEQLATGETVDYHAIVFSSFAAIKDKGGKIYVNDKLQETSRIALKDKSVKIGI  
 ELPNDVRHIDSLSVRRLENEKTVDNILKNDEQDINLSKTYQLKYNPTNRRLEFTINNINS  
 SSEIMTTFKDGKMPPELVEQKDVSLDINDMDMSKFKTIRLGRKDSEFKGQLIAKTGTVELD  
 MFFKQSQDPASIIKKIYLIQNGVPNELKKFDSSFGLTESQIDGYYIYKDAINLKFKLTSG  
 ASLKVVYKQGEDPYSHQKEDMTKKGEQLSHSTQANENTAKVTFANIDWSHYSKVTVNGKE  
 VVKSELPLTKGWTTFVLHKTENSLNVKSLIMETGVSVKVQQLPLSPRLSKNKHMRDML  
 LTMQKDSAYYETSDSLVLRINLTADTKLNFNAVKGASALTENMMMRQFAVAGPQDDPVSE  
 HKYPSVFLLPALLETASEATLNGKEITASGLIGHIKDGDKSKHVEVKMNVNENGDMLGTP  
 VIIQKDLNTRTKPLMSGRRVLYAGKQYEFRAKLPLSRFNTWIRVEVVTEAGEKASIVRR  
 MFFDQSVPELNTAVAKRDLTSDTALIHIVAKDDSLKLYQDSDLSEVDKTLGLYSFRNG  
 VEITKDMTVPLEFGDNIIKLSAVDLSNYRRNETLHIYRNRFDVKASQMTADKGAKVTVD  
 LMKHLVVPPEMAGAYTLTIDEAPNTNESGMLTNAKVSIIHYVNGGVDKVDVPIKVVDLEAIR  
 KAEARKAEARKAEARKAEARKAEHKTQEAPIVEEGYKVNNVHQTDTTVKASDLPEKTKTVS  
 AVHMARTDNKQITSHQTHVEKQIKNTLPSTGDSKRGYYITGMAIVMLSVLFLSLAKKFKSK  
 Y

SEQ ID NO. 5111

STRAIN A909 frame: 1

## SEQUENCE LISTING

LNNKGVGGDGVQIYQYYIKMDNNKPYPYSPKDKTTVEKLEDRWKKITFKVQDTGIGLKD VY  
 LQSVKYVGGGNNNLDLITPPGFKKEDKKVEKPKLDRPPGIDLPPTSMRSFDYSTPPGTK  
 PSKPKDSLSLSTPPGFPDLNTPPDEALKDSKKDAIEDKSGAIKYAKSLQLSFVDDPILASKV  
 NGKILQVESDGLKVI PRNALSANQFDDTSLKIYRNNNRNKEITITTDYFADTKYVNITAV  
 DYLSNTTTFEQLATGETVDYHAIVFSSFAAIKDKGGKIYVNDKLQETSRIALKDKSVKIGI  
 ELPNDVRHIDSLSVRRLENEVKTVDNILKNDEQDINLSKTYQLKYNPTNRRLEFTINNINS  
 SSEIMTTFKDGKMPPELVEQKDVSLDINDMDMSKFKTIRLGRKDSEFKGQLIAKTGTVELD  
 MFFKQSQDPASIIKKIYLIQNGVPNELKKFDSSFGLTESQIDGYIYKDAINLKFKLTSG  
 ASLKVVYKQGEDPYSHQKEDMTKKGEQLSHSTQANENTAKVTFANIDWSHYSKVTVNGKE  
 VGKGSSELPLTKGWTTFVLHKTENSLNVKSLIMETGSVSKKVQQLPLSPRLSKNKHMRDML  
 LTMQKDSAYYETSDSLVLRINLTADTKLNFNAVKGASALTENMMMRQFAVAGPQDDPVSE  
 HKYPSVFLLT PALLETASEATLNGKEITASGIIGHIKDGDGSKHVEVKMVNENGDMLGTP  
 VIIQGKDLTNRTKPLMSGRRVLYAGKQYEFRAKLPLSRFNTWIRVEVVTEAGEKASIVRR  
 MFFDQSVPELNTAVAKRDLTSDTALIHIVAKDDSLKLYQDDSLLESVDKTLGLYSFRNG  
 VEITKDMTVPLEFGDNIKLSAVDLSNYRRNETLHIYRNRFDVKASQMTADKGAKVTVDM  
 LMKHLVPEMAGAYTLTIDEAPNTNESGMLTNAKVSIHYVNGGVDKVDVPIKVVDLEAIR  
 KAEAAHKADEARKAEAEARKAEAEARKAEAEARKAEAEHKTQEAPIVEEGYKVN NVHQDTTV  
 KASDLPKTKTVSAVHMARTDNKQITSHQTHVEKQIKN

## SEQ ID NO. 5112

STRAIN H36B frame: 2

GVQIYQYYIKMDNNKPYPYSPKDKTTVEKLEDRWKKITFKVQDTGIGLKD VY LQSVKYVGG  
 GNNNLDLITPPGFKKEDKKVEKPKLDRPPGIDLPAPTSMRSFDYSTPPGTKPSKPKDSLS  
 TTPGFPDLNTPPDEALKDSKKDAIEDKSGAIKYAKSLQLSFVDDPILASKVNGKILQVES  
 DGLKVI PRNALSANQFDDTSLKIYRNNNRNKEITITTDYFADTKYVNITAVDYLSNTTTFE  
 QLATGETVDYHAIVFSSFAAIKDKGGKIYVNDKLQETSRIALKDKSVKIGIELPNDVRHI  
 DLSVRRLENEVKTVDNILKNDEQDINLSKTYQLKYNPTNRRLEFTINNINSSEIMTTFK  
 DGKMPPELVEQKDVSLDINDMDMSKFKTIRLGRKDSEFKGQLIAKTGTVELDMFFKQSQDP  
 ASIIKKIYLIQNGVPNELKKFDSSFGLTESQIDGYIYKDAINLKFKLTSGASLKVVYK  
 QEDPYSHQKEDMTKKGEQLSHSTQANENTAKVTFANIDWSHYSKVTVNGKEVGKGSSELPL  
 TKGWTTFVLHKTENSLNVKSLIMETGSVSKKVQQLPLSPRLSKNKHMRDMLLTMQKDSAY  
 YETSDSLVLRINLTADTKLNFNAVKGASALTENMMMRQFAVAGPQDDPVSEHKYPSVFLLT  
 PALLETASEATLNGKEITASGIIGHIKDGDGSKHVEVKMVNENGDMLGTPVIIQGKDLT  
 NRTKPLMSGRRVLYAGKQYEFRAKLPLSRFNTWIRVEVVTEAGEKASIVRRMFFDQSVPE  
 LNTAVAKRDLTSDTALIHIVAKDDSLKLYQDDSLLESVDKTLGLYSFRNGVEITKDMTV  
 PLEFGDNIKLSAVDLSNYRRNETLHIYRNRFDVKASQMTADKGAKVTVDM LMKHLVPE  
 MAGAYTLTIDEAPNTNESGMLTNAKVSIHYVNGGVDKVDVPIKVVDLEAIRKAEAAHKA  
 DEARKAEAEARKAEAEARKAEAEARKAEAEHKTQEAPIVEEGYKVN NVHQDTTVKASDLPKTKTVSAVHMARTDNKQITSHQTH

## SEQ ID NO. 5113

STRAIN 18RS21 frame: 1

LNNKGVGGDGVQIYQYYIKMDNNKPYPYSPKDKTTVEKLEDRWKKITFKVQDTGIGLKD VY  
 LQSVKYVGGGNNNLDLITPPGFKKEDKKVEKPKLDRPPGIDLPAPTSMRSFDYSTPPGTK  
 PSKPKDSLSLSTPPGFPDLNTPPDEAPKDSKKDAIEDKSGAIKYAKSLQLSFVDDPILASKV  
 NGKILQVESDGLKVI PRNALSANQFDDTSLKIYRNNNRNKEITITTDYFADTKYVNITAV  
 DYLSNTTTFEQLATGETVDYHAIVFSSFAAIKDKGGKIYVNDKLQETSRIALKDKSVKIGI  
 ELPNDVRHIDSLSVRRLENEVKTVDNILKNDEQDINLSKTYQLKYNPTNRRLEFTINNINS  
 SSEIMTTFKDGKMPPELVEQKDVSLDINDMDMSKFKTIRLGRKDSEFKGQLIAKTGTVELD  
 MFFKQSQDPASIIKKIYLIQNGVPNELKKFDSSFGLTESQIDGYIYKDAINLKFKLTSG  
 ASLKVVYKQGEDPYSHQKEDMTKKGEQLSHSTQANENTAKVTFANIDWSHYSKVTVNGKE  
 VVKGSSELPLTKGWTTFVLHKTENSLNVKSLIMETGSVSKKVQQLPLSPRLSKNKHMRDML  
 LTMQKDSAYYETSDSLVLRINLTADTKLNFNAVKGASALTENMMMRQFAVAGPQDDPVSE  
 HKYPSVFLLT PALLETASEATLNGKEITASGIIGHIKDGDGSKHVEVKMVNENGDMLGTP  
 VIIQGKDLTNRTKPLMSGRRVLYAGKQYEFRAKLPLSRFNTWIRVEVVTEAGEKASIVRR  
 MFFDQSVPELNTAVAKRDLTSDTALIHIVAKDDSLKLYQDDSLLESVDKTLGLYSFRNG  
 VEITKDMTVPLEFGDNIKLSAVDLSNYRRNETLHIYRNRFDVKASQMTADKGAKVTVDM  
 LMKHLVPEMAGAYTLTIDEAPNTNESGMLTNAKVSIHYVNGGVDKVDVPIKVVDLEAIR  
 KAEAEARKAEAEARKAEAEARKAEAEARKAEAEHKTQEAPIVEEGYKVN NVHQDTTVKASDLPKTKTVSAVHMARTDNKQITSHQTHVE

## SEQ ID NO. 5114

STRAIN M732 frame: 1

LNNKGVGGDGVQIYQYYIKMDNNKPYPYSPKDKTTVEKLEDRWKKITFKVQDTGIGLKD VY



[illegible][illegible]

LNNKGVGGDGVQIQIYQYYIKMDNNKPYLSPKDKTTVEKLEDRWKKITEFKVQDTGIGLKDVY  
LQSVKYVGGGNNNLDLITPPGFKKEDKKVEKPKLDRPPGIDLPAPTSMRSFYDSTPPGK  
PSKPKDLSLSTPPGFPDLNTPPEATKG..KRRY.R.IRSN.IC.VSST.LC..PYFS.QS  
KWONITSRI.WQISHS.KCFVS.SI..H.S.NLS...SQ.RNYYHNRLFCRYKICQYHSG  
.LFEQYYI.AISYW.NSRLPCHCICFKLCCY.RQGW.DLC.R.IARNFSYA.R.IC.DWY  
.ITK.CQTY..FICSSFE.G.NC..YLEK..TRH.SQONLPKIQIPDKSSSRVYY..H.L  
KFRNHDFQRWKDARIG.TKRCFFGYKYRGHE.V.NYSTWTGKF.I.GTTYCKNWSN.IR  
YVQTISRPSFNY.KNIPYKWCSC.IEKI.L.FWFN.KSDRWILY.RCN.P.I.INQW  
KCS.SCL.RARRSI.SSERRYD.KR.TAQSFNSQ.KYSKSNLC.Y.LVTL.G.GYCEWKR  
SW.R..VTFN.RMDNICIT.NRKFIKC.KFDYGDG.CK.ESSTSEKS.II.K.AYEGYA  
TYYAKRFSVLNRN.KQSPSN.SHCY.T.F.CC.RSECSY.KYDDETVCSCWTTT.R.SC..  
T.IPISISLNSCLIGNC..GNSWK.GNHSIYYRSHQGW..KQAC.SQNGE.KWRHARNP  
CYISR.RLD.SNKTINEWT.STLCR.TI.VPG.ITT.SF.HLD.G.SGNRSRRESKYCSS  
HVL.PISSRA.HSSC.T.FDF.YCSYPHRCOR.LSKTKIISR.FIT.IC..NRSL.F.KW  
CRNH.RYDSTTRIWR.YY.VICC.LIKLSS..DPSYL.KPF.C.SKPNDS.QRS.SNCGY  
VDEALSCSRNGRSLYINNRRSSKHK.IRNVNKR.SIDSLSCKWVC..S.CSD.SS.LRSYS  
.S.RST.S.RST.S.RST.S.RST.S.RST.S.RST.SRRSTVKLRDIPKPKHL.LKKA  
TKLITFIKLILQLKRLIYQRLRQFPFIWLEOTINR.LHIRHML

GVQIYQYYIKMDNNKPYLSPKDKTTVEKLEDRWKKITFKVQDTGIGLKDVYLQSVKYVGG  
GNNNLDLITPPGFKKEDKKVEKPKLDRPPGIDLPAPTSMRSFDYSTPPGTKPSKPKDSLS

## SEQUENCE LISTING

TPPGFDPDLNTPPDEAPKDSKKDAIEDKSGAIKYAKSLQLSFVDDPILASKVNGKILQVES  
 DGKLVIPRNALSANQFDDTSLKIYRNNNRNKEITITTDYFADTKYVNITAVDYLSTNTTFF  
 QLATGETVDYHAIVFSFSAIKDKGKIIYVNDKLOETSRIALKDKSVKIGIELPNDVRHI  
 DSLSVRLNEVKTVDNLIKNDQDINLSKTYQLKYNPTNRRLEFTINNINSSSEIMTTFK  
 DGKMPPELVEQKDVSLDINDMDSKFETIRLGRKDSFEGKQLIAKTGTVELDMFFKQSQDP  
 ASI IKKIYLIQNGVPNELKKFDSSFGLTESQIDGYIYKDAINLKFKLTSGASLKVVYKG  
 QEDPYSHQKEDMTKXGEQLSHSTQANENTAKVTFANIDWSHYSKVTVNGKEVGKSELPL  
 TKGWTTTFVLHKTENSLNVKSLIMETGSVSKKVQQLPLSPRLSKNKHMRDMLLTMQKDSAY  
 YETSDSLVLRINLTADTKLNFNAVKGASALTENMMMRQFAVAGPQDDPVSEHKYPSVFLL  
 TPALLETASEATLNGKEITASGIIGHIKDGDGSKHVEVKMVNENGDMLGTPVIIQKDLT  
 NRTKPLMSGRRVLYAGKQYEFRAKLPLSRFNTWIRVEVVTEAGEKASIVRRMFFDQSVPE  
 LNTAVAKRDLTSDTALIHIVAKDDSLKLYQDDSLLESVDKTGLYSFRNGVEITKDMTV  
 PLEFGDNI IKLSAVDLNRYRNETLHIYRNRFDVKASQMTADKGAKVTVDMLMKHLVPE  
 MAGAYTLTIDEAPNTNESGMLTNAKVSIHYVNGGVKVDVPIKVVLDLEAIRKAEAAHKA  
 EARKAEAEARKAEAAHKAEEVRKAEAAHKEVEAP.S.RGT.NPRSTYS.RRLQG..RSSN.  
 YYS.SV.FTKD.DSFRSSYG.NRQ.TDNFTSDTC

SEQ ID NO. 5201

STRAIN 090

AGCGATACCTTTAATTTTGATATTGACCAAATTGCAGA  
 CAATGCTATCACTAAAACAGATAAAAACAGAAATTATTTCCAACCAGA  
 CAACAAGCCAAACTGGGCAAATTGCCTTTTTTGAAAACTAACACCAGCA  
 CAAAAGTCTGCTATCTCTGAAAAACACCAGCTTTGGTAGATACTTTTGT  
 CGGCGATCAAAATGCGCTCCTTGATTTGGACAATCCGCAGTAGAAGGCG  
 TTAATACCACTGTTAATCATATCTTGCTGAGCAGAAAAAATTCAAATT  
 CCTCAAGTTGATGATTTACTAAAAATGCTAATCGCGAACTAAATGGATT  
 TATTGCCAAATATAAAGATGCTACTCCGGCAGAAATTAgAGAAAAAACCAA  
 ACTTGATTCAAAATTATTCAAACAAAGCAAGACCTCGCTACAGGAATTT  
 TATTTTGACTCACAAAACATCGAGCAAAAAATGGATATGATGGCaGCGAA  
 TGTTGTCAAACAAGAAGATACTTTGGCAAGAAATATCGTCTCTGCTGAAA  
 TGCTCATTGAAGATAATACTAAATCTATTGAAAATTTGGTTGGAGTTATT  
 GCTttTATTGAATCgAGTCAAGCCGAGGCTGCTAATCGTGCAaGCCACTT  
 ACAACAAGAAATTTCTAGCATTAGATAGCCaAACGTcCGAGTATCAAATa  
 AAAGTaACCAATTAGCTCGAATGACTGAAGTTATCAATACCCTCGAACAG  
 CAACATACTGAATATGTCAGCCGTCTCTACGTTGCATGGGCAACAACACC  
 ACAGATGCCAAACTTGGTCAAAGTATCGTCAGATATCGCTCAGAAACTTG  
 GCATGTTACGTCGAAATACCATTCACAATGAACTCTCAATCGCTCAG  
 TTAGGCATGATGCAACAATCTGTCAAATCCGGTGTCACTGCTGATGCTAT  
 TGTCAACGCTAATAATGCAGCATTGCAGATGCTGGCTGAACTAGTAAAG  
 AAGCGATTCCGATGTTAGAGAAGACCGCACAAAGCCCACTGTTTCTATT  
 AAATCTGTCACTGCATTAGCTGAAAGCTTAGTGGCTCAAAATAATGGTAT  
 TATCGCTGCCATGACAAAGGACGTAAAGAACGTGCCCaATTGGAATCTG  
 CTGTTATTAAATCGGCTGAAACAATCAATGATTCTGTCAAATTCGTGAT  
 AAAAAAATAGTTGAAGCCTTACTCAACGAAGGTaAATCTACCCAAGAAAA  
 AGTTGATGAGTCT

SEQ ID NO. 5202

STRAIN A909

AGCGATACCTTTAATTTTGATATTGACCAAATTGCAGA  
 CAATGCTATCACTAAAACAGATAAAAACAGAAATTATTTCCAACCAGA  
 CAACAAGCCAAACTGGGCAAATTGCCTTTTTTGAAAACTAACACCAGCA  
 CAAAAGTCTGCTATCTCTGAAAAACACCAGCTTTGGTAGATACTTTTGT  
 CGGTGACCAAAATGCGCTCCTTGATTTGGACAATCCGCAGTAGAAGGCG  
 TTAATACCACTGTTAATCATATCTTGCTGAGCAGAAAAAATTCAAATT  
 CCTCAAGTTGATGATTTACTAAAAATGCTAATCGCGAACTAAATGGATT  
 TATTGCCAAATATAAAGATGCTACTCCGGCAGAAATTAGAGAAAAAACCAA  
 ACTTGATTCAAAATTATTCAAACAAAGCAAGACCTCGCTACAGGAATTT  
 TATTTTGACTCACAAAACATCGAGCAAAAAATGGATATGATGGCAGCGAA  
 TGTTGTCAAACAAGAAGATACTTTGGCAAGAAATATCGTCTCTGCTGAAA  
 TGCTCATTGAAGATAATACTAAATCTATTGAAAATTTGGTTGGAGTTAwT  
 GCTTTTATTGAATCGAGTCAAGCCGAGGCTGCCAATCGTGCAAGCCACTT  
 ACAACAAGAAATTTCTAGCATTAGATAGCCAAACGTCCGAGTATCAAATTA  
 AAAGTAACCAATTAGCTCGAATGACTGAAGTTATCAATACCCTCGAACAG  
 CAACATACTGAATATGTCAGCCGTCTCTACGTTGCATGGGCAACAACACC

## SEQUENCE LISTING

ACAGATGCGAAACTTGGTCAAAGTATCGTCAGATATGCGTCAAAAACCTTG  
GCATGTTACGTCGAAATACCATTCCAACaATGAAACTCTCAATCGCTCAG  
TTAGGCATGATGCAACAATCTGTCAAATCCGGTGTCACTGCTGATGCTAT  
TGTCACGCTAATAATGCAGCATTGCAGATGCTGGCTGAAACTAGTAAAG  
AAGCGATTCCGATGTTAGAGAAGACCGCACAAAGCCCCACTGTTTCTATT  
AAATCTGTCACTGCATTAGCTGAAAGCTTAGTGGCTCAAAATAATGGTAT  
TATCGTGCCATAGACAAAGGACGTAAGAAGCTGCCCAATTAGAATCTG  
CTGTTATTAAATCGGCTGAAACAATCAATGATTCTGTCAAATTCGTGAT  
AAAAAATAGTTGAAGCCTTACTCAACGAAGGTaAATCTACCCAAGAAAA  
AGtTGATGAGTCT

## SEQ ID NO. 5203

## STRAIN H36B

AGCGaTACCTTTAATTTTGATATTGACCAAATTGCAGAC  
AATGCTATCACTAAAACAGATAAAAACAACAGAAATTATTTCCAACCAGAC  
AACAAGCCAAACTGGGCAAATTGCCTTTTGTGAAAACTAACACCAGCAC  
AAAAGTCTGCTATCTCTGAAAAAACACCAGCTTTGGTAGATACTTTTGTCT  
GGTGACCAAATGCGCTCCTTGATTTTGGACAATCCGCAGTAGAAGGCGT  
TAATACCACTGTTAATCATATCTTGTCTGAGCAGAAAAAATTCAAATTC  
CTCAAGTTGATGATTTACTAAAAAATGCTAATCGCGAACTAAATGGATTT  
ATTGCCAAATATAAAGATGCTACTCCGGCAGAATTAGAGAAAAAACCAA  
CTTGATTCAAAATTTATTCAAACAAAGCAAGACCTCGCTACAGGAATTTT  
ATTTTGACTCACAAAACATCGAGCAAAAAATGGATATGATGGCAGCGAAT  
GTTGTCAAACAAGAAGATACTTTGGCAAGAAATATCGTCTCTGCTGAAAT  
GCTCATTTGAAGATAATACTAAATCTATTGAAAATTTGGTTGGAGTTATTG  
CTttTATTGAATCGAGTCAAGCCGAgGCTGCCAATCGTGCAAGCCACTTA  
CAACAAGAAATTCTAGCATTAGATAGCCAAACGTcCGAGTATCAAATTA  
AAGTAACCAATTAGCTCGAATGACTGAAGTTATCAATACCCTCGAACAGC  
AACATACTGAATATGTCAAGCGTCTCTACGTTGCATGGGCAACAACACCA  
CAGATGCGAAACTTGGTCAAAGTATCGTCAGATATGCGTCAAAAACCTTGG  
CATGTTACGTCGAAATACCATTCCAACaATGAAACTCTCAATCGCTCAGT  
TAGGCATGATGCAACAATCTGTCAAATCCGGTGTCACTGCTGATGCTATT  
GTCAACGCTAATAATGCAGCATTGCAGATGCTGGCTGAACTAGTAAAGA  
AGCGATTCCGATGTTAGAGAAGACCGCACAAAGCCCCACTGTTTCTATTA  
AATCTGTCACTGCATTATCTGAAAGCTTAGTGGCTCAAAATAATGGTATT  
ATCGCTGCCATAGACAAAGGACGTAAGAAGCTGCCCAATTAGAATCTGC  
TGTTATTAAATCGGCTGAAACAATCAATGATTCTGTCAAATTCGTGATa  
AAAAAATAGTTGAAGCCTTACTCAaCGAAGGTaAATCTACCCAAGAAAA  
GTTGATGAGTCT

## SEQ ID NO. 5204

## STRAIN 18S21

TTTTGATATTGACCAAATTGCAGACAATGCTATCACTAAAACAGATAAAA  
CAACAGAAATTTTCCAACCAGACAACAAGCCAAACTGGGCAAATTGCC  
TTTTTTGAAAACTAACACCAGCACAAAAGTCTGCTATCTCTGAAAAAAC  
ACCAGCTTTGGTAGATACTTTTGTGGCGATCAAATGCGCTCCTTGATT  
TTGGACAATCCGCAGTAGAAGGCGTTAATACCACTGTTAATCATATCTTG  
TCTGAGCAGAAAAAATTCAAATTCCTCAAGTTGATGATTTACTAAAAAA  
TGCTAATCGCGAACTAAATGGATTTATTGCCAAATATAAAGATGCTACTC  
CGGCAGAATTAGAGAAAAAACCAAATTTGATTCAAAAATTATTCAAACAA  
AGCAAGACCTCGCTACAGGAATTTTATTGACTCACAAAACATCGAGCA  
AAAAATGGATATGATGGCAGCGAATGTTGTCAAACAAGAAGATACTTTGG  
CAAGAAATATCGTCTCTGCTGAAATGCTCATTGAAGATAATACTAAATCT  
ATTGAAAATTTGGTTGGAGTTATTGCTTTTATTGAATCGAGTCAAGCCGA  
GGCTGCTAATCGTGCAAGCCACTTACAACAAGAAATTTCTAGCATTAGATA  
GCCAAACGTCAGAGTATCAAATTTAAAGTAACCAATTAGCTCGAATGACT  
GAAGTTATCAATACCCTCGAACAGCAACATCCTGAATATGTGAGCCGTCT  
CTACGTTGCATGGGCAACAACACCACAGATGCGAAACTTGGTCAAAGTAT  
CGTCAGATATGCGTCAGAACTTGGCATGTACGTGCAAAATACCATTCCA  
ACAATGAACTCTCAATCGCTCAGTTAGGCATGATGCAACAATCTGTCAA  
ATCCGGTGTCACTGTGATGCTATTGTCAACGCTAATAATGCAGCATTGC  
AGATGCTGGCTGAACTAGTAAAGAAGCGATTCCGATGTTAGAGAAGACC  
GCACAAAGCCCCACTGTTTCTATTAAATCTGTCACTGCATTAGCTGAAAG  
CTTAGTGGCTCAAAATAATGGTATTATCGCTGCCATAGACAAAGGACGTA

## SEQUENCE LISTING

AGGAACGTGCCCATTGGAATCTGCTGTTATTAAATCGGCTGAAACAATC  
AATGATTCTGTCAAATTCGTGATAAAAAATAGTTGAAGCCTTACTCAA  
CGAAGGTAAATCTACCCAAGAAAAAGTTGATGAGTCT

SEQ ID NO. 5205

STRAIN M732

AGCGATACCTTTAATTTTGATATTGACCAAATTGCAGAC  
AATGCTATCACTAAACAGATAAAACAAACAGAAATTATTTCCAACCAGAC  
AACAAAGCCAACTGGGCAAATTGCCTTTTGGAAAACTAACACCAGCAC  
AAAAGTCTGCTATCTCTGAAAAAACACCAGCTTTGGTAGATACTTTTGTCT  
GGTGACCAAAATGCGCTCCTTGATTTTGGACAATCCGCAGTAGAAGGCGT  
TAATACTACTGTTAATCATATCTTGTCTGAGCAGAAAAAATTCAAATTC  
CTCAAGTTGATGATTTACTAAAAAATGCTAATCGCGAACTAAATGGATTT  
ATTGCCAAATATAAAGATGCTACTCCGGCAGAATTAGAGAAAAACCAAA  
CTTGATTCAAATTTATTCAAACAAAGCAAGACCTCGCTACAGGAATTTT  
ATTTTGACTCACAAAACATCGAGCAAAAAATGGATATGATGGCAGCAAAT  
GTTGTCAAACAAGAAGATACTTTGGCAAGAAATATCGTCTCTGCTGAAAT  
GCTCATTGAAGATAATACTAAATCTATTGAAAAATTTGGTTGGAGTTATTG  
CTTTTATTGAATCGAGTCAAGCCGAGGCTGCCAATCGTGAAGCCACTTA  
CAACAAGAAATTCTAGCATTAGATAGCCAAACGTCGGAATATCAAATTAA  
AAGTAACCAATTAGCCCGAATGACTGAAGTTATCAATACCCCTCGAACAGC  
AACATACGGAATATGTGAGCCGCTCTCTACGTTGCATGGGCAACAACACCA  
CAGATGCGAAACTTGGTCAAAGTATCGTCAGATATGCGTCAGAACTTGG  
TATGTTACGTGCAAAATACCATTTCAACAATGAACTCTCAATCGCTCAGT  
TAGGCATGATGCAACAATCTGTCAAATCCGGTGTCACTGCTGATGCTATT  
GTCAACGCTAATAATGCAGCATTGCAAATGCTGGCTGAAACTAGTAAAGA  
AGCGATTCCGATGTTAGAGAAGACCGCACAAAGCCCCACTGTTTCTATTA  
AATCTGTCACTGCATTAGCTGAAAGCTTAGTGGCTCAAATAATGGTATT  
ATCGCTGCCATAGACAAAGGACGTAAGGAACGTGCCCAATTAGAATCTGC  
TGTTATTAAATCGGCTGAAACAATCAATGATTCTGTCAAATTCGTGATA  
AAAAAATAGTTGAAGCCTTACTCAACGAAGGTAAATCTACCCAAGAAAA  
G

SEQ ID NO. 5206

STRAIN COH1

CTAAACAGATAAAACAAACAGAAATTATTTCCAACCAGACAAACAAGCCAA  
ACTGGGCAAATTGCCTTTTGGAAAACTAACACCAGCACAAAAGTCTGC  
TWTCTCTGAAAAAACACCAGCTTTGGTAGATACTTTTGTGCGTGACCAA  
ATGCGCTCCTTGATTTTGGACAATCCGCAGTAGAAGGCGTTAATACTACT  
GTAAATCATATCTTGTCTGAGCAGAAAAAATTCAAATTCCTCAAGTTGA  
TGATTTACTAAAAATGCTAATCGCGAACTAAATGGATTATTGCCAAAT  
ATAAAGATGCTACTCCGGCAGAAATTAGAGAAAAAACCAACTTGATTCAA  
AAATTATTCAAACAAAGCAAGACCTCGCTACAGGAATTTTATTTTGACTC  
ACAAAACATCGAGCAAAAAATGGATATGATGGCAGCAATGTTGTCAAAC  
AAGAAGATACTTTGGCAAGAAATATCGTCTCTGCTGAAATGCTCATTTGAA  
GATAATACTAAATCTATTGAAAATTTGGTTGGAGTTATTGCTTTTATTGA  
ATCGAGTCAAGCCGAGGCTGCCAATCGTGCAAGCCACTTACAACAAGAAA  
TTCTAGCAATTAGATAGCCAAACGTCGGAATATCAAATTTAAAGTAACCAA  
TTAGCCCGAATGACTGAAGTTATCAATaCCCTCGAACAGCAACATACGGA  
aTATGTGAGCCGCTCTCTACGTTGCATGGGCAACAACACCACAGATGCGAA  
ACTTGGTCAAAGTATCGTCAGATATGCGTCAGAACTTGGTATGTTACGT  
CGAAATACCATTTCAACAATGAACTCTCAATCGCTCAGTTAGGCATGAT  
GCAACAATCTGTCAAATCCGGTGTCACTGCTGATGCTATTGTCAACGCTA  
ATAATGCAGCATTGCAAATGCTGGCTGAACTAGTAAAGAAGCGATTCCG  
ATGTTAGAGAAGACCGCACAAAGCCCCACTGTTTCTATTAAATCTGTAC  
TGCATTAGCTGAAAGCTTAGTGGCTCAAATAATGGTATTATCGCTGCCA  
TAGACAAAGGACGTAAGGAACGTGCCCAATTAGAATCTGCTGTTATTAAA  
TCGGCTGAAACAATCAATGATTCTGTCAAATTCGTGATAAAAAAATAGT  
TGAAGCCTTACTCAaCGAAGGTAAATCTACCCAAGAAAAAGTTGATGAGT  
CT

SEQ ID NO. 5207

STRAIN M781

TTTTGATATTGACCAAATTGCAGACAATGCTATCACTAAACAGATAAAA

## SEQUENCE LISTING

CAACAGAAATTATTTCCAACCAGACAACAAGCCAACTGGGCAAATTGCC  
 TTTTTTGAAAACTAACACCAGCACAAAAGTCTGCTATCTCTGAAAAAC  
 ACCAGCTTTGGTAGATACTTTTGTGGTGACCAAAATGCGCTCCTTGATT  
 TTGGACAATCCGCAGTAGAAGGCGTTAATACTACTGTAATCATATCTTG  
 TCTGAGCAGAAAAAATTCAAATTCCTCAAGTTGATGATTTACTAAAAAA  
 TGCTAATCGCGAACTAAATGGATTTATTGCCAAATATAAAGATGCTACTC  
 CGGCAGAATTAGAGAAAAAACCAAACTTGATTCAAAAATTATTCAAACAA  
 AGCAAGACCTCGCTACAGGAATTTTATTTTGAATCACAACATCGAGCA  
 AAAAATGGATATGATGGCAGCAAATGTTGTCAAACAAGAAGATACTTTGG  
 CAAGAAATATCGTCTCTGCTGAAATGCTCATTGAAGATAATACTAAATCT  
 ATTGAAAATTTGGTTGGAGTTATTGCTTTTATTGAATCGAGTCAAGCCGA  
 GGCTGCCAATCGTGCAAGCCACTTACAACAAGAAATCTAGCATTAGATA  
 GCCAAACGTCCGAATATCAAATTAAGTAACCAATTAGCCCGAATGACT  
 GAAGTTATCAATACCCCTCGAACAGCAACATACGGAATATGTCAGCCGTCT  
 CTACGTTGCATGGGCAACACACAGATGCGAACTTGGTCAAAGTAT  
 CGTCAGATATCGTGCAGAACTTGGTATGTTACGTCGAAATACCATCCA  
 ACAATGAACTCTCAATCGCTCAGTTAGGCATGATGCAACAATCTGTCAA  
 ATCCGGTGTCACTGCTGATGCTATTGTCAACGCTAATAATGCAGCATTGC  
 AAATGCTGGCTGAACTAGTAAAGAAGCGATTCCGATGTTAGAGAAGACC  
 GCACAAAGCCCCACTGTTCTATTAAATCTGTCACTGCATTAGCTGAAAG  
 CTTAGTGGCTCAAAATAATGGTATTATCGCTGCCATAGACAAAGGACGTA  
 AGGAACGTGCCCAATTAGAATCTGCTGTTATTAAATCGGCTGAAACAATC  
 AATGATTCTGTCAAAATTCGTGATAAAAAATAGTTGAAGCCTTACTCAA  
 CGAAGGTAAATCTACCCAAGAAAAAGTTGATGAGTCT

SEQ ID NO. 5208

STRAIN CJB110

TTTTGATATTGACCAAAATGCAGACAATGCTATCACTAAAACAGATAAAA  
 CAACAGAAATTATTTCCAACCAGACAACAAGCCAACTGGGCAAATTGCC  
 TTTTTTGAAAACTAACACCAGCACAAAAGTCTGCTATCTCTGAAAAAC  
 ACCAGCTTTGGTAGATACTTTTGTGGCGATCAAATGCGCTCCTTGATT  
 TTGGACAATCCGCAGTAGAAGGCGTTAATACTACTGTAATCATATCTTG  
 TCTGAGCAGAAAAAATTCAAATTCCTCAAGTTGATGATTTACTAAAAAA  
 TGCTAATCGCGAACTAAATGGATTTATTGCCAAATATAAAGATGCTACTC  
 CGGCAGAATTAGAGAAAAAACCAAACTTGATTCAAAAATTATTCAAACAA  
 AGCAAGACCTCGCTACAGGAATTTTATTTTGAATCACAACATCGAGCA  
 AAAAATGGATATGATGGCAGCAATGTTGTCAAACAAGAAGATACTTTGG  
 CAAGAAATATCGTCTCTGCTGAAATGCTCATTGAAGATAATACTAAATCT  
 ATTGAAAATTTGGTTGGAGTTATTGCTTTTATTGAATCGAGTCAAGCCGA  
 GGCTGCTAATCGTGCAAGCCACTTACAACAAGAAATCTAGCATTAGATA  
 GCCAAACGTCCGAGTATCAAATTAAGTAACCAATTAGCTCGAATGACT  
 GAAGTTATCAATACCCCTCGAACAGCAaCATACTGAATATGTCAGCCGTCT  
 CTACGTTGCATGGGCAaCaACACCACAGATGCGAACTTGGTCAAAGTAT  
 CGTCAGATATGCGTCAGAACTTGGCATGTTACGTCGAAATACCATCCA  
 ACAATGAACTCTCAATCGCTCAGTTAGGCATGATGCAACAATCTGTCAA  
 ATCCGGTGTCACTGCTGATGCTATTGTCAACGCTAATAATGCAGCATTGC  
 AGATGCTGGCTgAACTAGTAAAGAAGCGATTCCGATGTTAGAGAAGACC  
 GCACAAAGCCCCACTGTTCTATTAAATCTGTCACTGCATTAGCTGAAAG  
 CTTAGTGGCTCAAAATAATGGTATTATCGCTGCCATAGACAAAGGACGTA  
 AGGAaCGTGCCCAATTGGAATCTGCTGTTATTAAATCGGCTGAAACAATC  
 AATGATTCTGTCAAAATTCGTGATAAAAAATAGTTGAAGCCTTACTCAA  
 CGAAGGTAAATCTACCCAAGAAAAAGTTGATGAGTCT

SEQ ID NO. 5209

STRAIN 1169NT

GCAGACAATGCTATCACTAAAACAGATAAAAACAACAGAAATTATTTCCAA  
 CCAGACAACAAGCCAACTGGGCAAATTGCCTTTTTTGAAAACTAACAC  
 CAGCACAAAAGTCTGCTATCTCTGAAAAACACCAGCTTTGGTAGATACT  
 TTTGTGGTGACCAAAATGCGCTCCTTGATTTTGGACAATCCGCAGTAGA  
 AGGCGTTAATACCCTGTTAATCATATCTTGTCTGAGCAGAAAAAATTC  
 AAATTCCTCAAGTTGATGATTTACTAAAAAATGCTAATCGCGAACTAAAT  
 GGATTTATTGCCAAATATAAAGATGCTACTCCGGCAGAATTAGAGAAAA  
 ACCAACTTGATCCAAAAATTATTCAAACAAGCAAGACCTCACTACAGG  
 AATTTTATTTTGAATCACAACATCGAGCAAAAAATGGATATGATGGCA

## SEQUENCE LISTING

GCAAAATGTTGTCAAACAAGAAGATACTTTGGCAAGAAATATCGTCTCTGC  
 TGAATGCTCATTGAAGATAATACTAAATCTATTGAAAATTTGGTTGGAG  
 TTATTGCTTTTATTGAATCGAGTCAAGCCGAGGCTGCCAATCGTGCAAGC  
 CACTTACAACAAGAAATCTAGCATTAGATAGCCAAACGTCGAGTATCA  
 AATTAAAAGTAACCAATTAGCTCGAATGACTGAAGTTATCAATACCCTCG  
 AaCAGCAACATACTGAATATGTAGAGAGACCGCACAAAGCCCCACTGTTT  
 aCACCACAGATGCGAAACTTGGTCAAAGTATCGTCAGATATGCGTCAAAA  
 ACTTGGCATGTTACGTCGAAATACCATTCCAACAATGAACTCTCAATCG  
 CTCAGTTAGGCATGATGCAACAATCTGTCAAATCCGGTGTCACTGCTGAT  
 GCTATTGTCAACGCTAATAATGCAGCATTGCAGATGCTGGCTGAACTAG  
 TAAAGAAGCGATTCCGATGTTAGAGAAGACCGCACAAAGCCCCACTGTTT  
 CTATTAAATCTGTCACTGCATTAGCTGAAAGCTTAGTGGCTCAAAATAAT  
 GGTATTATCGCTGCCATAGACAAAGGACGTAAGGAACGTGCCCAATTAGA  
 ATCTGCTGTTATTAAATCGGCTGAAACAATCAATGATTCTGTCAAAATTC  
 GTGATAAAAAAATAGTTGAAGCCTTACTCAACGAAGGTaAATCTACCCAA  
 GAAAAAGTTGATGAGTCT

SEQ ID NO. 5210

STRAIN JM9130013

AGCGATACCTTTAATTTTGATATTGACCAAATTGCAGAC  
 AATGCTATCACTAAAACAGATAAAACAACAGAAATTATTTCCAACCAGAC  
 AACAAGCCAAACTGGGCAAATTGCCCTTTTTGAAAACTAACACCAGCAC  
 AAAAGTCTGCTATCTCTGAAAAACACCAGCTTTGGTAGATACTTTTGTC  
 GGTGACCAAATGCGCTCCTTGATTTTGGACAATCCGAGTAGAAGGCGT  
 TAATACCAGTGTAAATCATATCTTGTCTGAGCAGAAAAAATTCAAATTC  
 CTCAGTTGATGATTTACTAAAAATGCTAATCGCGAACTAAATGGATTT  
 ATTGCCAAATATAAAGATGCTACTCCGGCAGAATTAGAGAAAAACCAAA  
 CTTGATTCAAAAATTTATCAACAAGCAAGACCTCGCTACAGGAATTTT  
 ATTTTGACTCAAAAACATCGAGCAAAAAATGGATATGATGGCAGCGAAT  
 GTTGTCAAACAAGAAGATACTTTGGCAAGAAATATCGTCTCTGCTGAAAT  
 GCTCATTTGAAGATAATACTAAATCTATTGAAAATTTGGTTGGAGTTATTG  
 CTTTTATTGAATcGAGTCAAGCCGAGGCTGCCAATCGTGCAAGCCACTTA  
 CAACAAGAAATTTAGCATTAGATAGCCAAACGTCGAGTATCAAAATaA  
 AAGTaACCAATTAGCTCGAATGACTGAAGTTATCAATACCCTCGAACAGC  
 AACATACTGAATATGTCAGCCGTCTCTACGTTGCATGGGCAACAACACCA  
 CAGATGCGAACTTGGTCAAAGTATCGTCAGATATGCGTCAAAAACCTTGG  
 CATGTTACGTCGAAATACCATTCCAACAATGAACTCTCAATCGCTCAGT  
 TAGGCATGATGCAACAATCTGTCAAATCCGGTGTCACTGCTGATGCTATT  
 GTCAACGCTAATAATGCAGCATTGCAGATGCTGGCTGAACTAGTAAAGA  
 AGCGATTCCGATGTTAGAGAAGACCGCACAAAGCCCCACTGTTTCTATTA  
 AATCTGTCACTGCATTAGCTGAAAGCTTAGTGGCTCAAAATAATGGTATT  
 ATCGCTGCCATAGACAAAGGaCGTAAGGAACGTGCCCAATTAGAATCTGC  
 TGTTATTAAATCGGCTGAAACAATCAATGATTCTGTCAAAATTCGTGATA  
 AAAAAATAGTTGAAGCCTTACTCAACGAAGGTaAATCTACCCAGAAAAA  
 GTTGATGAGTCT

SEQ ID NO. 5211

STRAIN 2603

agcgataccttttaattttgatattgaccaaattgcagacaatgctatcac  
 taaaacagataaaacaacagaaattatttccaaccagacaacaagccaaa  
 ctgggcaaattgccttttttgaaaaactaacaccagcacaaaagtctgct  
 atctctgaaaaaacaccagcttttggtagatacttttgcggcgatcaaaa  
 tgcgctccttgattttggacaatccgcagtagaaggcgtaataaccactg  
 ttaatcatatcttgtctgagcagaaaaaattcaaattcctcaagttgat  
 gatttactaaaaaatgctaactcggaactaaatggatttattgccaataa  
 taaagatgctactccggcagaatttagagaaaaaccaaacttgattcaaa  
 aattattcaacaagaagcaagacctcgctacaggaattttattttgactca  
 caaacatcgagcaaaaaatggatatgatggcagcgaatgttgtcaaca  
 agaagatactttggcaagaaatatcgctctgctgaaatgctcattgaag  
 ataataactaaatctattgaaaatttggttgagttattgcttttattgaa  
 tcgagtcgaagccgaggtgctaactcgtagcaagccacttacaacaagaaat  
 tctagcattagatagccaaacgtccgagtatcaaattaaaagtaaccaat  
 tagctcgaatgactgaagttatcaataccctcgaacagcaacatcctgaa  
 tatgtcagccgtctctacgttgcatgggcaacaacaccacagatgcgaaa

## SEQUENCE LISTING

cttgggtcaaagtatcgctcagatatgcgtcagaaacttggcatgttacgtc  
gaaataccattccaacaatgaaactctcaatcgctcagttaggcatgatg  
caacaatctgtcaaatccggtgtcactgctgatgctattgtcaacgctaa  
taatgcagcattgcagatgctgggtgaaactagtaaaagaagcgattccga  
tgttagagaagaccgcacaaagccccactgtttctattaaatctgtcact  
gcattagctgaaagcttagtggtcaaaataatggtattatcgctgccat  
agacaaaggacgtaaggaacgtgcccaattggaatctgctgttattaaat  
cggctgaaacaatcaatgattctgtcaaaattcgtgataaaaaaatagtt  
gaagccttactcaacgaaggtaaatctaccaagaaaaagttgatgagtc  
t

## SEQ ID NO. 5212

STRAIN \_090 frame: 1

SDTFNFDIDQIADNAITKTDKTEIISNQTTSQTGQIAFFEKLTPAQKSAISEKTPALVD  
TFVGDQNALLDGQSAVEGVNTTVNHILSEQKKIQIPQVDDLLKNANRELNGFIAKYKDA  
TPAELEKKPNLIQKLFQSKTSLQEFYFDSQNIQKMDMMAANVVKQEDTLARNIVSAEM  
LIEDNTKSIENLVGVIAFIESSQAEANRASHLQOEILALDSQTSEYQIKSNQLARMTEV  
INTLEQQHTEYVSRLYVAVATTPQMRNLVKVSSDMRQKLGMLRRNTIPTMKLSIAQLGMM  
QQSVKSGVTADAIVNANNAALQMLAETSKEAIPMLEKTAQSPTVSIKSVTALAESLVAQN  
NGIIAAIDKGRKERAQLES AVIKSAETINDSVKIRDKKIVEALLNEGKSTQEKVDES

## SEQ ID NO. 52013

STRAIN A909 frame: 1

SDTFNFDIDQIADNAITKTDKTEIISNQTTSQTGQIAFFEKLTPAQKSAISEKTPALVD  
TFVGDQNALLDGQSAVEGVNTTVNHILSEQKKIQIPQVDDLLKNANRELNGFIAKYKDA  
TPAELEKKPNLIQKLFQSKTSLQEFYFDSQNIQKMDMMAANVVKQEDTLARNIVSAEM  
LIEDNTKSIENLVGVIAFIESSQAEANRASHLQOEILALDSQTSEYQIKSNQLARMTEV  
INTLEQQHTEYVSRLYVAVATTPQMRNLVKVSSDMRQKLGMLRRNTIPTMKLSIAQLGMM  
QQSVKSGVTADAIVNANNAALQMLAETSKEAIPMLEKTAQSPTVSIKSVTALAESLVAQN  
NGIIAAIDKGRKERAQLES AVIKSAETINDSVKIRDKKIVEALLNEGKSTQEKVDES

## SEQ ID NO. 5214

STRAIN H36B frame: 1

SDTFNFDIDQIADNAITKTDKTEIISNQTTSQTGQIAFFEKLTPAQKSAISEKTPALVD  
TFVGDQNALLDGQSAVEGVNTTVNHILSEQKKIQIPQVDDLLKNANRELNGFIAKYKDA  
TPAELEKKPNLIQKLFQSKTSLQEFYFDSQNIQKMDMMAANVVKQEDTLARNIVSAEM  
LIEDNTKSIENLVGVIAFIESSQAEANRASHLQOEILALDSQTSEYQIKSNQLARMTEV  
INTLEQQHTEYVSRLYVAVATTPQMRNLVKVSSDMRQKLGMLRRNTIPTMKLSIAQLGMM  
QQSVKSGVTADAIVNANNAALQMLAETSKEAIPMLEKTAQSPTVSIKSVTALSLSLVAQN  
NGIIAAIDKGRKERAQLES AVIKSAETINDSVKIRDKKIVEALLNEGKSTQEKVDES

## SEQ ID NO. 5215

STRAIN 18RS21 frame: 2

FDIDQIADNAITKTDKTEIISNQTTSQTGQIAFFEKLTPAQKSAISEKTPALVDTFVGD  
QNALLDGQSAVEGVNTTVNHILSEQKKIQIPQVDDLLKNANRELNGFIAKYKDATPAEL  
EKKPNLIQKLFQSKTSLQEFYFDSQNIQKMDMMAANVVKQEDTLARNIVSAEMLIEDN  
TKSIENLVGVIAFIESSQAEANRASHLQOEILALDSQTSEYQIKSNQLARMTEVINTLE  
QQHPEYVSRLYVAVATTPQMRNLVKVSSDMRQKLGMLRRNTIPTMKLSIAQLGMMQQSVK  
SGVTADAIVNANNAALQMLAETSKEAIPMLEKTAQSPTVSIKSVTALAESLVAQNNGIIA  
AIDKGRKERAQLES AVIKSAETINDSVKIRDKKIVEALLNEGKSTQEKVDES

## SEQ ID NO. 5216

STRAIN M732 frame: 1

SDTFNFDIDQIADNAITKTDKTEIISNQTTSQTGQIAFFEKLTPAQKSAISEKTPALVD  
TFVGDQNALLDGQSAVEGVNTTVNHILSEQKKIQIPQVDDLLKNANRELNGFIAKYKDA  
TPAELEKKPNLIQKLFQSKTSLQEFYFDSQNIQKMDMMAANVVKQEDTLARNIVSAEM  
LIEDNTKSIENLVGVIAFIESSQAEANRASHLQOEILALDSQTSEYQIKSNQLARMTEV  
INTLEQQHTEYVSRLYVAVATTPQMRNLVKVSSDMRQKLGMLRRNTIPTMKLSIAQLGMM  
QQSVKSGVTADAIVNANNAALQMLAETSKEAIPMLEKTAQSPTVSIKSVTALAESLVAQN  
NGIIAAIDKGRKERAQLES AVIKSAETINDSVKIRDKKIVEALLNEGKSTQEK

## SEQ ID NO. 5217

STRAIN COH1 frame: 3

KTDKTEIISNQTTCQTGQIAFFEKLTPAQKSAXSEKTPALVDTFVGDQNALLDGQSAV

## SEQUENCE LISTING

EGVNTTVNHILSEQKKIQIPQVDDLLKNANRELNGFIAKYKDAPAELEKKPNLIQKLFK  
QSKTSLQEFYFDSQNIQKMDMMAANVVKQEDTLARNIVSAEMLIEDNTKSIENLVGVIA  
FIESSQAEANRASHLQOEILALDSQTSEYQIKSNQLARMTEVINTLEQQHTEYVSRLYV  
AWATTPQMRNLVKVSSDMRQKLGMLRRNTIPTMKLSIAQLGMMQSVKSGVTADAIVNAN  
NAALQMLAETSKEAIPMLEKTAQSPTVSIKSVTALAESLVAQNNGIIAAIDKGRKERAQL  
ESAVIKSAETINDSVKIRDKKIVEALLNEGKSTQEKVDES

## SEQ ID NO. 5218

STRAIN COH1 frame: 3

KTDKTEIISNQTTCTGQIAFFEKLTPAQKSAXSEKTPALVDTFVGDNALLDFGQSAV  
EGVNTTVNHILSEQKKIQIPQVDDLLKNANRELNGFIAKYKDAPAELEKKPNLIQKLFK  
QSKTSLQEFYFDSQNIQKMDMMAANVVKQEDTLARNIVSAEMLIEDNTKSIENLVGVIA  
FIESSQAEANRASHLQOEILALDSQTSEYQIKSNQLARMTEVINTLEQQHTEYVSRLYV  
AWATTPQMRNLVKVSSDMRQKLGMLRRNTIPTMKLSIAQLGMMQSVKSGVTADAIVNAN  
NAALQMLAETSKEAIPMLEKTAQSPTVSIKSVTALAESLVAQNNGIIAAIDKGRKERAQL  
ESAVIKSAETINDSVKIRDKKIVEALLNEGKSTQEKVDES

## SEQ ID NO. 5219

STRAIN M781 frame: 2

FDIDQIADNAITKTDKTEIISNQTTSTGQIAFFEKLTPAQKSAISEKTPALVDTFVG  
QNALDFGQSAVEGVNTTVNHILSEQKKIQIPQVDDLLKNANRELNGFIAKYKDAPAE  
EKKPNLIQKLFKQSKTSLQEFYFDSQNIQKMDMMAANVVKQEDTLARNIVSAEMLIEDN  
TKSIENLVGVIAFIESSQAEANRASHLQOEILALDSQTSEYQIKSNQLARMTEVINTLE  
QQHTEYVSRLYVAVATTPQMRNLVKVSSDMRQKLGMLRRNTIPTMKLSIAQLGMMQSVK  
SGVTADAIVNANNAALQMLAETSKEAIPMLEKTAQSPTVSIKSVTALAESLVAQNNGIIA  
AIDKGRKERAQLESAVIKSAETINDSVKIRDKKIVEALLNEGKSTQEKVDES

## SEQ ID NO. 5220

STRAIN CJB110 frame: 2

FDIDQIADNAITKTDKTEIISNQTTSTGQIAFFEKLTPAQKSAISEKTPALVDTFVG  
QNALDFGQSAVEGVNTTVNHILSEQKKIQIPQVDDLLKNANRELNGFIAKYKDAPAE  
EKKPNLIQKLFKQSKTSLQEFYFDSQNIQKMDMMAANVVKQEDTLARNIVSAEMLIEDN  
TKSIENLVGVIAFIESSQAEANRASHLQOEILALDSQTSEYQIKSNQLARMTEVINTLE  
QQHTEYVSRLYVAVATTPQMRNLVKVSSDMRQKLGMLRRNTIPTMKLSIAQLGMMQSVK  
SGVTADAIVNANNAALQMLAETSKEAIPMLEKTAQSPTVSIKSVTALAESLVAQNNGIIA  
AIDKGRKERAQLESAVIKSAETINDSVKIRDKKIVEALLNEGKSTQEKVDES

## SEQ ID NO. 5221

STRAIN 1169NT frame: 1

ADNAITKTDKTEIISNQTTSTGQIAFFEKLTPAQKSAISEKTPALVDTFVGDNALLD  
FGQSAVEGVNTTVNHILSEQKKIQIPQVDDLLKNANRELNGFIAKYKDAPAELEKKPNL  
IQKLFKQSKTSLQEFYFDSQNIQKMDMMAANVVKQEDTLARNIVSAEMLIEDNTKSIEN  
LVGVIAFIESSQAEANRASHLQOEILALDSQTSEYQIKSNQLARMTEVINTLEQQHTEY  
VSRLYVAVATTPQMRNLVKVSSDMRQKLGMLRRNTIPTMKLSIAQLGMMQSVKSGVTAD  
AIVNANNAALQMLAETSKEAIPMLEKTAQSPTVSIKSVTALAESLVAQNNGIIAAIDKGR  
KERAQLESAVIKSAETINDSVKIRDKKIVEALLNEGKSTQEKVDES

## SEQ ID NO. 5222

STRAIN JM9130013 frame: 1

SDTFNFDIDQIADNAITKTDKTEIISNQTTSTGQIAFFEKLTPAQKSAISEKTPALVD  
TFVGDNALLDFGQSAVEGVNTTVNHILSEQKKIQIPQVDDLLKNANRELNGFIAKYKDA  
TPAELEKKPNLIQKLFKQSKTSLQEFYFDSQNIQKMDMMAANVVKQEDTLARNIVSAEM  
LIEDNTKSIENLVGVIAFIESSQAEANRASHLQOEILALDSQTSEYQIKSNQLARMTEV  
INTLEQQHTEYVSRLYVAVATTPQMRNLVKVSSDMRQKLGMLRRNTIPTMKLSIAQLGMM  
QSVKSGVTADAIVNANNAALQMLAETSKEAIPMLEKTAQSPTVSIKSVTALAESLVAQN  
NGIIAAIDKGRKERAQLESAVIKSAETINDSVKIRDKKIVEALLNEGKSTQEKVDES

## SEQ ID NO. 5223

STRAIN 2603 frame: 1

SDTFNFDIDQIADNAITKTDKTEIISNQTTSTGQIAFFEKLTPAQKSAISEKTPALVD  
TFVGDNALLDFGQSAVEGVNTTVNHILSEQKKIQIPQVDDLLKNANRELNGFIAKYKDA  
TPAELEKKPNLIQKLFKQSKTSLQEFYFDSQNIQKMDMMAANVVKQEDTLARNIVSAEM  
LIEDNTKSIENLVGVIAFIESSQAEANRASHLQOEILALDSQTSEYQIKSNQLARMTEV  
INTLEQQHPEYVSRLYVAVATTPQMRNLVKVSSDMRQKLGMLRRNTIPTMKLSIAQLGMM



## SEQUENCE LISTING

QOSVKSQVGTADAIVNANNAALQMLAETSKEAIPMLEKTAQSPTVSIKSVTALAESLVAQN  
NGIIAAIDKGRKERAQLES AVIKSAETINDSVKIRDKKIVEALLNEGKSTQEKVDES

SEQ ID NO. 5301

STRAIN 2603

acaaatactttgaaaaaagaattagttgaagctaaaaagacaattccatc  
cgtaaaagcttcaaaagtaccgcaaaaatcaacatcatcgaaagataaag  
agtttgttcttaaacgattatcgatgtctctggttggaacttcctaag  
gagattgattacgatacgctttcaaaaaatatttcagggtgtgttattcg  
tgtctttggtggatcaaagatatctaagactaataacgctgcttatacaa  
ctggaatcgataaatcgtttaagaccatatacaagaatttcaaaagcga  
aatatcccagtagctgtctacagttatgcacttggttcaagtgttaaga  
aatgaaagaagaggctcagatattttataagaatgcagctccttacaac  
caactttttatttgattgacgtagaagaggagacaatgtctaactgaat  
aaaggtgtccaagcattccgaaaaagaattaaaaagacttggtgctaaaaa  
tgttggtatctacattggtacttactttatgactgagcaaggcatctctg  
taaaaggatttgacgctggttgattccaacttatggttagcattctgga  
tactatgaagcggtccgcaaactgaacttaataacgatttacaccaata  
cacctctcaaggttatctaccaggawtcaatcaaccgcttgatttaaatc  
aaattgcagttaataaagacaagaagaaaacttatgagaaactttttgga  
aaagtaaaaagag

SEQ ID NO. 5302

STRAIN 090

ACAAATACTTTGAAAAAGAATTAG

TTGAAGCTAAAAAGACAATTCCATCCGTAAAAGCTTCAAAGTACCGCAA  
AAATCAACATCATCGAAAGATAAAGAGTTTGTCTTAAACCGATTATCGA  
TGCTCTGTTGGCAACTTCCTAAGGAGATTGATTACGATACGCTTTCAA  
AAAATATTTAGGTGTTGTTATTTCGTGTCTTTGGTGGATCAAAGATATCT  
AAGACTAATAACGCTGCTTATACAACTGGAATCGATAAATCGTTAAGAC  
CCATATCAAAGAATTTCAAAGCGAAATATCCCAAGTAGCTGTCTACAGTT  
ATGCACTTGGTTCAAGTGTAAAGAAATGAAAGAAGAGGCTCAGATATTT  
TATAAGAATGCAGCTCCTTACAAACCAACTTTTATTGGATTGACGTAGA  
AGAGGAGACAATGTCTAACATGAATAAAGGTGTCCAAGCATTCGGAAG  
AATTAAAAAGACTTGGTGCTAAAAATGTTGGTATCTACATTGGTACTTAC  
TTTATGACTGAGCAAGGCATCTCTGTAAAAGGATTTGACGCTGTTTGGAT  
TCCAACCTTATGGTAGCGATTCTGGATACTATGAAGCGGCTCCGCAAACG  
AACTTAAATACGATTACACCAATACACCTCTCAAGGTTATCTACCAGGA  
TTCAATCAACCGCTTGATTTAAATCAAATTGCAGTTAATAAAGACAAGAA  
GAAAACCTTATGAGAACTTTTGGAAAAGTAAAAGAG

SEQ ID NO. 5303

STRAIN A909

ACAAATACTTTGAAAAAGAATTAGTTGAAGCTAAAA

AGACAATTCATCCGTAAAAGCTTCAAAGTACCGCAAAAATCAACATCA  
TCGAAAGATAAAGAGTTTGTCTTAAACCGATTATCGATGTCTCTGGTTG  
GCAACTTCCTAAGGAGATTGATTACGATACGCTTTCAAAAAATATTTAG  
GTGTTGTTATTTCGTGTCTTTGGTGGATCAAAGATATCTAAGACTAATAAC  
GCTGCTTATACAACTGGAATCGATAAATCGTTAAGACCCATATCAAAGA  
ATTTCAAAGCGAAATATCCAGTAGCTGTCTACAGTTATGCACTTGGTT  
CAAGTGTTAAAGAAATGAAAGAAGAGGCTCAGATATTTTATAAGAAATGCA  
GCTCCTTACAAACCAACTTTTATTGGATTGACGTAGAAGAGGAGACAAT  
GTCTAACATGAATAAAGGTGTCCAAGCATTCGGAAGAAATTAAGAGAC  
TTGGTGCTAAAAATGTTGGTATCTACATTGGTACTTACTTATGACTGAG  
CAAGGCATCTCTGTAAAAGGATTGACGCTGTTTGGATTCCAACCTATGG  
TAGCGATTCTGGATACTATGAAGCGGCTCCGCAAACCTGAACCTAAATACG  
ATTTACACCAATACACCTCTCAAGGTTATCTACCAGGATTCAATCAACCG  
CTTGATTTAAATCAAATTGCAGTTAATAAAGACAAGAAGAAAACCTTATGA  
GAACTTTTGGAAAAGTAAAAGAG

SEQ ID NO. 5304

STRAIN H36B

ACAAATACTTTGAAAAAGAATTAG

TTGAAGCTAAAAGACAATTCCATCCGTAAAAGCTTCAAAGTACCGCAA

## SEQUENCE LISTING

AAATCAACATCATCGAAAGATAAAGAGTTTGTTCCTTAAACCGATTATCGA  
TGTCTCTGGTTGGCAACTTCCTAAGGAGATTGATTACGATACGCTTCAA  
AAAATATTTTCAAGTGTGTTATTTCGTGTCTTTGGTGGATCAAAGATATCT  
AAGACTAATAACGCTGCTTATACAACCTGGAATCGATAAATCGTTTAAGAC  
CCATATCAAAGAATTTCAAAGCGAAATATCCCAGTAGCTGTCTACAGTT  
ATGCACTTGGTTCAAGTGTAAAGAAATGAAAGAAGAGGCTCAGATATTT  
TATAAGAATGCAGCTCCTTACAAACCACTTTTTATTGGATTGACGTAGA  
AGAGGAGACAATGTCTAACATGAATAAAGGTGTCCAAGCATTCCGAAAAG  
AATTAAAAAGACTTGGTGCTAAAAATGTGGTATCTACATTGGTACTTAC  
TTTATGACTGAGCAAGGCATCTCTGTAAAAGGATTGACGCTGTTTGGAT  
TCCAACCTATGGTAGCGATTCTGGATACTATGAAGCGGCTCCGCAACTG  
AACTTAAATACGATTACACCAATACACCTCTCAAGGTTATCTACCAGGA  
TTCAATCAACCGCTTGATTTAAATCAAATGCAGTTAATAAAGACAAGAA  
GAAAACCTATGAGAACTTTTTTGAAAAGTAAAAGAG

SEQ ID NO. 5305

STRAIN 18R321

ACAAATACTTTGAAAAAGAATTAGTTGAAGCTAAAA  
GACAATTCCATCCGTAAAAGCTTCAAAGTACCGCAAAAATCAACATCAT  
CGAAAGATAAAGAGTTTGTTCCTTAAACCGATTATCGATGTCTCTGGTTGG  
CAACTTCCTAAGGAGATTGATTACGATACGCTTTCAAAAAATATTTCAAG  
TGTTGTTATTTCGTGTCTTTGGTGGATCAAAGATATCTAAGACTAATAACG  
CTGCTTATACAACCTGGAATCGATAAATCGTTTAAAGACCCATATCAAAGAA  
TTTCAAAGCGAAATATCCCAGTAGCTGTCTACAGTTATGCACTTGGTTC  
AAGTGTAAAGAAATGAAAGAAGAGGCTCAGATATTTTATAAGAATGCAG  
CTCCTTACAAACCACTTTTTATTGGATTGACGTAGAAGAGGAGACAATG  
TCTAACATGAATAAAGGTGTCCAAGCATTCGAAAAGAATAAAAAGACT  
TGGTGCTAAAAATGTGGTATCTACATTGGTACTTACTTTATGACTGAGC  
AAGGCATCTCTGTAAAAGGATTTGACGCTGTTTGGATTCCAACCTATGGT  
AGCGATTCTGGATACTATGAAGCGGCTCCGCAACTGAACCTAAATACGA  
TTTACACCAATACACCTCTCAAGGTTATCTACCAGGATTCAATCAACCGC  
TTGATTTAAATCAAATTGCAGTTAATAAAGACAAGAAGAAAACCTATGAG  
AAACTTTTTGAAAAGTAAAAGAG

SEQ ID NO. 5306

STRAIN M732

ACAAATACTTTGAAAAAGAATTAGTTGAAGCTAAA  
AAGACAATTCCATCCGTAAAAGCTTCAAAGTACCGCAAAAATCAACATC  
ATCGAAAGATAAAGAGTTTGTTCCTTAAACCGATTATCGATGTCTCTGGTT  
GGCAACTTCCTAAGGAGATTGATTACGATACGCTTTCAAAAAATATTTCA  
GGTGTGTTATTTCGTATCTTTGGTGGATCAAAGATATCTAAGACTAATAA  
CGCTGCTTATACAACCTGGAATCGATAAATCGTTTAAAGACCCATATCAAAG  
AATTTCAAAGCGAAATATCCCAGTAGCTGTCTACAGTTATGCACTTGGT  
TCAAGTGTAAAGAAATGAAAGAAGAGGCTCAGATATTTTATAAGAATGC  
AGCTCCTTACAAACCACTTTTTATTGGATTGACGTAGAAGAGGAGACAA  
TGTCTAACATGAATAAAGGTGTCCAAGCATTCGAAAAGAGTTAAAAAGA  
CTTGGTGCTAAAAATGTTGGTATCTACATCGGTACTTACTTTATGACTGA  
GCAAGGTATCTCTGTAAAAGGATTTGACGCTGTTTGGATTCCAACCTATG  
GTAGCGATTCTGGATACTATGAAGCAGCTCCACAACTGAACCTAAATAC  
GATTTACACCAATACACCTCTCAAGGTTATCTACCAGGATTCAATCAACC  
GCTTGATTTAAATCAAATTGCAGTTAATAAAGACAAGAAGAAAACCTATG  
AGAACTTTTTGAAAAGTAAAAGAG

SEQ ID NO. 5307

STRAIN COH1

ACAAATACTTTGAAAAAGAATTAGTTGAAGCTAAAA  
AGACAATTCCATCCGTAAAAGCTTCAAAGTACCGCAAAAATCAACATCA  
TCGAAAGATAAAGAGTTTGTTCCTTAAACCGATTATCGATGTCTCTGGTTG  
GCAACTTCCTAAGGAGATTGATTACGATACGCTTTCAAAAAATATTTCAAG  
GTGTGTTATTTCGTATCTTTGGTGGATCAAAGATATCTAAGACTAATAAC  
GCTGCTTATACAACCTGGAATCGATAAATCGTTTAAAGACCCATATCAAAGA  
ATTTCAAAGCGAAATATCCCAGTAGCTGTCTACAGTTATGCACTTGGTT  
CAAGTGTAAAGAAATGAAAGAAGAGGCTCAGATATTTTATAAGAATGCA  
GCTCCTTACAAACCACTTTTTATTGGATTGACGTAGAAGAGGAGACAAT

## SEQUENCE LISTING

GTCTAACATGAATAAAGGTGTCCAAGCATTCGAAAAGAGTTAAAAAGAC  
 TTGGTGCTAAAAATGTTGGTATCTACATCGGTACTTACTTTATGACTGAG  
 CAAGGTATCTCTGTAAAAGGATTTGACGCTGTTTGGATTCCAACCTATGG  
 TAGCGATTCTGGATACTATGAAGCAGCTCCACAACTGAACCTAAATACG  
 ATTTACACCAATACACCTCTCAAGGTTATCTACCAGGATTCAATCAACCG  
 CTTGATTTAAATCAAATTGCAGTTAATAAAGACAAGAAGAAAACCTATGA  
 GAACTTTTTGGAAAAGTAAAAGAG

SEQ ID NO. 5308

STRAIN M781

ACAAATACTTTGAAAAAAGAATTAGTTGAAGCTAAA  
 AAGACAATTCATCCTGATAAAGCTTCAAAGTACCGCAAAAATCAACATC  
 ATCGAAAGATAAAGAGTTTGTCTTAAACCGATTATCGATGTCTCTGGTT  
 GGCAACTTCCTAAGGAGATTGATTACGATACGCTTCAA AAAATATTTCA  
 GGTGTTGTTATTCGTATCTTTGGTGGATCAAAGATATCTAAGACTAATAA  
 CGCTGCTTATACAACTGGAATCGATAAATcGTTTAAAGACCCATATCAAAG  
 AATTCAAAGCGAAATATCCAGTAGCTGTCTACAGTTATGCACTTGGT  
 TCAAGTGTTAAAGAAATGAAAGAAGAGGCTCAGATATTTTATAAGAATGC  
 AGCTCCTTACAAACCAACTTTTTatTGGATTGACGTAGAAGAGGAGaCAA  
 TGTCTAACATGAATAAAGGTGTCCAAGCATTCGAAAAGAGTTAAAAAGA  
 CTTGGTGCTAAAAATGTTGGTATCTACATCGGTACTTACTTTATGACTGA  
 GCAAGGTATCTCTGTAAAAGGATTGACGCTGTTTGGATTCCAACCTATG  
 GTAGCGATTCTGGATACTATGAAGCAGCTCCACAACTGAACCTAAATAC  
 GATTACACCAATACACCTCTCAAGGTTATCTACCAGGATTCAATCAACC  
 GCTTGATTTAAATCAAATTGCAGTTAATAAAGACAAGAAGAAAACCTTATG  
 AGAACTTTTTGGAAAAGTAAAAGAG

SEQ ID NO. 5309

STRAIN CJB110

AAATACTTTGAAAAAAGAATTAGTTGAAGCTAAAAAGACAATTCCATCCG  
 TAAAAGCTTCAAAGTACCGCAAAAATCAACATCATCGAAAGATAAAGAG  
 TTTGTTCTTAAACCGATTATCGATGTCTCTGGTTGGCAACTTCCTAAGGA  
 GATTGATTACGATACGCTTCAA AAAATATTTTCAAGGTGTTGTTATTCGTG  
 TCTTTGGTGGATCAAAGATATCTAAGACTAATAACGCTGCTTATACAACT  
 GGAATCGATAAATCGTTTAAAGACCCATATCAAAGAATTTCAAAGCGAAA  
 TATCCAGTAGCTGTCTACAGTTATGCACTTGGTTCAAGTGTTAAAGAAA  
 TGAAGAAGAGGCTCAGATATTTTATAAGAATGCAGCTCCTTACAAACCA  
 ACTTTTTATTGGATTGACGTAGAAGAGGAGACAATGTCTAACATGAATAA  
 AGGTGTCCAAGCATTCGAAAAGAATTAAAAAGACTTGGTGCTAAAAATG  
 TTGGTATCTACATTGGTACTTACTTTATGACTGAGCAAGGCATCTCTGTA  
 AAAGGATTTGACGCTGTTTGGATTCCAACCTATGGTAGCGATTCTGGATA  
 CTATGAAGCGCTCCGCAAACTGAACCTAAATACGATTTACACCAATACA  
 CCTCTCAAGGTTATCTACCAGGATTCAATCAACCGCTTGATTTAAATCAA  
 ATTACAGTTAATAAAGACAAGAAGAAAACCTATGAGAACTTTTTTGAAA  
 AGTAAAAGAG

SEQ ID NO. 5310

STRAIN 1169NT

ACAAATACTTTGAAAAAAGAATTAGTTGAAGCTAAAAAGACAATTCC  
 ATCCGTAAGCTTCAAAGTACCGCAAAAATCAACATCATCGAAAGATA  
 AAGAGTTTGTCTTAAACCGATTATCGATGTCTCTGGTTGGCAACTTCCT  
 AAGGAGATTGATTACGATACGCTTCAA AAAATATTTTCAAGGTGTTGTTAT  
 TCGTGTCTTTGGTGGATCAAAGATATCTAAGACTAATAACGCTGCTTATA  
 CAACTGGAATCGATAAATCGTTTAAAGACCCATATCAAAGAATTTCAAAG  
 CGAAATATCCAGTAGCTGTCTACAGTTATGCACTTGGTTCAAGTGTTAA  
 AGAAATGAAAGAAGAGGCTCAGATATTTTATAAGAATGCAGCTCCTTACA  
 AACCAACTTTTTATTGGATTGACGTAGAAGAGGAGACAATGTCTAACATG  
 AATAAAGGTGTCCAAGCATTCGAAAAGAATTAAAAAGACTTGGCGCTAA  
 AAATGTTGGTATCTACATCGGTACTTACTTTATGACTGAGCAAGGTATCT  
 CTGTAAAAGGATTTGACGCTGTTTGGATTCCAACCTATGGTAGCGATTCT  
 GGATACTATGAAGCAGCTCCGCAAACTGAACCTAAATACGATTTACACCA  
 ATACACCTCTCAAGGTTATCTACCAGGATTCAATCAACCGCTTGATTTAA  
 ATCAAATTGCAGTTAATAAAGACAAGAAGAAAACCTATGAGAACTTTTT  
 GGAAAAGTAAAAGAG

## SEQUENCE LISTING

## SEQ ID NO. 5311

STRAIN JM9130013

ACAAATACTTTGAAAAAAGAATTAG

TTGAAGCTAAAAAGACAATTCCATCCGTAAAGCTTCAAAGTACCGCAA  
AAATCAACATCATCGAAAGATAAAGAGTTTGTCTTAAACCGATTATCGA  
TGTCTCTGGTTGGCAACTTCCTAAGGAGATTGATTACGATACGCTTTCAA  
AAAATATTTTCAGGTGTGTATTTCGTGTCTTTGGTGGATCAAAGATATCT  
AAGACTAATAACGCTGCTTATACAACCTGGAATCGATAAATCGTTAAGAC  
CCATATCAAAGAATTTCAAAGCGAAATATCCCAGTAGCTGTCTACAGTT  
ATGCACTTGGTTCAAGTGTTAAAGAAATGAAAGAAGAGGCTCAGATATTT  
TATAAGAATGCAGCTCCTTACAAACCAACTTTTTATTGGATTGACGTAGA  
AGAGGAGACAATGTCTAACATGAATAAAGGTGTCCAAGCATTCCGAAAAG  
AATTAAGAACTTGGTGCTAAAAATGTTGGTATCTACATTGGTACTTAC  
TTTATGACTGAGCAAGGCATCTCTGTAAAAGGATTGACGCTGTTGGAT  
TCCAATTATGGTAGCGATTCTGGATACTATGAAGCGGCTCCGCAAACCTG  
AACTTAAATACGATTACACCAATACACCTCTCAAGGTTATCTACCAGGA  
TTCAATCAACCGCTTGATTTAAATCAAATTGCAGTTAATAAGACAAGAA  
GAAACTTATGAGAACTTTTTTGAAAAGTAAAAGAG

## SEQ ID NO. 5312

STRAIN 2603 frame: 1

TNTLKKELVEAKKTIPSVKASKVPQKSTSSKDKEFVLKPIIDVSGWQLPKEIDYDTLSKN  
ISGVVIRVFGGSKISKTNNAAYTTGIDKSFKTHIKEFQKRNI PAVVYSYALGSSVKEMKE  
EAQIFYKNAAPYKPTFFYWIDVEEETMSNMNKGVAFRKELKRLGAKNVGIYIGTYFMTEQ  
GISVKGFDVWIPYTGSDSGYYEAPQTELKYDLHQYTSQGYLPGXNQPLDLNQIAVNKD  
KKKTYEKLFGKVKE

## SEQ ID NO. 5313

STRAIN 090 frame: 1

TNTLKKELVEAKKTIPSVKASKVPQKSTSSKDKEFVLKPIIDVSGWQLPKEIDYDTLSKN  
ISGVVIRVFGGSKISKTNNAAYTTGIDKSFKTHIKEFQKRNI PAVVYSYALGSSVKEMKE  
EAQIFYKNAAPYKPTFFYWIDVEEETMSNMNKGVAFRKELKRLGAKNVGIYIGTYFMTEQ  
GISVKGFDVWIPYTGSDSGYYEAPQTELKYDLHQYTSQGYLPGFNQPLDLNQIAVNKD  
KKKTYEKLFGKVKE

## SEQ ID NO. 5314

STRAIN A909 frame: 1

TNTLKKELVEAKKTIPSVKASKVPQKSTSSKDKEFVLKPIIDVSGWQLPKEIDYDTLSKN  
ISGVVIRVFGGSKISKTNNAAYTTGIDKSFKTHIKEFQKRNI PAVVYSYALGSSVKEMKE  
EAQIFYKNAAPYKPTFFYWIDVEEETMSNMNKGVAFRKELKRLGAKNVGIYIGTYFMTEQ  
GISVKGFDVWIPYTGSDSGYYEAPQTELKYDLHQYTSQGYLPGFNQPLDLNQIAVNKD  
KKKTYEKLFGKVKE

## SEQ ID NO. 5315

STRAIN H36B frame: 1

TNTLKKELVEAKKTIPSVKASKVPQKSTSSKDKEFVLKPIIDVSGWQLPKEIDYDTLSKN  
ISGVVIRVFGGSKISKTNNAAYTTGIDKSFKTHIKEFQKRNI PAVVYSYALGSSVKEMKE  
EAQIFYKNAAPYKPTFFYWIDVEEETMSNMNKGVAFRKELKRLGAKNVGIYIGTYFMTEQ  
GISVKGFDVWIPYTGSDSGYYEAPQTELKYDLHQYTSQGYLPGFNQPLDLNQIAVNKD  
KKKTYEKLFGKVKE

## SEQ ID NO. 5316

STRAIN 18RS21 frame: 1

TNTLKKELVEAKKTIPSVKASKVPQKSTSSKDKEFVLKPIIDVSGWQLPKEIDYDTLSKN  
ISGVVIRVFGGSKISKTNNAAYTTGIDKSFKTHIKEFQKRNI PAVVYSYALGSSVKEMKE  
EAQIFYKNAAPYKPTFFYWIDVEEETMSNMNKGVAFRKELKRLGAKNVGIYIGTYFMTEQ  
GISVKGFDVWIPYTGSDSGYYEAPQTELKYDLHQYTSQGYLPGFNQPLDLNQIAVNKD  
KKKTYEKLFGKVKE

## SEQ ID NO. 5317

STRAIN M732 frame: 1

TNTLKKELVEAKKTIPSVKASKVPQKSTSSKDKEFVLKPIIDVSGWQLPKEIDYDTLSKN  
ISGVVIRVFGGSKISKTNNAAYTTGIDKSFKTHIKEFQKRNI PAVVYSYALGSSVKEMKE

## SEQUENCE LISTING

EAQIFYKNAAPYKPTFYWIDVEEETMSNMNKGVAFRKELKRLGAKNVGIYIGTYFMTEQ  
GISVKGFDVWIPYTGSDSGYYEAPQTELKYDLHQYTSQGYLPGFNQPLDLNQIAVNKD  
KKKTYEKLFGKVKE

## SEQ ID NO. 5318

STRAIN COH1 frame: 1

TNTLKKELVEAKKTIPSVKASKVPQKSTSSKDKEFVLKPIIDVSGWQLPKEIDYDTLSKN  
ISGVVIRIFGGSKISKTNNAAYTTGIDKSFKTHIKEFQKRNI PVAVYSYALGSSVKEMKE  
EAQIFYKNAAPYKPTFYWIDVEEETMSNMNKGVAFRKELKRLGAKNVGIYIGTYFMTEQ  
GISVKGFDVWIPYTGSDSGYYEAPQTELKYDLHQYTSQGYLPGFNQPLDLNQIAVNKD  
KKKTYEKLFGKVKE

## SEQ ID NO. 5319

STRAIN M781 frame: 1

TNTLKKELVEAKKTIPSVKASKVPQKSTSSKDKEFVLKPIIDVSGWQLPKEIDYDTLSKN  
ISGVVIRIFGGSKISKTNNAAYTTGIDKSFKTHIKEFQKRNI PVAVYSYALGSSVKEMKE  
EAQIFYKNAAPYKPTFYWIDVEEETMSNMNKGVAFRKELKRLGAKNVGIYIGTYFMTEQ  
GISVKGFDVWIPYTGSDSGYYEAPQTELKYDLHQYTSQGYLPGFNQPLDLNQIAVNKD  
KKKTYEKLFGKVKE

## SEQ ID NO. 5320

STRAIN CJB110 frame: 2

NTLKKELVEAKKTIPSVKASKVPQKSTSSKDKEFVLKPIIDVSGWQLPKEIDYDTLSKN  
ISGVVIRIFGGSKISKTNNAAYTTGIDKSFKTHIKEFQKRNI PVAVYSYALGSSVKEMKE  
AQIFYKNAAPYKPTFYWIDVEEETMSNMNKGVAFRKELKRLGAKNVGIYIGTYFMTEQ  
ISVKGFDVWIPYTGSDSGYYEAPQTELKYDLHQYTSQGYLPGFNQPLDLNQITVNKDK  
KKTYEKLFGKVKE

## SEQ ID NO. 5321

STRAIN 1169NT frame: 1

TNTLKKELVEAKKTIPSVKASKVPQKSTSSKDKEFVLKPIIDVSGWQLPKEIDYDTLSKN  
ISGVVIRIFGGSKISKTNNAAYTTGIDKSFKTHIKEFQKRNI PVAVYSYALGSSVKEMKE  
EAQIFYKNAAPYKPTFYWIDVEEETMSNMNKGVAFRKELKRLGAKNVGIYIGTYFMTEQ  
GISVKGFDVWIPYTGSDSGYYEAPQTELKYDLHQYTSQGYLPGFNQPLDLNQIAVNKD  
KKKTYEKLFGKVKE

## SEQ ID NO. 5322

STRAIN JM9130013 frame: 1

TNTLKKELVEAKKTIPSVKASKVPQKSTSSKDKEFVLKPIIDVSGWQLPKEIDYDTLSKN  
ISGVVIRIFGGSKISKTNNAAYTTGIDKSFKTHIKEFQKRNI PVAVYSYALGSSVKEMKE  
EAQIFYKNAAPYKPTFYWIDVEEETMSNMNKGVAFRKELKRLGAKNVGIYIGTYFMTEQ  
GISVKGFDVWIPYTGSDSGYYEAPQTELKYDLHQYTSQGYLPGFNQPLDLNQIAVNKD  
KKKTYEKLFGKVKE

## SEQ ID NO. 5401

STRAIN 2603

TTGACTCACAAAATATATATTATTAACCATTATATTTGGATTATTT  
ATGATTATATTATCAGCATGTGGTATGTCTAATAAGGAAATGGCTGGTATTGATAATTGG  
GAACATTATCAAAAGGAAAAGAAAATTACTATTGGATTGATAATACTTTTGTTCTCTATG  
GGATTGAAAAGTCGTTCTGGTGACTATACCGGCTTTGATATTGATTAGCTAATGCTGTT  
TTTAAAGAATACGGTATTTCAAGTAAATGGCAGCCTATTAAGTGGGATATGAAAAGAACT  
GAAGTAAATAATGGTAATATAGACCTTATTTGGAATGGTTATTCAAAAACGGCAGAACGT  
GCTAAAAAAGTCGCTTTTACAAACCCATATATGAATAATCATCAAGTAATTGTTACTAAA  
ACTTCATCACATATTAATAGTATTAAGGATATGAAGGGGAAAAAACTAGGAGCCAGTCG  
GGTTTCATCTGGTTTTGATGCTTTTAAACGCTAAACCTGATATTTAAAAAGTTTGTAAAA  
GGAAAAGAACAGTTCATACGATACTTTCACTCAGGCTTTGATTGATTTAAAAAATAAC  
CGTATTGATGGTCTTTTGTATTGATGAAGTTATGCTAACTATTATTTAAAGCAAGAAGGA  
AATATAAAAGCTTATTATTTGTAAAACTGCTTATCAAGGAGAAAATTTGTAGTAGGA  
GCTCGTAAAGTTGATCGTAGACTAATTGAAAAGATTAACAAAGCTTTCAACAGCTTCAT  
AATAAGGGGAGATTTCAAAAATCTCTTACAAATGGTTTGGTGAAGATGTTTATAGTAAA  
GAA

## SEQ ID NO. 5402

STRAIN 090

## SEQUENCE LISTING

ATTGGG<sub>a</sub>ACATTATC  
 AAAAGGAAAAGAAAATTACTATTGGATTGATAAATACTTTTGTTCCTATG  
 GGATTGAAAGCCGTTCTGGTGACTATACCGGCTTTGATATTGATTAGC  
 TAATGCTGTTTTTAAAGAATACGGTATTTCAAGTAAATGGCAGCCTATTA  
 ACTGGGATATGAAAGAACTGAACCTAATAATGGTAATATAGACCTTATT  
 TGGAAATGGTTATTCAAAAACGGCAGAACGTGCTAAAAAAGTCGCTTTTAC  
 AAACCCATATATGAATAATCATCAAGTAATTGTTACTAAAACCTTCATCAC  
 ATATTAATAGTATTAAGGATATGAAGGGGAAAAAACTAGGAGCCCAGTCG  
 GGTTCATCTGGTTTTGATGCTTTTAAATGCTAAACCTGATATTTTAAAAA  
 GTTTGTAAAAGGAAAAGAAGCAGTTCAATACGATACTTTCACCTCAGGCTT  
 TGATTGATTTAAAAAATAACCGTATTGATGGTCTTTTGATTGATGAAGTT  
 TATGCTAACTATTATTTAAAGCAAGAAGGAAATATAAAAGCTTATTATTT  
 TGTAAAACCTGCTTATCAAGGAGAAAAATTTGTAGTAGGAGCTCGCAAAG  
 TTGATCGTAGACTAATTGAAAAGATTAACAAAGCTTCAAACAGCTTCAT  
 AATAAGGGAAAATTTCAAAAATCTCTTACAAATGGTTTGGTGAAGATGT  
 TTATAGTAAAGAA

## SEQ ID NO. 5403

STRAIN A909

ATTGGG

aACATTATCAAAAGGAAAAGAAAATTACTATTGGATTGATAAATACTTTT  
 GTTCCTATGGGATTTGAAAGTCGTTCTGGTGACTATACCGGCTTTGATAT  
 TGATTAGCTAATGCTGTTTTTAAAGAATACGGTATTTCAAGTAAATGGC  
 AGCCTATTAAGTGGGATATgAAAGAACTGAACCTAATAATGGTAATATA  
 GACCTTATTTGGAATGGTTATTCAAAAACGGCAGAACGTGCTAAAAAAGT  
 CGCTTTTACAAACCCATATATGAATAATCATCAAGTAATTGTTACTAAAA  
 CTTTCATCACATATTAATAGTATTAAGGATATGAAGGGGAAAAAACTAGGA  
 GCCCAGTCGGGTTTCATCTGGTTTTGATGCTTTTAAACGCTAAACCTGATAT  
 TTTAAAAAAGTTTTGTAAAAGGAAAAGAAGCAGTCAATACGATACTTTCA  
 CTCAGGCTTTGATTGATTTAAAAAATAACCGTATTGATGGTCTTTTGATT  
 GATGAAGTTTATGCTAACTATTATTTAAAGCAAGAAGGAAATATAAAAGC  
 TTATTTATTTGTTAAAACCTGCTTATCAAGGAGAAAAATTTGTAGTAGGAG  
 CTCGTAAAGTTGATCGTAGACTAATTGAAAAGATTAACAAAGCTTCAAA  
 CAGCTTCATAATAAGGGGAGATTTCAAAAATCTCTTACAAATGGTTTGG  
 TGAAGATGTTTATAGTAAAG<sub>a</sub>A

## SEQ ID NO. 5404

STRAIN H36B

ATTGGGAACATTATCAAAAGGAAAAGAAAATTACTATTGGATT  
 TGATAATACTTTTGTTCCTATGGGATTTGAAAGTCGTTCTGGTGACTATA  
 CCGGCTTTGATATTGATTTAGCTAATGCTGTTTTTAAAGAATACGGTATT  
 TCAGTGAAATGGCAGCCTATTAACCTGGGATATGAAAGAACTGAACCTAA  
 TAATGGTAATATAGACCTTATTTGGAATGGTTATTCAAAAACGGCAGAAC  
 GTGCTAAAAAAGTCGCTTTTACAAACCCATATATGAATAATCATCAAGTA  
 ATTGTTACTAAAACCTTCATCACATATTAATAGTATTAAGGATATGAAGGG  
 GAAAAAAGTAGGAGCCAGTCGGGTTTCATCTGGTTTTGATGCTTTTAAACG  
 CTAACCTGATATTTTAAAAAAGTTTTGTAAAAGGAAAAGAAGCAGTCAA  
 TACGATACTTTCACCTCAGGCTTTGATTGATTTAAAAAATAACCGTATTGA  
 TGGTCTTTTGATTGATGAAGTTTATGCTAACTATTATTTAAAGCAAGAAG  
 GAAATATAAAAGCTTATTTATTTGTTAAAACCTGCTTATCAAGGAGAAAAT  
 TTTGTAGTAGGAGCTCGTAAAGTTGATCGTAGACTAATTGAAAAGATTAA  
 CAAAGCTTCAAACAGCTTCATAATAAGGGGAGATTTCAAAAATCTCTT  
 ACAAATGGTTTGGTGAAGATGTTTATAGTAAAGAA

## SEQ ID NO. 5405

STRAIN 18RS21

ATTGGGAACATTA

TCAAAGGAAAAGAAAATTACTATTGGATTGATAAATACTTTTGTTCCTA  
 TGGGATTTGAAAGTCGTTCTGGTGACTATACCGGCTTTGATATTGATTAA  
 GCTAATGCTGTTTTTAAAGAATACGGTATTTCAAGTAAATGGCAGCCTAT  
 TAACCTGGGATATGAAAGAACTGAACCTAATAATGGTAATATAGACCTTA  
 TTTGGAATGGTTATTCAAAAACGGCAGAACGTGCTAAAAAAGTCGCTTTT  
 ACAACCCATATATGAATAATCATCAAGTAATTGTTACTAAAACCTTCATC  
 ACATATTAATAGTATTAAGGATATGAAGGGGAAAAAACTAGGAGCCCAGT

## SEQUENCE LISTING

CGGGTTCATCTGGTTTTGATGCTTTTAAACGCTAAACCTGATATTTTAAAA  
 AAGTTTGATAAAGGAAAAGAAGCAGTTCAATACGATACTTTCACTCAGGC  
 TTTGATGTGATTTAAAAAATAACCGTATTGATGGTCTTTTGATTGATGAAG  
 TTTATGCTAACTATTATTTAAAGCAAGAAGGAAATATAAAAGCTTATTAT  
 TTTGTTAAAACTGCTTATCAAGGAGAAAATTTTGTAGTAGGAGCTCGTAA  
 AGTTGATCGTAGACTAATTGAAAAGATTAACAAAAGCTTCAAACAGCTTC  
 ATAATAAGGGGAGATTTCAAAAATCTCTTACAAATGGTTTGGTGAAGAT  
 GTTTATAGTAAAGAA

## SEQ ID NO. 5406

STRAIN M732

ATTGGGAACATTATCAAAAGGAAAAGAAAATTACTATTGGATTGATAA  
 TACTTTTGTTCCCTATGGGATTTGAAAGTCGTTCTGGTGACTATACCGGCT  
 TTGATATTGATTTAGCTAATGCTGTTTTTAAAGAATACGGTATTTTCAGTG  
 AAATGGCAGCCTATTAACTGGGATATGAAAGAACTGAACCTTAATAATGG  
 TAATATAGACCTTATTTGGAATGGTTATTCAAAAACGGCAGAACGTGCTA  
 AAAAAGTCGCTTTTACAAACCCATATATGAATAATCATCAAGTAATTGTT  
 ACTAAAACCTTCATCACATATTAATAGTATTAAGGATATGAAGGGGAAAAA  
 ACTAGGAGCCCGAGTCGGGTTTCATCTGGTTTTGATGCTTTTAAACGCTAAAC  
 CTGATATTTTAAAAAAGTTTTGTAAAAGGAAAAGAAGCAGTTCAATACGAT  
 ACTTTCACCTCAGGCTTTGATTGATTTAAAAAATAACCGTATTGATGGTCT  
 TTTGATTGATGAAGTTTATGCTAACTATTATTTAAAGCAAGAAGGAAATA  
 TAAAAGCTTATTATTTTGTAAAACCTGCTTATCAAGGAGAAAATTTGTGA  
 GTAGGAGCTCGTAAAGTTGATCGTAGACTAATTGAAAAGATTAACAAAGC  
 TTTCAAACAGCTTCATAATAAGGGGAGATTTCAAAAATCTCTTACAAAT  
 GGTTTGGTGAAGATGTTTATAGTAAAGAA

## SEQ ID NO. 5407

STRAIN COH1

ATTGGGAACATTATCAAAAGGAAAAGAAAATTACTATTGGATTGATAA  
 TACTTTTGTTCCCTATGGGATTTGAAAGTCGTTCTGGTGACTATACCGGCT  
 TTGATATTGATTTAGCTAATGCTGTTTTTAAAGAATACGGTATTTTCAGTG  
 AAATGGCAGCCTATTAACTGGGATATGAAAGAACTGAACCTTAATAATGG  
 TAATATAGACCTTATTTGGAATGGTTATTCAAAAACGGCAGAACGTGCTA  
 AAAAAGTCGCTTTTACAAACCCATATATGAATAATCATCAAGTAATTGTT  
 ACTAAAACCTTCATCACATATTAATAGTATTAAGGATATGAAGGGGAAAAA  
 ACTAGGAGCCCGAGTCGGGTTTCATCTGGTTTTGATGCTTTTAAACGCTAAAC  
 CTGATATTTTAAAAAAGTTTTGTAAAAGGAAAAGAAGCAGTTCAATACGAT  
 ACTTTCACCTCAGGCTTTGATTGATTTAAAAAATAACCGTATTGATGGTCT  
 TTTGATTGATGAAGTTTATGCTAACTATTATTTAAAGCAAGAAGGAAATA  
 TAAAAGCTTATTATTTTGTAAAACCTGCTTATCAAGGAGAAAATTTGTGA  
 GTAGGAGCTCGTAAAGTTGATCGTAGACTAATTGAAAAGATTAACAAAGC  
 TTTCAAACAGCTTCATAATAAGGGGAGATTTCAAAAATCTCTTACAAAT  
 GGTTTGGTGAAGATGTTTATAGTAAAGAA

## SEQ ID NO. 5408

STRAIN M781

ATTGGGAACATTATCAAAAGGAAAAGAAAATTACTATTGGATTGATA  
 ATACTTTTGTTCCCTATGGGATTTGAAAGTCGTTCTGGTGACTATACCGGC  
 TTTGATATTGATTTAGCTAATGCTGTTTTTAAAGAATACGGTATTTTCAGT  
 GAAATGGCAGCCTATTAACTGGGATATGAAAGAACTGAACCTTAATAATG  
 GTAATATAGACCTTATTTGGAATGGTTATTCAAAAACGGCAGAACGTGCT  
 AAAAAAGTCGCTTTTACAAACCCATATATGAATAATCATCAAGTAATTGT  
 TACTAAAACCTTCATCACATATTAATAGTATTAAGGATATGAAGGGGAAAA  
 AACTAGGAGCCCGAGTCGGGTTTCATCTGGTTTTGATGCTTTTAAACGCTAAA  
 CCTGATATTTTAAAAAAGTTTTGTAAAAGGAAAAGAAGCAGTTCAATACGA  
 TACTTTCACCTCAGGCTTTGATTGATTTAAAAAATAACCGTATTGATGGTC  
 TTTTGATTGATGAAGTTTATGCTAACTATTATTTAAAGCAAGAAGGAAAT  
 ATAAAAGCTTATTATTTTGTAAAACCTGCTTATCAAGGAGAAAATTTGT  
 AGTAGGAGCTCGTAAAGTTGATCGTAGACTAATTGAAAAGATTAACAAAG  
 CTTTCAAACAGCTTCATAATAAGGGGAGATTTCAAAAATCTCTTACAAA  
 TGGTTTGGTGAAGATGTTTATAGTAAAGAA

## SEQ ID NO. 5409

## SEQUENCE LISTING

## STRAIN CJB110

ATTGGGAACATTATCAAAAGGAAAAGAAAATTACTATTGGATTGATAAT  
ACTTTTGTTCCTATGGGATTTGAAAGTCGTTCTGGTGACTATACCGGCTT  
TGATATTGATTTAGCTAATGCTGTTTTAAAGAATACGGTATTTTCAGTGA  
AATGGCAGCCTATTAACTGGGATATGAAAGAACTGAACCTAATAATGGT  
AATATAGACCTTATTCTGGAATGGTTATTCAAAAACGGCAGAACGTGCTAA  
AAAAGTCGCTTTTACAAACCCATATATGAATAATCATCAAGTAATTGTTA  
CTAAACTTTCATCACATATTAATAGTATTAAGGATATGAAGGGGAAAAAA  
CTAGGAGCCCAGTCGGGTTTCATCTGGTTTTGATGCTTTTAACGCTAAACC  
TGATATTTTAAAAAAGTTGTAAAAGGAAAAGAAGCAGTTCAATACGATA  
CTTTCACCTCAGGCTTTGATTGATTTAAAAAATAACCGTATTGATGGTCTT  
TTGATTGATGAAGTTTATGCTAACTATTATTTAAAGCAAGAAGGAAATAT  
AAAAGCTTATTATTTTGTAAAAGCTGCTTATCAAGGAGAAAATTTGTAG  
TAGGAGCTCGTAAAGTTGATCGTAGACTAATTGAAAAGATTAACAAAGCT  
TTCAAACAGCTTCATAATAAGGGGAGATTTCAAAAATCTCTTACAAATG  
GTTTGGTGAAGATGTTTATAGTAAAGAA

## SEQ ID NO. 5410

## STRAIN 1169NT

ATTGGGAACATTATCAAAAGGAAAAGAAAATTACTATTGGATTGATAA  
TACTTTTGTTCCTATGGGATTTGAAAGTCGTTCTGGTGACTATACCGGCT  
TTGATATTGATTTAGCTAATGCTGTTTTAAAGAATACGGTATTTTCAGTG  
AATGGCAGCCTATTAACTGGGATATGAAAGAACTGAACCTAATAATGG  
TAATATAGACCTTATTCTGGAATGGTTATTCAAAAACGGCAGAACGTGCTA  
AAAAAGTCGCTTTTACAAACCCATATATGAATAATCATCAAGTAATTGTT  
ACTAAAACCTTCATCACATATTAATAGTATTAAGGATATGAAGGGGAAAAA  
ACTAGGAGCCCAGTCGGGTTTCATCTGGTTTTGATGCTTTTAAATGCTAAAC  
CTGACATTTTAAAAAAGTTGTAAAAGGAAAAGAAGCAGTTCAATACGAT  
ACTTTCACCTCAGGCTTTGATTGATTTAAAAAATAACCGTATTGATGGTCT  
TTTGATTGATGAAGTTTATGCTAACTATTATTTAAAGCAAGAAGGAAATA  
TAAAGCTTATTATTTTGTAAAAGCTGCTTATCAAGGAGAAAATTTGTAG  
TAGGAGCTCGCAAAGTTGATCGTAGACTAATTGAAAAGATTAACAAAGC  
TTTCAAACAGCTTCATAATAAGGGGAAATTTCAAAAATCTCTTACAAAT  
GTTTGGTGAAGATGTTTATAGTAAAGAA

## SEQ ID NO. 5411

## STRAIN JM9130013

## ATTGGGAACATTATC

AAAAGGAAAAGAAAATTACTATTGGATTGATAATACTTTTGTTCCTATG  
GGATTTGAAAGTCGTTCTGGTGACTATACCGGCTTTGATATTGATTTAGC  
TAATGCTGTTTTAAAGAATACGGTATTTTCAGTGAAATGGCAGCCTATTA  
ACTGGGATATGAAAGAACTGAACCTAATAATGGTAATATAGACCTTATT  
TGAATGGTTATTCAAAAACGGCAGAACGTGCTAAAAAAGTCGCTTTTAC  
AAACCCATATATGAATAATCATCAAGTAATTGTTACTAAAACCTTCATCAC  
ATATTAATAGTATTAAGGATATGAAGGGGAAAAAACTAGGAGCCCAGTCG  
GGTTCATCTGGTTTTCATGCTTTTAACGCTAAACCTGATATTTTAAAAAA  
GTTTGTAAAAGGAAAAGAAGCAGTTCAATACGATACTTTTCACCTCAGGCTT  
TGATTGATTTAAAAAATAACCGTATTGATGGTCTTTTGATTGATGAAGTT  
TATGCTAACTATTATTTAAAGCAAGAAGGAAATATAAAAGCTTATTATTT  
TGTTAAAAGCTGCTTATCAAGGAGAAAATTTGTAGTAGGAGCTCGTAAAG  
TTGATCGTAGACTAATTGAAAAGATTAACAAAGCTTTCAAACAGCTTCAT  
AATAAGGGGAGATTTCAAAAATCTCTTACAAATGGTTTGGTGAAGATGT  
TTATAGTAAAGAA

## SEQ ID NO. 5412

## STRAIN 2603 frame: 1

LTHKNILLTIIFGLFMIILSACGMSNKEMAGIDNWEHYQKEKKITIGFDNTFVPMGFESR  
SGDYTGFDIDLNAVFEKEYGISVKWQPINWDMKETELNNGNIDLIWNGYSKTAERAKKVA  
FTNPYMNHHQVIVTKTSSHINSIKDMKGKLLGAQSGSSGDAFNAKPDILKKFVKGEAV  
QYDTFTQALIDLKNNRIDGLLIDEVYANYLLKQEGNIKAYYFVKTAQGENFVVGARKVD  
RRLIEKINKAEFKLHNKGRFQKISYKWFGEDEVYSKE

## SEQ ID NO. 5413

## STRAIN 090 frame: 3



## SEQUENCE LISTING

WEHYQKEKKITIGFDNTFVPMGFESRSGDYTGFDIDLANAVFKEYGISVKWQPINWDMKE  
TELNNGNIDLIWNGYSKTAERAKKVAFTNPYMNHQQVIVTKTSSHINSIKDMKGKKLGAQ  
SGSSGFDAFNAKPDILKKFVKGEAVQYDTFTQALIDLKNNRIDGLLIDEVYANYYLKQE  
GNIKAYYFVKTAAYQGENFVVGARKVDRRLIEKINKAFKQLHNKGRFQKISYKWFGEDEVYS  
KE

## SEQ ID NO. 5414

STRAIN A909 frame: 3

WEHYQKEKKITIGFDNTFVPMGFESRSGDYTGFDIDLANAVFKEYGISVKWQPINWDMKE  
TELNNGNIDLIWNGYSKTAERAKKVAFTNPYMNHQQVIVTKTSSHINSIKDMKGKKLGAQ  
SGSSGFDAFNAKPDILKKFVKGEAVQYDTFTQALIDLKNNRIDGLLIDEVYANYYLKQE  
GNIKAYYFVKTAAYQGENFVVGARKVDRRLIEKINKAFKQLHNKGRFQKISYKWFGEDEVYS  
KE

## SEQ ID NO. 5415

STRAIN H36B frame: 3

WEHYQKEKKITIGFDNTFVPMGFESRSGDYTGFDIDLANAVFKEYGISVKWQPINWDMKE  
TELNNGNIDLIWNGYSKTAERAKKVAFTNPYMNHQQVIVTKTSSHINSIKDMKGKKLGAQ  
SGSSGFDAFNAKPDILKKFVKGEAVQYDTFTQALIDLKNNRIDGLLIDEVYANYYLKQE  
GNIKAYYFVKTAAYQGENFVVGARKVDRRLIEKINKAFKQLHNKGRFQKISYKWFGEDEVYS  
KE

## SEQ ID NO. 5416

STRAIN 18RS21 frame: 3

WEHYQKEKKITIGFDNTFVPMGFESRSGDYTGFDIDLANAVFKEYGISVKWQPINWDMKE  
TELNNGNIDLIWNGYSKTAERAKKVAFTNPYMNHQQVIVTKTSSHINSIKDMKGKKLGAQ  
SGSSGFDAFNAKPDILKKFVKGEAVQYDTFTQALIDLKNNRIDGLLIDEVYANYYLKQE  
GNIKAYYFVKTAAYQGENFVVGARKVDRRLIEKINKAFKQLHNKGRFQKISYKWFGEDEVYS  
KE

## SEQ ID NO. 5417

STRAIN M732 frame: 3

WEHYQKEKKITIGFDNTFVPMGFESRSGDYTGFDIDLANAVFKEYGISVKWQPINWDMKE  
TELNNGNIDLIWNGYSKTAERAKKVAFTNPYMNHQQVIVTKTSSHINSIKDMKGKKLGAQ  
SGSSGFDAFNAKPDILKKFVKGEAVQYDTFTQALIDLKNNRIDGLLIDEVYANYYLKQE  
GNIKAYYFVKTAAYQGENFVVGARKVDRRLIEKINKAFKQLHNKGRFQKISYKWFGEDEVYS  
KE

## SEQ ID NO. 5418

STRAIN COH1 frame: 3

WEHYQKEKKITIGFDNTFVPMGFESRSGDYTGFDIDLANAVFKEYGISVKWQPINWDMKE  
TELNNGNIDLIWNGYSKTAERAKKVAFTNPYMNHQQVIVTKTSSHINSIKDMKGKKLGAQ  
SGSSGFDAFNAKPDILKKFVKGEAVQYDTFTQALIDLKNNRIDGLLIDEVYANYYLKQE  
GNIKAYYFVKTAAYQGENFVVGARKVDRRLIEKINKAFKQLHNKGRFQKISYKWFGEDEVYS  
KE

## SEQ ID NO. 5419

STRAIN M781 frame: 3

WEHYQKEKKITIGFDNTFVPMGFESRSGDYTGFDIDLANAVFKEYGISVKWQPINWDMKE  
TELNNGNIDLIWNGYSKTAERAKKVAFTNPYMNHQQVIVTKTSSHINSIKDMKGKKLGAQ  
SGSSGFDAFNAKPDILKKFVKGEAVQYDTFTQALIDLKNNRIDGLLIDEVYANYYLKQE  
GNIKAYYFVKTAAYQGENFVVGARKVDRRLIEKINKAFKQLHNKGRFQKISYKWFGEDEVYS  
KE

## SEQ ID NO. 5420

STRAIN CJB110 frame: 3

WEHYQKEKKITIGFDNTFVPMGFESRSGDYTGFDIDLANAVFKEYGISVKWQPINWDMKE  
TELNNGNIDLIWNGYSKTAERAKKVAFTNPYMNHQQVIVTKTSSHINSIKDMKGKKLGAQ  
SGSSGFDAFNAKPDILKKFVKGEAVQYDTFTQALIDLKNNRIDGLLIDEVYANYYLKQE  
GNIKAYYFVKTAAYQGENFVVGARKVDRRLIEKINKAFKQLHNKGRFQKISYKWFGEDEVYS  
KE

## SEQ ID NO. 5421

STRAIN 1169NT frame: 3

## SEQUENCE LISTING

WEHYQKEKKITIGFDNTFVPMGFESRSGDYTGFDIDLNAVFKYGISVKWQPINWDMKE  
 TELNNGNIDLIWNGYSKTAERAKKVAFTNPYMNNHQVIVTKTSSHINSIKDMKGKKLGAQ  
 SGSSGFDAFNAKPDILKKEFVKGEAVQYDTFTQALIDLKNNRIDGLLIDEVYANYYLKQE  
 GNIKAYYFVKTAAYQGENFVVGARKVDRRLIEKINKAFKQLHNKGKFKISYKWFGEDEVYS  
 KE

## SEQ ID NO. 5422

STRAIN JM9130013 frame: 3

WEHYQKEKKITIGFDNTFVPMGFESRSGDYTGFDIDLNAVFKYGISVKWQPINWDMKE  
 TELNNGNIDLIWNGYSKTAERAKKVAFTNPYMNNHQVIVTKTSSHINSIKDMKGKKLGAQ  
 SGSSGFDAFNAKPDILKKEFVKGEAVQYDTFTQALIDLKNNRIDGLLIDEVYANYYLKQE  
 GNIKAYYFVKTAAYQGENFVVGARKVDRRLIEKINKAFKQLHNKGRFQKISYKWFGEDEVYS  
 KE

## SEQ ID NO. 5501

STRAIN 2603

ATGCTTAAATCTTTTGTGATTTCTTAGTTCGCTTTTACCAAAAAATATTTCTCCAGCT  
 TTCCAGCTAGCTGTCGTTATCGTCCAAGTGTCTACGTATATGATAGAAGCTATTCAA  
 AAACATGGTCTAAAAGGTGTGTTGATGGGGATTGCACGTATTTGCGATGTCATCCCTTA  
 GCCACGGAGGAAATGATCCTGTCCCTGATCATTTTAGCTTAAGACGTAATAAAACGGAT  
 ATATCAGAT

## SEQ ID NO. 5502

STRAIN 090

TTCCAGCTAGCTGTCGTTATCGTCCAAGTGTCTACGTATATGATAGA  
 AGCTATTCAAAAACATGGTCTAAAAGGTGTGTTGATGGGGATTGCACGTA  
 TTTTGGCATGTCATCCCTTAGCCACGGAGGAAATGATCCTGTCCCTGAT  
 CATTTTAGCTT

## SEQ ID NO. 5503

STRAIN A909

TTCCAGCTAGCTGTCGTTATCGTCCAAGTGTCTACGTATATGATAGA  
 AGCTATTCAAAAACATGGTCTAAAAGGTGTGTTGATGGGGATTGCACGTA  
 TTTTGGCATGTCATCCCTTAGCCACGGAGGAAATGATCCTGTCCCTGAT  
 CATTTTAgCTTAAGACGTAATAAAACGGATATA

## SEQ ID NO. 5504

STRAIN H36B

TTCCAGCTAGCTGTCGTTATCGTCCAAGTGTCTACGTATATGATAGA  
 AGCTATTCAAAAACATGGTCTAAAAGGTGTGTTGATGGGGATTGCACGTA  
 TTTTGGCATGTCATCCCTTAGCCACGGAGGAAATGATCCTGTCCCTGAT  
 CATTTTAGCTTAAGACGTAATAAAACGGATATATCAGAT

## SEQ ID NO. 5505

STRAIN 18RS21

TTCCAGCTAGCTGTCGTTATCGTCCAAGTGTCTACGTATATGATAGA  
 AGCTATTCAAAAACATGGTCTAAAAGGTGTGTTGATGGGGATTGCACGTA  
 TTTTGGCATGTCATCCCTTAGCCACGGAGGAAATGATCCTGTCCCTGAT  
 CATTTTAGCTTAAGACGTAATAAAACGGATATATCAGAT

## SEQ ID NO. 5506

STRAIN M732

TTCCAGCTAGCTGTCGTTATCGTCCAAGTGTCTACGTATATGATAGA  
 AGCTATTCAAAAACATGGTCTAAAAGGTGTGTTGATGGGGATTGCACGTA  
 TTTTGGCATGTCATCCCTTAgCCCACGGAGGAAATGATCCTGTCCCTGAT  
 CATTTTAGCTTAAGACGTAATAAAACGGATATATCAGAT

## SEQ ID NO. 5507

STRAIN COH1

TTCCAGCTAGCTGTCGTTATCGTCCAAGTGTCTACGTATATGATAGAAGCTATTCAA  
 AAACATGGTCTAAAAGGTGTGTTGATGGGGATTGCACGTATTTGCGATGTCATCCCTTA  
 GCCACGGAGGAAATGATCCTGTCCCTGATCATTTTAGCT

## SEQ ID NO. 5508

## SEQUENCE LISTING

## STRAIN M781

TTCCCAGCTAGCTGTCGTTATCGTCCAACTTGCTCTACGTATATGATAGA  
AGCTATTCAAAAACATGGTCTAAAAGGTGTGTTGATGGGGATTGCACGTA  
TTTTGCGATGTCATCCCTTAGCCACGGAGGAAATGATCCTGTCCCTGAT  
CATTTTAGCTTAAGACGTAATAAAACGGATATATCAGAT

## SEQ ID NO. 5509

## STRAIN CJB110

TTCCCAGCTAGCTGTCGTTATCGTCCAACTTGCTCTACGTATATGATAGA  
AGCTATTCAAAAACATGGTCTAAAAGGTGTGTTGATGGGGATTGCACGTA  
TTTTGCGATGTCATCCCTTAGCCACGGAGGAAATGATCCTGTCCCTGAT  
CATTTTAGCTTAAGACGTAATAAAACGGATATATCAGAT

## SEQ ID NO. 5510

## STRAIN 1169NT

TTCCCAGCTAGCTGTCGTTATCGTCCAACTTGCTCTACGTATATGATAGA  
AGCTATTCAAAAACATGGTCTAAAAGGTGTGGTGATGGGGATTGCACGTA  
TTTTGCGATGTCATCCCTTAGCCACGGAGGAAATGATCCTGTCCCTGAT  
TATTTTAGCTTAAGACGTAATAAAACGGATATATCAGAT

## SEQ ID NO. 5511

## STRAIN JM9130013

TTCCCAGCTAGCTGTCGTTATCGTCCAACTTGCTCTACGTATATGATAGA  
AGCTATTCAAAAACATGGTCTAAAAGGTGTTCTGATGGGGATTGCACGTA  
TTTTGCGATGTCATCCCTTAGCCACGGAGGAAATGATCCTGTCCCTGAT  
CATTTTAGCTTAAGACGTAATAAAACGGATATATCAGAT

## SEQ ID NO. 5512

## STRAIN 2603 frame: 1

MLKSFLIFLVRFYQKNISPAFPASCYRPTCSTYMIEAIQKHGLKGVLMGIARILRCHPL  
AHGGNDPVPDHFSLRRNKTDISD

## SEQ ID NO. 5513

## STRAIN 090 frame: 1

FPASCYRPTCSTYMIEAIQKHGLKGVLMGIARILRCHPLAHGGNDPVPDHF

## SEQ ID NO. 5514

## STRAIN A909 frame: 1

FPASCYRPTCSTYMIEAIQKHGLKGVLMGIARILRCHPLAHGGNDPVPDHFSLRRNKTD  
I

## SEQ ID NO. 5515

## STRAIN H36B frame: 1

FPASCYRPTCSTYMIEAIQKHGLKGVLMGIARILRCHPLAHGGNDPVPDHFSLRRNKTD  
ISD

## SEQ ID NO. 5516

## STRAIN 18RS21 frame: 1

FPASCYRPTCSTYMIEAIQKHGLKGVLMGIARILRCHPLAHGGNDPVPDHFSLRRNKTD  
ISD

## SEQ ID NO. 5517

## STRAIN M732 frame: 1

FPASCYRPTCSTYMIEAIQKHGLKGVLMGIARILRCHPLAHGGNDPVPDHFSLRRNKTD  
ISD

## SEQ ID NO. 5518

## STRAIN COH1 frame: 1

FPASCYRPTCSTYMIEAIQKHGLKGVLMGIARILRCHPLAHGGNDPVPDHF

## SEQ ID NO. 5519

## STRAIN M781 frame: 1

FPASCYRPTCSTYMIEAIQKHGLKGVLMGIARILRCHPLAHGGNDPVPDHFSLRRNKTD  
ISD

## SEQUENCE LISTING

## SEQ ID NO. 5520

STRAIN CJB110 frame: 1

FPASCRYRPTCSTYMIEAIQKHGLKGVLMGIARILRCHPLAHGGNDPVPDHFSLRRNKTD  
ISD

## SEQ ID NO. 5521

STRAIN 1169NT frame: 1

FPASCRYRPTCSTYMIEAIQKHGLKGVVMGIARILRCHPLAHGGNDPVPDYFSLRRNKTD  
ISD

## SEQ ID NO. 5522

STRAIN JM9130013 frame: 1

FPASCRYRPTCSTYMIEAIQKHGLKGVLMGIARILRCHPLAHGGNDPVPDHFSLRRNKTD  
ISD

## SEQ ID NO. 5601

STRAIN 2603

aagaagcttactttttatttgggatttagatgggacattaatagattcgtatgtaccaattatggaagctccttgaagaaacctatcgtcatttttggtttaattatttgataaagaattaatccatgaatatattttacaggaatcagtggggaattatttggtaaacctttcagaggaagagcaaatacctcatgaaaaactgaaagcatattttacaaaagaacaagaaagtcgagattctaaaatacatttaatgccatattgcaaaaagagattttagaatggaccaagaacaagatatcccaattttatgtatacacataaaaggagcaagtagcattcagtggttgaaccttgacagatctctcattattttgatgaaattttaactgggtgttcgggattcgagcgaaaaccacatccacaagggaattaattatttagttaaacgatattcttttagataaatcaatgacttattacataggagatcgccactagatttgagggttgctcaaaatgctggtataaaatccataaacttaagggttagagaattccaaagaaaactataatatttcaagtcctcaaagatataatatcacttgatttcactcgtttggat

## SEQ ID NO. 5602

STRAIN COH1

AAGAAGCTTACTTTTATTTGGGATTTAGATGGGACATTAA  
TAGATTCGTATGTACCAATTATGGAAGCTCTTGAAGAAACCTATCGTCATTTTGGCTTAATATTTGATAAAGAATTAATCCATGAATATATTTTACAGGAATCAGTGGGGCAATTATTTGGTAAACCTTTTCAGAGGAAGAGCAAATACCTCATGAAAACTGAAAGCATATTTTACAAAAGAACAAGAAAGTCGAGATTCTAAAATACATTTAATGCCATATGCAAAGAGATTTTAGAATGGACCAAAGACAAGATATTTCCCAATTTTATGTATACACATAAAGGAGCAAGTACGCATTGAGTGTGGAAACCTTGCAGATCTCTCATTATTTTGATGAAATTTTAACTGGTGTTCGGGATTCGAGCGAAAACCACATCCACAAGGGATTAATTATTTAGTTAAACGATATTTCTTAGATAAATCAATGACTTATTACATAGGAGATCGTCCACTAGATTTGGAGGTTGCTCAAATGCTGGTATAAAATCCATAAACTTAAGGTTAGAGAATTTCCAAAGAAAACCTATAATATTTCAAGTCTCAAAGATATAATCACTTGATTTCACCTCGTTTGGAT

## SEQ ID NO. 5603

STRAIN A909

AAGAAGCTTACTTTTATTTGGGATTTAGATGGGACATTAAATAGATTCGTATGTACCAATTATGGAAGCTCTTGAAGAAACCTATCGTCATTTTGGTTTAATATTTGATAAAGAATTAATCCATGAATATATTTTACAGGAATCAGTGGGGAAATTATGGTAAACCTTTTCAGAGGAAGAGCAAATACCTCATGAAAACTGAAAGCATATTTTACAAAAGACAAGAAAGTCGAGATTCTAAAATACATTTAATGCCATATGCAAAGAGATTTTAGAATGACCAAAGAACAAGATATCCCCAATTTTATGTATACACATAAAGGAGCAAGTACGCATTGAGTGTGGAAACCTTGCAGATCTCTCATTATTTTGATGAAATTTTAACTGGTGTTCGGGATTCGAGCGAAAACCACATCCACAAGGGATTAATTATTTAGTTAAACGATATTTCTTAGATAAATCAATGACTTATTACATAGGAGATCGTCCACTAGATTTGGAGGTTGCTCAAATGCTGGTATAAAATCCATAAACTTAAGGTTAGAGAATTTCCAAAGAAAACCTATAATATTTCAAGTCTCAAAGATATAATATCACTTGATTTCACCTCGT

## SEQ ID NO. 5604

STRAIN H36B

## SEQUENCE LISTING

AAGAAGCTTACTTTTATTTGGGATTTAGATGGGACATTAATAGATTTCG  
 TATGTACCAATTATGGAAGCTCTTGAAGAAACCTATCGTCATTTTGGTTTAATATTTGAT  
 AAAGAATTAATCCATGAATATATTTTACAGGAATCAGTGGGGAAATTATTGGTAAACCTT  
 TCAGAGGAAGAGCAAATACCTCATGAAAACTGAAAGCATATTTTACAAAAGAACAAGAA  
 AGTCGAGATTCTAAAATACATTTAATGCCATATGCAAAAGAGATTTTAGAATGGACCAAA  
 GAACAAGATATCCCCAATTTTATGTATACACATAAAGGAGCAAGTACGCATTCACTGTTG  
 GAAACCTTGCAGATCTCTCATTATTTTGGATGAAATTTTAACTGGTGTTCGGGATTCGAG  
 CGAAAACCATCCACAAGGGATTAATTATTTAGTTAAACGATATTCTTTAGATAAATCA  
 ATGACTTATTACATAGGAGATCGTCCACTAGATTTGGAGGTTGCTCAAAATGCTGGTATA  
 AAATCCATAAACTTAAGGTTAGAGAATTCCAAGAAAACTATAATATTTCAAGTCTCAA  
 GATATAATATCACTTGATTTCACTCGTTTGGAT

## SEQ ID NO. 5605

STRAIN 18RS21

AAGAAGCTTACTTTTATTTGGGATTTAGATGGGACATTAATAGATT  
 CGTATGTACCAATTATGGAAGCTCTTGAAGAAACCTATCGTCATTTTGGTTTAATATTTG  
 ATAAAGAATTAATCCATGAATATATTTTACAGGAATCAGTGGGGAAATTATTGGTAAACC  
 TTTCAGAGGAAGAGCAAATACCTCATGAAAACTGAAAGCATATTTTACAAAAGACAAG  
 AAGTCGAGATTCTAAAATACATTTAATGCCATATGCAAAAGAGATTTTAGAATGGACCA  
 AAGAACAAGATATCCCCAATTTTATGTATACACATAAAGGAGCAAGTACGCATTCACTGT  
 TGGAACCTTGCAGATCTCTCATTATTTTGGATGAAATTTTAACTGGTGTTCGGGATTCG  
 AGCGAAAACCATCCACAAGGGATTAATTATTTAGTTAAACGATATTCTTTAGATAAAT  
 CAATGACTTATTACATAGGAGATCGTCCACTAGATTTGGAGGTTGCTCAAAATGCTGGTA  
 TAAAATCCATAAACTTAAGGTTAGAGAATTCCAAGAAAACTATAATATTTCAAGTCTCA  
 AAGATATAATATCACTTGATTTCACTCGTTTGGAT

## SEQ ID NO. 5606

STRAIN M732

AAGAAGCTTACTTTTATTTGGGATTTAGATGGGACATTAATAGAT  
 TCGTATGTACCAATTATGGAAGCTCTTGAAGAAACCTATCGTCATTTTGGCTTAATATTT  
 GATAAAGAATTAATCCATGAATATATTTTACAGGAATCAGTGGGGCAATTATTGGTAAAC  
 CTTTCAGAGGAAGAGCAAATACCTCATGAAAACTGAAAGCATATTTTACAAAAGAACA  
 GAAAGTCGAGATTCTAAAATACATTTAATGCCATATGCAAAAGAGATTTTAGAATGGACC  
 AAAGAACAAGATATTTCCCAATTTTATGTATACACATAAAGGAGCAAGTACGCATTCACTG  
 TTGGAACCTTGCAGATCTCTCATTATTTTGGATGAAATTTTAACTGGTGTTCGGGATTC  
 GAGCGAAAACCATCCACAAGGGATTAATTATTTAGTTAAACGATATTCTTTAGATAAA  
 TCAATGACTTATTACATAGGAGATCGTCCACTAGATTTGGAGGTTGCTCAAAATGCTGGT  
 ATAAAATCCATAAACTTAAGGTTAGAGAATTCCAAGAAAACTATAATATTTCAAGTCTC  
 AAAGATATAATATCACTTGATTTCACTCGTTTGGAT

## SEQ ID NO. 5607

STRAIN CJB110

AAGAAGCTTACTTTTATTTGGGATTTAGATGGGACATT  
 AATAGATTTCGTATGTACCAATTATGGAAGCTCTTGAAGAAACCTATCGTCATTTTGGCTT  
 AATATTTGATAAAGAATTAATCCATGAATATATTTTACAGGAATCAGTGGGGCAATTATT  
 GGTAACCTTTTCAGAGGAAGAGCAAATACCTCATGAAAACTGAAAGCATATTTTACAAA  
 AGAACAAGAAAGTCGAGATTCTAAAATACATTTAATGCCATATGCAAAAGAGATTTTAGA  
 ATGGACCAAGAACAAGATATCCCCAATTTTATGTATACACATAAAGGAGCAAGTACGCA  
 TTCAGTGTGGAAACCTTGCAGATCTCTCATTATTTTGGATGAAATTTTAACTGGTGTTC  
 TGGATTTCGAGCGAAAACCATCCACAAGGGATTAATTATTTAGTTAAACGATATTCTTT  
 AGATAAATCAATGACTTATTACATAGGAGATCGTCCCTAGATTTGGAGGTTGCTCAAAA  
 TGCTGGTATAAAATCCATAAACTTAAGGTTAGAGAATTCCAAGAAAACTATAATATTTCA  
 AGTCTCAAGGATATAATATCACTTGATTTCACTCGTT

## SEQ ID NO. 5608

STRAIN 1169NT

aAGAAGCTTACTTTTATTTGGGATTTAGATGGGACATTAATAGATTTCGTATGTACCAATTA  
 TAGAAGCTCTTGAAGAAACCTATCGTCATTTTGGCTTAATATTTGATAAAGAATTAATCC  
 ATGAATATATTTTACAGGAATCAGTGGGGAAATTATTGGTAAACCTTTTCAGAGGAAGAGC  
 AAATACCTCATGAAAACTGAAAGCATATTTTACAAAAGAACAAGAAAGTCGAGATTCTA  
 AAATACATTTAATGCCATACGCAAAAGAGATTTTAGAATGGACCAAGAACAAGATATCC  
 CCAATTTTATGTATACACATAAAGGAGCAAGTACGCATTCACTGTTGGAAACCTTGCAGA  
 TCTCTCATTATTTTGGATGAAATTTTAACTGGTGTTCGGGATTCGAGCGAAAACCATC  
 CACAAGGGATTAATTATTTAGTTAAACGATATTCTTTAGATAAATCAATGACTTATTACA

## SEQUENCE LISTING

TAGGAGATCGTCCCCTAGATTGGAGGTTGCTCAAAATGCTGGTATAAAATCCATAAACT  
TAAGGTTAGAGAATTCCAAAGAAAACCTATAATATTTCAAGTCTCAAGGATATAATATCAC  
TTGATTCTACTCGTTTGGAT

## SEQ ID NO. 5609

STRAIN JM9130013

AAGAAGCTTACTTTTATTTGGGATTTAGATGGGACATTAATAGA  
TTCGTATGTACCAATTATGGAAGCTCTTGAAGAAACCTATCGTCATTTTGGTTTAATATT  
TGATAAAGAATTAATCCATGAATATATTTTACAGGAATCAGTGGGGAAATTATTGGTAAA  
CCTTTCAGAGGAAGAGCAAATACCTCATGAAAACTGAAAGCATATTTTACAAAAGAACA  
AGAAAGTCGAGATTCTAAAATACATTTAATGCCATATGCAAAGAGATTTTGAATGGAC  
CAAAGAACAAGATATCCCCAATTTTATGTATACACATAAAGGAGCAAGTACGCATTCACT  
GTTGGAAACCTTGCAGATCTCTCATTATTTTGTATGAAATTTTAACTGGTGTTCGGGATT  
CGAGCGAAAACCATCCACAAGGGATTAATTATTTAGTTAAACGATATTCTTTAGATAA  
ATCAATGACTTATTACATAGGAGATCGTCCACTAGATTTGGAGGTTGCTCAAAATGCTGG  
TATAAAATCCATAAACTTAAGGTTAGAGAATTCCAAAGAAAACCTATAATATTTCAAGTCT  
CAAAGATATAATATCACTTGATTCTACTCGT

## SEQ ID NO. 5610

STRAIN 090

AAGAAGCTTACTTTTATTTGG  
GATTTAGATGGGACATTAATAGATTCGTATGTACCAATTATGGAAGCTCT  
TGAAGAAACCTATCGTCATTTTGGCTTAATATTTGATAAAGAATTAATCC  
ATGAATATATTTTACAGGAATCAGTGGGGCAATTATTGGTAAACCTTTCA  
GAGGAAGAGCAAATACCTCATGAAAACTGAAAGCATATTTTACAAAAGA  
ACAAGAAAGTCGAGATTCTAAAATACATTTAATGCCATATGCAAAGAGA  
TTTTAGATGGACCAAAGAACAAGATATCCCCAATTTTATGTATACACAT  
AAAGGAGCAAGTACGCATTCAGTGTGGAAACCTTGCAGATCTCTCATT  
TTTTGATGAAATTTTAACTGGTGTTCGGATTGAGCGAAAACCATC  
CACAAGGATTAATTTTATTTAGTTAAACGATATTCTTTAGATAAATCAATG  
ACTTATTACATAGGAGATCGTCCCCTAGATTTGGAGGTTGCTCAAAATGC  
TGGTATAAAATCCATAAACTTAAGGTTAGAGAATTCCAAAGAAAACCTATA  
ATATTTCAAGTCTCAAGGATATAATATCACTTGATTCTACTCGT

## SEQ ID NO. 5611

STRAIN M781

AAGAAGCTTACTTTTATTTGGGATTTAGATGGGACATTAATAGATTCGT  
ATGTACCAATTATGGAAGCTCTTGAAGAAACCTATCGTCATTTTGGCTTA  
ATATTTGATAAAGAATTAATCCATGAATATATTTTACAGGAATCAGTGGG  
GCAATTATTGGTAAACCTTTCAGAGGAAGAGCAAATACCTCATGAAAAAC  
TGAAAGCATATTTTACAAAAGAACAAGAAAGTCGAGATTyTAAAATACAT  
TTAATGCCATATGCAAAGAGATTTTGAATGGACCAAAGAACAAGATAT  
TCCCAATTTTATGTATACACATAAAGGAGCAAGTACGCATTCACTGTTGG  
AAACCTTGCAGATCTCTCATTATTTTGTATGAAATTTTAACTGGTGTTCG  
GGATTGAGCGAAAACCATCCACAAGGATTAATTATTTAGTTAAACG  
ATATTTCTTTAGATAAATCAATGACTTATTACATAGGAGATCGTCCACTAG  
ATTTGGAGGTTGCTCAAAATGCTGGTATAAAATCCATAAACTTAAGGTTA  
GAGAATTCCAAAGAAAACCTATAATATTTCAAGTCTCAAAGATATAATATC  
ACTTGATTCTACTCGT

## SEQ ID NO. 5612

STRAIN 2603 frame: 1

KKLTFIWDLDGTLIDSYPIMEALEETYRHFGLIIDKELIHEYILQESVGKLLVNLSEEE  
QIPHEKLKAYFTKEQESRDSKIHLMPYAKEILEWTKEQDIPNFMYTHKGASTHSVLETLO  
ISHYFDEILTGVSGFERKPHFQGINYLVKRYSLDKSMYYIGDRPLDLEVAQNAGIKSIN  
LRLNSKENYNISSLKDIISLDFTRLD

## SEQ ID NO. 5613

STRAIN A909 frame: 1

KKLTFIWDLDGTLIDSYPIMEALEETYRHFGLIIDKELIHEYILQESVGKLLVNLSEEE  
QIPHEKLKAYFTKEQESRDSKIHLMPYAKEILEWTKEQDIPNFMYTHKGASTHSVLETLO  
ISHYFDEILTGVSGFERKPHFQGINYLVKRYSLDKSMYYIGDRPLDLEVAQNAGIKSIN  
LRLNSKENYNISSLKDIISLDFTRLD

## SEQUENCE LISTING

## SEQ ID NO. 5614

STRAIN H36B frame: 1

KKLTFIWDL DGTLDISYVPIMEALEET YRHFG LIFDKELIHEYILQESVGKLLVNLSEEE  
QIPHEK LKAYFTKEQESRDSKIHLMPYAKEILEWTKEQDIPNFMYTHKGASTHSVLETQ  
ISHYFDEILTGVSGFERKPHPQG INYLVKRYSLDKSMTYYIGDRPLDLEVAQNAGIKSIN  
LRLENSKENYNISS LKDIISLDFTRLD

## SEQ ID NO. 5615

STRAIN 18RS21 frame: 1

KKLTFIWDL DGTLDISYVPIMEALEET YRHFG LIFDKELIHEYILQESVGKLLVNLSEEE  
QIPHEK LKAYFTKEQESRDSKIHLMPYAKEILEWTKEQDIPNFMYTHKGASTHSVLETQ  
ISHYFDEILTGVSGFERKPHPQG INYLVKRYSLDKSMTYYIGDRPLDLEVAQNAGIKSIN  
LRLENSKENYNISS LKDIISLDFTRLD

## SEQ ID NO. 5616

STRAIN M732 frame: 1

KKLTFIWDL DGTLDISYVPIMEALEET YRHFG LIFDKELIHEYILQESVGQLLVNLSEEE  
QIPHEK LKAYFTKEQESRDSKIHLMPYAKEILEWTKEQDIPNFMYTHKGASTHSVLETQ  
ISHYFDEILTGVSGFERKPHPQG INYLVKRYSLDKSMTYYIGDRPLDLEVAQNAGIKSIN  
LRLENSKENYNISS LKDIISLDFTRLD

## SEQ ID NO. 5617

STRAIN COH1 frame: 1

KKLTFIWDL DGTLDISYVPIMEALEET YRHFG LIFDKELIHEYILQESVGQLLVNLSEEE  
QIPHEK LKAYFTKEQESRDSKIHLMPYAKEILEWTKEQDIPNFMYTHKGASTHSVLETQ  
ISHYFDEILTGVSGFERKPHPQG INYLVKRYSLDKSMTYYIGDRPLDLEVAQNAGIKSIN  
LRLENSKENYNISS LKDIISLDFTRLD

## SEQ ID NO. 5618

STRAIN CJB110 frame: 1

KKLTFIWDL DGTLDISYVPIMEALEET YRHFG LIFDKELIHEYILQESVGQLLVNLSEEE  
QIPHEK LKAYFTKEQESRDSKIHLMPYAKEILEWTKEQDIPNFMYTHKGASTHSVLETQ  
ISHYFDEILTGVSGFERKPHPQG INYLVKRYSLDKSMTYYIGDRPLDLEVAQNAGIKSIN  
LRLENSKENYNISS LKDIISLDFTRLD

## SEQ ID NO. 5619

STRAIN 1169NT frame: 1

KKLTFIWDL DGTLDISYVPIMEALEET YRHFG LIFDKELIHEYILQESVGKLLVNLSEEE  
QIPHEK LKAYFTKEQESRDSKIHLMPYAKEILEWTKEQDIPNFMYTHKGASTHSVLETQ  
ISHYFDEILTGVSGFERKPHPQG INYLVKRYSLDKSMTYYIGDRPLDLEVAQNAGIKSIN  
LRLENSKENYNISS LKDIISLDFTRLD

## SEQ ID NO. 5620

STRAIN JM9130013 frame: 1

KKLTFIWDL DGTLDISYVPIMEALEET YRHFG LIFDKELIHEYILQESVGKLLVNLSEEE  
QIPHEK LKAYFTKEQESRDSKIHLMPYAKEILEWTKEQDIPNFMYTHKGASTHSVLETQ  
ISHYFDEILTGVSGFERKPHPQG INYLVKRYSLDKSMTYYIGDRPLDLEVAQNAGIKSIN  
LRLENSKENYNISS LKDIISLDFTRLD

## SEQ ID NO. 5621

STRAIN 090 frame: 1

KKLTFIWDL DGTLDISYVPIMEALEET YRHFG LIFDKELIHEYILQESVGQLLVNLSEEE  
QIPHEK LKAYFTKEQESRDSKIHLMPYAKEILEWTKEQDIPNFMYTHKGASTHSVLETQ  
ISHYFDEILTGVSGFERKPHPQG INYLVKRYSLDKSMTYYIGDRPLDLEVAQNAGIKSIN  
LRLENSKENYNISS LKDIISLDFTRLD

## SEQ ID NO. 5622

STRAIN M781 frame: 1

KKLTFIWDL DGTLDISYVPIMEALEET YRHFG LIFDKELIHEYILQESVGQLLVNLSEEE  
QIPHEK LKAYFTKEQESRDSKIHLMPYAKEILEWTKEQDIPNFMYTHKGASTHSVLETQ  
ISHYFDEILTGVSGFERKPHPQG INYLVKRYSLDKSMTYYIGDRPLDLEVAQNAGIKSIN  
LRLENSKENYNISS LKDIISLDFTRLD

## SEQ ID NO: 5701

## SEQUENCE LISTING

## STRAIN 2603

ATGCTTATGACAAAAATAATAGGACTGACAGGAGGGATAGCTTCT  
GGAAAGTCAACGGTAACAAAAATAATACGAGAATCAGGTTTTAAAGTCATAGATGCGGAT  
CAAGTGGTTCATAAATTGCAAGCTAAGGGTGGGAACTTTACCAAGCTTTATTAGAATGG  
TTGGGTCCCGAGATACTTGATGCTGATGGTGAGTTGGATAGACCAAAGCTTTCTCAAATG  
ATTTTTGCTAATCCAGACAATATGAAGACATCAGCTAGGCTACAAAATAGTATCATTCGT  
CAAGAGTTAGCATGTCAGCGCGACCAATTAAAACAAACAGAAGAGATATTTTTCATGGAT  
ATTCCTTTATTGATTGAAGAAAAGTATATAAAATGGTTTGATGAGATTTGGTTGGTATTT  
GTTGATAAAGAAAAACAATTACAACGATTAAATGGCCCGTAACAACCTACAGTCGAGAAGAA  
GCAGAATTACGACTTTCACACCAAATGCCTTTAACAGATAAAAAAAGTTTCGCTAGTCTT  
ATTATTGACAATAATGGTGATTTAATAACTTTAAAAGAGCAAATATTGGATGCTCTTCAA  
CGTTTA

## SEQ ID NO: 5702

## STRAIN 090

AAGTCAACGGTAACAAAAATAATACGAGAATCAG  
GTTTTAAAGTCATAGATGCGGATCAAGTGGTTCATAAATTGCAAGCTAAG  
GGTGGGAACTTTACCAAGCTTTATTAGAATGGTTGGGTCCCGAGATACT  
TGATGCTGATGGTGAGTTGGATAGACCAAAGCTTTCTCAAATGATTTTTG  
CTAATCCAGACAATATGAAGACATCAGCTAGGCTACAAAATAGTATCATT  
CGTCAAGAGTTAGCATGTCAGCGCGACCAATTAAAACAAACAGAAGAGAT  
ATTTTTCGTGGATATTCCTTTATTGATTGAAGAAAAGTATATAAAATGGT  
TTGATGAGATTTGGTTGGTATTTGTTGATAAAGAAAAACAATTACAACGA  
TTAATGGCCCGTAACAACCTACAGTCGAGAAGAAGCAGAATTACGACTTTC  
ACACCAAATGCCTTTAACAGATAAAAAAAGTTTCGCTAGTCTTATTATTA  
ATAATAATGGTGATTTAATAACTTTAAAAGAGCAAATATTGGATGCTCTT  
CAACGTTTA

## SEQ ID NO: 5703

## STRAIN A909

AAGTCAACGGTAACAAAAATAATACGAGAATCAG  
GTTTTAAAGTCATAGATGCGGATCAAGTGGTTCATAAATTGCAAGCTAAG  
GGTGGGAACTTTACCAAGCTTTATTAGAATGGTTGGGTCCCGAGATACT  
TGATGCTGATGGTGAGTTGGATAGACCAAAGCTTTCTCAAATGATTTTTG  
CTAATCCAGACAATATGAAGACATCAGCTAGGCTACAAAATAGTATCATT  
CGTCAAGAGTTAGCATGTCAGCGCGACCAATTAAAACAAACAGAAGAGAT  
ATTTTTCATGGATATTCCTTTATTGATTGAAGAAAAGTATATAAAATGGT  
TTGATGAGATTTGGTTGGTATTTGTTGATAAAGAAAAACAATTACAACGA  
TTAATGGCCCGTaACAACCTACAGTCGAGAAGAAGCAGAATTACGACTTTC  
ACACCAAATGCCTTTAACAGATAAAAAAAGTTTCGCTAGTCTTATTATTG  
ACAATAATGGTGATTTAATAACTTTAAAAGAGCAAATATTGGATGCTCTT  
CAACGTTTA

## SEQ ID NO: 5704

## STRAIN H36B

AAGTCAACGGTAACAAAAATAATACGAGAATCAGG  
TTTTAAAGTCATAGATGCGGATCAAGTGGTTCATAAATTGCAAGCTAAGG  
GTGGGAACTTTACCAAGCTTTATTAGAATGGTTGGGTCCCGAGATACTT  
GATGCTGATGGTGAGTTGGATAGACCAAAGCTTTCTCAAATGATTTTTGC  
TAATCCAGACAATATGAAGACATCAGCTAGGCTACAAAATAGTATCATTC  
GTCAAGAGTTAGCATGTCAGCGCGACCAATTAAAACAAACAGAAGAGATA  
TTTTTCATGGATATTCCTTTATTGATTGAAGAAAAGTATATAAAATGGT  
TGATGAGATTTGGTTGGTATTTGTTGATAAAGAAAAACAATTACAACGAT  
TAATGGCCCGTaACAACCTACAGTCGAGAAGAAGCGGAATTACGACTTTC  
CACCAAATACCTTTAACAGATAAAAAAAGTTTCGCTAGTCTTATTATTGA  
TAATAATGGTGATTTAATAACTTTAAAAGAGCAAATGTTGGATGCTCTTC  
AACGTTTA

## SEQ ID NO: 5705

## STRAIN 18RS21

AAGTCAACGGTAACAAAAATAATACGAGAATCAGG  
TTTTAAAGTCATAGATGCGGATCAAGTGGTTCATAAATTGCAAGCTAAGG  
GTGGGAACTTTACCAAGCTTTATTAGAATGGTTGGGTCCCGAGATACTT  
GATGCTGATGGTGAGTTGGATAGACCAAAGCTTTCTCAAATGATTTTTGC



## SEQUENCE LISTING

TAATCCAGACAATATGAAGACATCAGCTAGGCTACAAAATAGTATCATT  
GTCAAGAGTTAGCATGTCAGCGCGACCAATTAAAAACAAACAGAAGAGATA  
TTTTTCATGGATATTCCTTTATTGATTGAAGAAAAGTATATAAAATGGTT  
TGATGAGATTGGTTGGTATTGTTGATAAAGAAAAACAATTACAACGAT  
TAATGGCCCCGTAACAACACTACAGTCGAGAAGAAGCAGAATTACGACTTTCA  
CACCAAATGCCTTTAACAGATAAAAAAAGTTTCGCTAGTCTTATTATTGA  
CAATAATGGTGATTTAATAACTTTAAAAGAGCAAATATTGGATGCTCTTC  
AACGTTTA

SEQ ID NO: 5706

STRAIN M732

AAGTCAACGGTAACAAAAATAATACGAGAATCAGGTT  
TTAAAGTCATAGATGCGGATCAAGTGGTTCATAAATTGCAAGCTAAGGGT  
GGGAAACTTTACCAAGCTTTATTAGAATGGTTGGGTCCCGAGATACTTGA  
TGCTGATGGTGAGTTGGATAGACCAAGCTTTCTCAAATGATTTTTGCTA  
ATCCAGACAATATGAAGACATCAGCTAGGCTACAAAATAGTATCATTCTG  
CAAGAGTTAGCATGTCAGCGCGACCAATTAAAAACAAACAGAAGAGATATT  
TTTCATGGATATTCCTTTATTGATTGAAGAAAAGTATATAAAATGGTTTG  
ATGAGATTTGGTTGGTATTGTTGATAAAGAAAAACAATTACAACGATTA  
ATGGCCCCGTAACAACACTACAGTCGAGAAGAAGCAGAATTACGACTTTCACA  
CCAAATGCCTTTAACAGATAAAAAAAGTTTCGCTAGTCTTATTATTGACA  
ATAATGGTGATTTAATAACTTTAAAAGAGCAAATATTGGATGCTCTTCAA  
CGTTTA

SEQ ID NO: 5707

STRAIN COH1

AAGTCAACGGTAACAAAAATAATACGAGAATCAGGTT  
TTTAAAGTCATAGATGCGGATCAAGTGGTTCATAAATTGCAAGCTAAGGG  
TGGGAACTTTACCAAGCTTTATTAGAATGGTTGGGTCCCGAGATACTTG  
ATGCTGATGGTGAGTTGGATAGACCAAGCTTTCTCAAATGATTTTTGCT  
AATCCAGACAATATGAAGACATCAGCTAGGCTACAAAATAGTATCATTCTG  
TCAAGAGTTAGCATGTCAGCGCGACCAATTAAAAACAAACAGAAGAGATAT  
TTTTTCATGGATATTCCTTTATTGATTGAAGAAAAGTATATAAAATGGTTT  
GATGAGATTTGGTTGGTATTGTTGATAAAGAAAAACAATTACAACGATT  
AATGGCCCCGTAACAACACTACAGTCGAGAAGAAGCAGAATTACGACTTTCAC  
ACCAAATGCCTTTAACAGATAAAAAAAGTTTCGCTAGTCTTATTATTGAC  
ATAATGGTGATTTAATAACTTTAAAAGAGCAAATATTGGATGCTCTTCA  
ACGTTTA

SEQ ID NO: 5708

STRAIN M781

AAGTCAAQGGTAACAAAAATAATACGAGAATCAGG  
TTTTAAAGTCATAGATGCGGATCAAGTGGTTCATAAATTGCAAGCTAAGG  
GTGGGAACTTTACCAAGCTTTATTAGAATGGTTGGGTCCCGAGATACTT  
GATGCTGATGGTGAGTTGGATAGACCAAGCTTTCTCAAATGATTTTTGC  
TAATCCAGACAATATGAAGACATCAGCTAGGCTACAAAATAGTATCATTCT  
GTCAAGAGTTAGCATGTCAGCGCGACCAATTAAAAACAAACAGAAGAGATA  
TTTTTCATGGATATTCCTTTATTGATTGAAGAAAAGTATATAAAATGGTT  
TGATGAGATTTGGTTGGTATTGTTGATAAAGAAAAACAATTACAACGAT  
TAATGGCCCCGTAACAACACTACAGTCGAGAAGAAGCAGAATTACGACTTTC  
CACCAAATGCCTTTAACAGATAAAAAAAGTTTCGCTAGTCTTATTATTGA  
CAATAATGGTGATTTAATAACTTTAAAAGAGCAAATATTGGATGCTCTTC  
AACGTTTA

SEQ ID NO: 5709

STRAIN CJB110

AAGTCAACGGTAACAAAAATAATACGAGAA  
TCAGGTTTTTAAAGTCATAGATGCGGATCAAGTGGTTCATAAATTGCAAGC  
TAAGGGTGGGAACTTTACCAAGCTTTATTAGAATGGTTGGGTCCCGAGA  
TACTTGATGCTGATGGTGAGTTGGATAGACCAAGCTTTCTCAAATGATT  
TTTGCTAATCCAGACAATATGAAGACATCAGCTAGGCTACAAAATAGTAT  
CATTCTGCAAGAGTTAGCATGTCAGCGCGACCAATTAAAAACAAACAGAAG  
AGATATTTTTCGTGATATTCCTTTATTGATTGAAGAAAAGTATATAAAA  
TGTTTGGATGAGATTTGGTTGGTATTGTTGATAAAGAAAAACAATTACA

## SEQUENCE LISTING

ACGATTAATGGCCCGT<sub>2</sub>ACAACCTACAGTCGAGAAGAAGCAGAATTACGAC  
 TTTCACACCAAATGCCTTTAACAGATAAAAAAAGTTTCGCTAGTCTTATT  
 ATTAATAATAATGGTGATTTAATAACTTTAAAAGAGCAAATATTGGATGC  
 TCTTCAACGTTTA

## SEQ ID NO: 5710

STRAIN 1169NT

AAGTCAACGGTAACAAAAATAATACGAGAATCAGG  
 TTTTAAAGTCATAGATGCGGATCAAGTGGTTCATAAATTGCAAGCTAAGG  
 GTGGGAACTTTACCAAGCTTTATTAGAATGGTTGGGTCCCGAGATACTT  
 GATGCTGATGGTGAGTTGGATAGACCAAAGCTTTCTCAAATGATTTTGC  
 TAATCCAGACAATATGAAGACATCAGCTAGGCTACAAAATAGTATCATTC  
 GTCAAGAGTTAGCATGTCAGCGCGACCAATTAAAACAAACAGAAGAGATA  
 TTTTTCATGGATATTCCTTTATTGATTTGAAGAAAAGTATATAAAATGGTT  
 TGATGAGATTTGGTTGGTATTTGTTGATAAAGAAAAACAATTACAACGAT  
 TAATGGCCCGTAACAACCTACAGTCGAGAAGAAGCAGAATTACGACTTTC  
 CACCAAATACCTTTAACAGATAAAAAAAGTTTCGCTAGTCTTATTATTGA  
 TAATAATGGTGATTTAATAACTTTAAAAGAGCAAATGTTGGATGCTCTTC  
 AACGTTTA

## SEQ ID NO: 5711

STRAIN JM9130013

AAGTCAACGGTAACAAAAATAATACGAGAATCAGGT  
 TTTAAAGTCATAGATGCGGATCAAGTGGTTCATAAATTGCAAGCTAAGGG  
 TGGGAACTTTACCAAGCTTTATTAGAATGGTTGGGTCCCGAGATACTTG  
 ATGCTGATGGTGAGTTGGATAGACCAAAGCTTTCTCAAATGATTTTGC  
 AATCCAGACAATATGAAGACATCAGCTAGGCTACAAAATAGTATCATTCG  
 TCAAGAGTTAGCATGTCAGCGCGACCAATTAAAACAAACAGAAGAGATAT  
 TTTTCATGGATATTCCTTTATTGATTTGAAGAAAAGTATATAAAATGGTTT  
 GATGAGATTTGGTTGGTATTTGTTGATAAAGAAAAACAATTACAACGATT  
 AATGGCCCGTAACAACCTACAGTCGAGAAGAAGCGGAATTACGACTTTCAC  
 ACCAAATACCTTTAACAGATAAAAAAAGTTTCGCTAGTCTTATTATTGAT  
 AATAATGGTGATTTAATAACTTTAAAAGAGCAAATGTTGGATGCTCTTCA  
 ACGTTTA

## SEQ ID NO: 5712

STRAIN 2603 frame: 1

MLMTKIIGLTGGIASGKSTVTTKI IRESGFKVIDADQVVHKLQAKGGKLYQALLEWLGP  
 EILDADGELDRPKLSQMI FANPDNMKTSARLQNSII RQELACQDQLKQTEEIFFMDIPLLI  
 EEKYIKWFDEIWLVEVDKEKQLQRLMARNNYSREEAELRLSHQMPLTDKKS FASLIIDNN  
 GDLITLKEQILDALQRL

## SEQ ID NO: 5713

STRAIN 090 frame: 1

KSTVTKI IRESGFKVIDADQVVHKLQAKGGKLYQALLEWLGP EILDADGELDRPKLSQMI  
 FANPDNMKTSARLQNSII RQELACQDQLKQTEEIFFMDIPLLI EEKYIKWFDEIWLVEV  
 DKEKQLQRLMARNNYSREEAELRLSHQMPLTDKKS FASLIIDNN GDLITLKEQILDALQ  
 RL

## SEQ ID NO: 5714

STRAIN A909 frame: 1

KSTVTKI IRESGFKVIDADQVVHKLQAKGGKLYQALLEWLGP EILDADGELDRPKLSQMI  
 FANPDNMKTSARLQNSII RQELACQDQLKQTEEIFFMDIPLLI EEKYIKWFDEIWLVEV  
 DKEKQLQRLMARNNYSREEAELRLSHQMPLTDKKS FASLIIDNN GDLITLKEQILDALQ  
 RL

## SEQ ID NO: 5715

STRAIN H36B frame: 1

KSTVTKI IRESGFKVIDADQVVHKLQAKGGKLYQALLEWLGP EILDADGELDRPKLSQMI  
 FANPDNMKTSARLQNSII RQELACQDQLKQTEEIFFMDIPLLI EEKYIKWFDEIWLVEV  
 DKEKQLQRLMARNNYSREEAELRLSHQIPLTDKKS FASLIIDNN GDLITLKEQMLDALQ  
 RL

## SEQ ID NO: 5716

## SEQUENCE LISTING

STRAIN 18RS21 frame: 1

KSTVTKIIRESGFKVIDADQVVHKLQAKGGKLYQALLEWLGP EILDADGELDRPKLSQMI  
 FANPDNMKTSARLQNSIIRQELACQRDQLKQTEEIFFMDIPL LIEEKYIKWFDEIWL V FV  
 DKEKQLQRLMARNNYSREEAELRLSHQMP L TDKKS FASLIIDNNGDLITLKEQILDALQR  
 L

SEQ ID NO: 5717

STRAIN M732 frame: 1

KSTVTKIIRESGFKVIDADQVVHKLQAKGGKLYQALLEWLGP EILDADGELDRPKLSQMI  
 FANPDNMKTSARLQNSIIRQELACQRDQLKQTEEIFFMDIPL LIEEKYIKWFDEIWL V FV  
 DKEKQLQRLMARNNYSREEAELRLSHQMP L TDKKS FASLIIDNNGDLITLKEQILDALQR  
 L

SEQ ID NO: 5718

STRAIN COH1 frame: 1

KSTVTKIIRESGFKVIDADQVVHKLQAKGGKLYQALLEWLGP EILDADGELDRPKLSQMI  
 FANPDNMKTSARLQNSIIRQELACQRDQLKQTEEIFFMDIPL LIEEKYIKWFDEIWL V FV  
 DKEKQLQRLMARNNYSREEAELRLSHQMP L TDKKS FASLIIDNNGDLITLKEQILDALQR  
 L

SEQ ID NO: 5719

STRAIN M781 frame: 1

KSTVTKIIRESGFKVIDADQVVHKLQAKGGKLYQALLEWLGP EILDADGELDRPKLSQMI  
 FANPDNMKTSARLQNSIIRQELACQRDQLKQTEEIFFMDIPL LIEEKYIKWFDEIWL V FV  
 DKEKQLQRLMARNNYSREEAELRLSHQMP L TDKKS FASLIIDNNGDLITLKEQILDALQR  
 L

SEQ ID NO: 5720

STRAIN CJB110 frame: 1

KSTVTKIIRESGFKVIDADQVVHKLQAKGGKLYQALLEWLGP EILDADGELDRPKLSQMI  
 FANPDNMKTSARLQNSIIRQELACQRDQLKQTEEIFFMDIPL LIEEKYIKWFDEIWL V FV  
 DKEKQLQRLMARNNYSREEAELRLSHQMP L TDKKS FASLIIDNNGDLITLKEQILDALQR  
 L

SEQ ID NO: 5721

STRAIN 1169NT frame: 1

KSTVTKIIRESGFKVIDADQVVHKLQAKGGKLYQALLEWLGP EILDADGELDRPKLSQMI  
 FANPDNMKTSARLQNSIIRQELACQRDQLKQTEEIFFMDIPL LIEEKYIKWFDEIWL V FV  
 DKEKQLQRLMARNNYSREEAELRLSHQIP L TDKKS FASLIIDNNGDLITLKEQMLDALQR  
 L

SEQ ID NO: 5722

STRAIN JM9130013 frame: 1

KSTVTKIIRESGFKVIDADQVVHKLQAKGGKLYQALLEWLGP EILDADGELDRPKLSQMI  
 FANPDNMKTSARLQNSIIRQELACQRDQLKQTEEIFFMDIPL LIEEKYIKWFDEIWL V FV  
 DKEKQLQRLMARNNYSREEAELRLSHQIP L TDKKS FASLIIDNNGDLITLKEQMLDALQR  
 L

SEQ ID NO. 5801

STRAIN 2603

ATGTTGATGGTGTGTTATTCCAAAGGCTAGGAATTATTATGATTTTAGCCTTTTATTG  
 GTAAATAATAGTTATTTTAGACAGTTAATTGAAGAGCGGTCTAAACGTGAAACGGTAGTC  
 CTTGTCATCATTTTCGGCTTGTTTGTATTATATCTAATATAACAGGAATTGAAATAAAA  
 GGGGATCGAAGTTTGGTCGAGCGCCCTTTCTAACAACGATTTCTCATTCTGACTCACTT  
 GCTAATACAAGGACTTTAGTTATTACAACGGCAAGTTTGGTTGGTGGACCTCTGGTTGGA  
 TCAATTGTTGGTTTATTGGAGGAGTTCATCGCTTTTTCAAGGAAGCTTTTCAGGTTCT  
 TCTATATTGTCAGTTCAGTTCTAGTCGGCATTTGTTAGCGGAAAGATTGGTGATAAGCTT  
 AAGGAAAACCATCTCTACCCTTCAACAAGCCAAGTTATTTTAATTAGTATTATTGCCGAA  
 AGTATCCAGATGCTATTTGTTGGCATTTTTACAGGATGGGAACTTGTCAAAATGATTGTC  
 ATTCCAATGATGATTTTAAATAGTTTAGGTTCCACACTTTTCTTGCATTTTGAAAAC  
 TATTTGTCAAATGAAAGTCAGTTACGCGCAGTTCAAACGAGAGATGTTCTTGAAATTGACT  
 CGACAGACTCTGCCCTACCTTAGACAAGGTTTGACACCGCAATCTGCTAGGAGCGTTTGC  
 GAAATTATAAGAGGCATACTAAGTTTGTGCTGTGGGATTAACAGATCGGTCAAACGTA  
 TTAGCTCATATTGGTGTGGCCATGATCACCATTATGTCAGGACAACCGGTCAAACAGAC

## SEQUENCE LISTING

TTATCTAAAGTGTTATTTTTGATGGCGAACCAAGAATTGCGCAAGATAAAGCGGCGATT  
TCTTGTCCAGATCACAACTGTCAGTTAAATTCTGCTATTGTAGTTCTCTCTAAAAATAAAT  
GATAAACTGTGGGTGCCTTAAAAATGTACTTTGCAGGAGATAAGACAATGTCTGAGGTG  
GAGGAAAACCTAGTCCTTGGTTTTAGCGCAAATATTTTCAGGACAACCTGGCAATGGGGATA  
ACAGAGGAACAAAATAAGTTAGCCAGTATGGCAGAGATAAAGGCTTTACAAGCACAAATC  
AACCTCATTTCTTCTTTAATGCCATTAACACAATTAGTGCATTAATCCGTATTGATTCT  
GATAAAGCACGTTATGCTACTGATGCAGTTAAGTACTTTTTTTAGAACAGTTTGCAGGGT  
GGTCAGGATCGTGAGGTAACGCTTGAGCAAGAAAAATCACATGTGGATGCTTATATGAAT  
GTTGAAAAATTACGTTTCCCTGATAAATATCAGTTATCTTATGATATTAGTGCACCAGAA  
AAAAATGAAGTTACCACCTTTTGGTTTACAGGTAAGTGGTAGAGAATGCAGTTCGACATGCT  
TTCAAAAGAACGTAAGACGGACAACCATATATTGGTTCAAATAAAGCCAGATGGTCATTAT  
TATTGTGTTTCTGTTAGTGACAATGGACAAGGAATCTCAGATACTATCATTGATAAATTA  
GGTCAAGAAACAGTTGCAGAGAGTAAGGGTACAGTACTGCTCTAGTTAATCTAAATAAC  
AGGCTGAATTTATTATATGGTAGTGAAGTTGCCTTCATTTTTTCGAGCGACAAGAATGGT  
ACAAAAGTTTGGTATCGAATACCTAATAGAATAAGGGAGGATGAGCATGAAAAATTTAAT  
TCT

SEQ ID NO. 5802

STRAIN 090

TTGATGGTGTTGTTATTCCAAAGGCTAGGAATTATTAT  
GATTTTAGCCTTTTTATTGGTAAATAATAGTTATTTTCAGACAGTTAATTG  
AAGAGCGGTCTAAACGTGAAACGGTAGTACTTGTCTCATTTTTTCGGCTTG  
TTTGTATTATATCTAATATAACAGGAATTGAAATAAAGGGGATCGAAG  
TTTGGTCGAGCGCCCTTTTCTAACACGATTTCCCATCTGACTCACTTG  
CTAATACAAGGACTTTAGTTATTACACGGCAAGTTTGGTTGGTGGACCT  
CTGGTTGGATCAATTGTTGGTTTTATTGGAGGAGTTCATCGCTTTTTTCA  
AGGAAGCTTTTTCAGGTTCTTTCTATATGTGTCAGTTAGTTCTAGTCGGCA  
TTGTTAGCGGAAAGATTGGTGATAAGCTTAAGGAAAACCATCTCTACCT  
TCAACAAGCCAAGTTATTTTAATTAGTATTATTGCCGAAAGTATCCAGAT  
GCTATTTGTTGGTATTTTTACAGGATGGGAACCTGTCAAATGATTGTCA  
TTCCAATGATGATTTTAAATAGTTTAGGTTCCACACTTTTCTTGCAGATT  
TTGAAAACCTATTTGTCAAATGAAAGTCAGTTACGCGCAGTTCAAACGAG  
AGATGTTCTTGAATTGACTCGACAGACTCTGCCCTACCTCAGACAAGGTT  
TGACACCGCAATCTGCTAGGAGCGTTTGCAGAAATTATAAAGAGGCATACT  
AACTTTGATGCTGTAGGATTAACAGATCGGTCAAACGTATTAGCTCATAT  
TGGTGTGGCCATGATCACCATATTGCAGGACAACAGTCAAACAGACC  
TATCTAAAAGTGTTATTTTGTATGGCGAACCAAGAATTGCGCAAGATAAA  
CGGGCGATTCTTGTCTCAGATCACAACTGTCAAGTTAAATCTGCTATTGT  
AGTTCCTCTAAAAATAAATGATAAACTGTGGGTGCCTTAAAAATGTACT  
TTGCAGGAGATAAGACAATGTCTGAGGTGGAGGAAAACCTAGTCCTTGGT  
TTAGCGCAAATATTTTCAGGACAACCTGGCAATGGGGATAACAGAGGAACA  
AAATAAGTTAGCCAGTATGGCAGAGATAAAGGCTTTACAAGCACAAATCA  
ACCTCATTTCTTCTTTAATGCCATTAACACAATTAGTGCATTAATCCGT  
ATTGATTCTGATAAAGCACGTTATGCACTGATGCAGTTAAGTACTTTTTT  
TAGAACAGTTTGCAGGTGGTCAAGGATCGTGAGGTAAAGCTTGAGCAAG  
AAAAATCATATGTGGATGCTTATATGAATGTTGAAAAATTACGTTTCCCT  
GATAAATATCAGTTATCTTATGATATTAGTGCACCAGAAAAATGAAGTT  
ACCGCCTTTTGGTTTACAGGTAAGTGGTAGAGAATGCAGTTAGACATGCTT  
TCAAAGAACGTAAGACGGACAACCATATATTGGTTCAAATAAAGCCAGAT  
GGTCATTATTATTGTGTTCTGTTAGTGACAATGGACAAGGAATCTCAGA  
TACTATCATTGATAAATTAGGTCAAGAAACAGTTGCAGAGAGTAAGGGTA  
CAGGTACTGCTCTAGTTAATCTAAATAACAGGCTGAATTTATTATATGGT  
AGTGTAAAGTTGCCTTCATTTTTTCGAGCGACAAGAATGGTACAAAAGTTTG  
GTATCGAATACCTAATAGAATAAGGGAGGATGAGCATGAAAAATTTAATT  
CT

SEQ ID NO. 5803

STRAIN A909

TTGATGGTGTTGTTATTCCAAAGGCTAGGAATTATTAT  
GATTTTAGCCTTTTTATTGGTAAATAATAGTTATTTTCAGACAGTTAATTG  
AAGAGCGGTCTAAACGTGAAACGGTAGTCTTGTCTCATTTTTTCGGCTTG  
TTTGTATTATATCTAATATAACAGGAATTGAAATAAAGGGGATCGAAG  
TTTGGTCGAGCGCCCTTTTCTAACACGATTTCTCATTCTGACTCACTTG  
CTAATACAAGGACTTTAGTTATTACACGGCAAGTTTGGTTGGTGGACCT

## SEQUENCE LISTING

CTGGTTGGATCAATTGTTGGTTTTATTGGAGGAGTTCATCGCTTTTTTCA  
 AGGAAGCTTTTCAGGTTCTTTCTATATTGTCAGTTCAGTTCTAGTCGGCA  
 TTGTTAGCGGAAAGATTGGTGATAAGCTTAAGGAAAACCATCTCTACCT  
 TCAACAAGCCAAGTTATTTTAATTAGTATTATTGCCGAAAGTATCCAGAT  
 GCTATTTGTTGGCATTTTTACAGGATGGGAACCTTGTCAAAATGATTGTCA  
 TTCCAATGATGATTTTAAATAGTTTAGGTTCCACACTTTTCCTTGCATT  
 TTGAAAACCTATTTTGTCAAATGAAAGTCAGTTACGCGCAGTTCAAACGAG  
 AGATGTTCTTGAATTGACTCGACAGACTCTGCCCTACCTTAGACAAGGTT  
 TGACACCGCAATCTGCTAGGAGCGTTTGCGAAATTATAAAGAGGCATACT  
 AACTTTGATGCTGTGGGATTAAACAGATCGGTCAAACGTATTAGCTCATAT  
 TGGTGTGGCCATGATCACCATATTGCAGGACAACCGGTCAAAACAGACT  
 TATCTAAAAGTGTATTTTGTATGGCGAACCAAGAATTGCGCAAGATAAA  
 GCGGCGATTTCTTGTCCAGATCACAACCTGTGAGTTAAATTCTGCTATTGT  
 AGTTCCTCTAAAAATAAATGATAAACTGTGGGTGCCTTAAAAATGTACT  
 TTGCAGGAGATAAGACAATGTCTGAGGTGGAGGAAAACCTAGTCCTTGGT  
 TTAGCGCAAATATTTTCAGGACAACCTGGCAATGGGGATAACAGAGGAACA  
 AAATAAGTTAGCCAGTATGGCAGAGATAAAGGCTTTACAAGCACAAATCA  
 ACCCTCATTTCTTCTTAATGCCATTAAACAAATTAGTGCATTAAATCCGT  
 ATTGATTCTGATAAAGCACGTTATGCACTGATGCAGTTAAGTACTTTTTT  
 TAGAACAAAGTTTGGCAGGGTGGTCAGGATCGTGAGGTAACGCTTGAGCAAG  
 AAAAATCACATGTGGATGCTTATATGAATGTTGAAAAATTACGTTTCCCT  
 GATAAATATCAGTTATCTTATGATATTAGTGCACCAGAAAAATGAAGTT  
 ACCACCTTTTGGTTTACAGGTAAGTGGTAGAGAATGCAGTTTCGACATGCTT  
 TCAAAGAACGTAAGACGGGACAACCATATATTGGTTCAAATAAAGCCAGAT  
 GGTCAATTATTATGTTTCTGTTAGTGACAATGGACAAGGAATCTCAGA  
 TACTATCATTGATAAATTAGGTCAAGAAACAGTTGCAGAGAGTAAGGGTA  
 CAGGTACTGCTCTAGTTAATCTAAATAACAGGCTGAATTTATTATATGGT  
 AGTGTAAAGTTGCCTTCATTTTTCGAGCGACAAGAATGGTACAAAAGTTTG  
 GTATCGAATACCTAATAGAATAAGGGAGGATGAGCATGAAAATTTTAATT  
 CT

SEQ ID NO. 5804

STRAIN H36B

TTGATGGTGTGTTATTCCAAAGGCTAGGAATTATTATG  
 ATTTTAGCCTTTTTATTGGTAAATAATAGTTATTTTACAGACAGTTAATTGA  
 AGAGCGGTCTAAACGTGAAACGGTAGTCCTTGTCATCATTTTTCGGCTTGT  
 TTGTTATTATATCTAATATAACAGGAATTGAAATAAAGGGGATCGAAGT  
 TTGGTCGAGCGCCCTTTTCTAACAACGATTTCTCATTCGACTCACTTGC  
 TAATACAAGGACTTTAGTTATTACAACGGCAAGTTTGGTTGGTGGACCTC  
 TGGTTGGATCAATTGTTGGTTTTATTGGAGGAGTTTCATCGCTTTTTTCAA  
 GGAAGCTTTTCAGGTTCTTTCTATATTGTCAGTTTCAGTTCTAGTCGGCAT  
 TGTTAGCGGAAAGATTGGTGATAAGCTTAAGGAAAACCATCTCTACCTT  
 CAACAAGCCAAGTTATTATTAGTATTATTGCCGAAAGTATCCAGATG  
 CTATTTGTTGGCATTTTTACAGGATGGGAACCTGTCAAATGATTGTCAT  
 TCCAATGATGATTTTAAATAGTTTAGGTTCCACACTTTTCCTTGCATT  
 TGAAAACCTATTGTCAAATGAAAGTCAGTTACGCGCAGTTCAAACGAGA  
 GATGTTCTTGAATTGACTCGACAGACTCTGCCCTACCTTAGACAAGGTTT  
 GACACCGCAATCTGCTAGGAGCGTTTGCGAAATTATAAAGAGGCATACTA  
 ACTTTGATGCTGTGGGATTAAACAGATCGGTCAAACGTATTAGCTCATATT  
 GGTGTTGGCCATGATCACCATATTGCAGGACAACCGGTCAAAACAGACTT  
 ATCTAAAAGTGTTATTTTGTATGGCGAACCAAGAATTGCGCAAGATAAAG  
 CGGCGATTTCTTGTCCAGATCACAACCTGTGAGTTAAATTCTGCTATTGTA  
 GTTCTCTAAAAATAAATGATAAACTGTGGGTGCCTTAAAAATGTACTT  
 TGCAGGAGATAAGACAATGTCTGAGGTGGAGGAAAACCTAGTCCTTGGTT  
 TAGCGCAAATATTTTACAGGACAACCTGGCAATGGGGATAACAGAGGAACAA  
 AATAAGTTAGCAGTATGGCAGAGATAAAGGCTTTACAAGCACAAATCAA  
 CCTCATTTCTTCTTTAATGCCATTAAACAAATTAGTGCATTAAATCCGTA  
 TTGATTCTGATAAAGCACGTTATGCACTGATGCAGTTAAGTACTTTTTTT  
 AGAACAAAGTTTGAGGGTGGTCAGGATCGTGAGGTAACGCTTGAGCAAGA  
 AAAATCACATGTGGATGCTTATATGAATGTTGAAAAATTACGTTTCCCTG  
 ATAAATATCAGTTATCTTATGATATTAGTGCACCAGAAAAATGAAGTTA  
 CCACCTTTTGGTTTACAGGTAAGTGGTAGAGAATGCAGTTTCGACATGCTTT  
 CAAAGAACGTAAGACGGACAACCATATATTGGTTCAAATAAAGCCAGATG  
 GTCATTATTATTGTGTTTCTGTTAGTGACAATGGACAAGGAATCTCAGAT

## SEQUENCE LISTING

ACTATCATTTGATAAATTAGGTCAAGAAACAGTTGCAGAGAGTAAGGGTAC  
 AGGTACTGCTCTAGTTAATCTAAATAACAGGCTGAATTTATTATATGGTA  
 GTGTAAGTTGCCTTCATTTTTCGAGCGACAAGAATGGTACAAAAGTTTGG  
 TATCGAATACCTAATAGAATAAGGGAGGATGAGCATGAAAATTTTAATTC  
 T

## SEQ ID NO. 5805

## STRAIN 18RS21

TTGATGGTGTGTTATTCCAAAGGCTAGGAATTATTATG  
 ATTTTAGCCTTTTTATTGGTAAATAATAGTTATTTTAGACAGTTAATTGA  
 AGAGCGGTCTAAACGTGAAACGGTAGTCCTTGT CATCATTTTCGGCTTGT  
 TTGTTATTATATCTAATATAACAGGAATTGAAATAAAAGGGGATCGAAGT  
 TTGGTCGAGCGCCCTTTTCTAACAACGATTTCTCATTCTGACTCAGTTGC  
 TAATACAAGGACTTTAGTTATTACAACGGCAAGTTTGGTTGGTGGACCTC  
 TGGTTGGATCAATTGTTGGTTTTATTGGAGGAGTTTCATCGCTTTTTTCAA  
 GGAAGCTTTTCAGGTTCTTTCTATATTGTCAGTTAGTTCTAGTCGGCAT  
 TGTTAGCGGAAAGATTGGTGATAAGCTTAAGGAAAACCATCTCTACCCTT  
 CAACAAGCCAAGTTATTTTAATTAGTATTATTGCCGAAAGTATCCAGATG  
 CTATTTGTTGGCATTTTTACAGGATGGGAACCTGTCAAAATGATTGTCAT  
 TCCAATGATGATTTTAAATAGTTTAGGTTCCACACTTTTCTTGCGATT  
 TGAAAACCTTATTTGTCAAATGAAAGTCAGTTACGCGCAGTTCAAACGAGA  
 GATGTTCTTGAATTGACTCGACAGACTCTGCCCTACCTTAGACAAGGTTT  
 GACACCGCAATCTGCTAGGAGCGTTTGCAGAAATTATAAGAGGCATACCTA  
 ACTTTGATGCTGTGGGATTAACAGATCGGTCAAACGTATTAGCTCATATT  
 GGTGTTGGCCATGATCACCATATTGCAGGACAACCGGTCAAAACAGACTT  
 ATCTAAAAGTGTTATTTTGTATGGCGAACCAAGaATTGCGCAAGATAAAG  
 CGGCGATTTCCTTGTCCAGATCACAACCTGTCAAGTTAAATCTGCTATTGTA  
 GTTCTCTAAAAATAAATGATAAACTGTGGGTGCCTTAAAAATGTACTT  
 TGCAGGAGATAAGACAATGTCTGAGGTGGAGGAAAACCTAGTCCTTGGTT  
 TAGCGCAAATATTTTCAGGACAACCTGGCAATGGGGATAACAGAGGAACAA  
 AATAAGTTAGCCAGTATGGCAGAGATAAAGGCTTTTACAAGCACAAATCAA  
 CCCTCATTTCCTTTAATGCCATTAAACACAATTAGTGCATTAATCCGTA  
 TTGATTCTGATAAAGCACGTTATGCACTGATGCAGTTAAGTACTTTTTTT  
 AGAACAAAGTTTGCAGGGTGGTCAGGATCGTGAGGTAACGCTTGAGCAAGA  
 AAAATCACATGTGGATGCTTATATGAATGTTGAAAAATTACGTTTCCCTG  
 ATAAATATCAGTTATCTTATGATATTAGTGCACCAGAAAAAATGAAGTTA  
 CCACCTTTTGGTTTACAGGTAAGTGGTAGAGAATGCAGTTTCGACATGCTTT  
 CAAAGAACGTAAGACGGACAACCATATATTGGTTCAAATAAAGCCAGATG  
 GTCATTATTATTGTGTTTCTGTTAGTGACAATGGACAAGGAATCTCAGAT  
 ACTATCATTTGATAAATTAGGTCAAGAAACAGTTGCAGAGAGTAAGGGTAC  
 AGGTACTGCTCTAGTTAATCTAAATAACAGGCTGAATTTATTATATGGTA  
 GTGTAAGTTGCCTTCATTTTTCGAGCGACAAGAATGGTACAAAAGTTTGG  
 TATCGAATACCTAATAGAATAAGGGAGGATGAGCATGAAAATTTTAATTC  
 T

## SEQ ID NO. 5806

## STRAIN M732

TTGATGGTGTGTTATTCCAAAGGCTAGGAATTATTATGAT  
 TTTAGCCTTTTTATTGGTAAATAATAGTTATTTTACAGACAGTTAATTGAAG  
 AGCGGTCTAAACGTGAAACGGTAGTCCTTGT CATCATTTTCGGCTTGT  
 GTTATTATATCTAATATAACAGGAATTGAAATAAAAGGGGATCGAAGTTT  
 GGTGAGCGCCCTTTTCTAACAACGATTTCCCATTTCTGACTCACTTGCTA  
 ATACAAGGACTTTAGTTATTACAACGGCAAGTTTGGTTGGTGGACCTCTG  
 GTTGGATCAATTGTTGGTTTTATTGGAGGAGTTTCATCGCTTTTTTCAAGG  
 AAGCTTTTCAGGTTCTTTCTATATTGTCAGTTTCAGTTCTAGTCGGCATTG  
 TTAGCGGAAAGATTGGTGATAAGCTTAAGGAAAACCATCTCTACCCTTCA  
 ACAAGCCAAGTTATTTTAATTAGTATTATTGCCGAAAGTATCCAGATGCT  
 ATTTGTTGGCATTTTTACAGGATGGGAACCTGTCAAAATGATTGTCATT  
 CAATGATGATTTTAAATAGTTTAGGTTCCACACTTTTCTTGCGATTTTG  
 AAACTTATTTGTCAAATGAAAGTCAGTTACGCGCAGTTCAAACGAGAGA  
 TGTTCTTGAATTGACTCGACAGACTCTGCCCTACCTTAGACAAGGTTTGA  
 CACCGCAATCTGCTAGGAGCGTTTGCAGAAATTATAAAGAGGCATACCTAAC  
 TTTGATGCTGTGGGATTAACAGATCGGTCAAACGTATTAGCTCATATTGG  
 TATTGGCCATGATCACCATATTGCAGGACAACCGGTCAAAACAGACTTAT

## SEQUENCE LISTING

CTAAAAGTGTTATTTTTTGATGGCGAACCAAGAATTGCGCAAGATAAAGCG  
 GCGATTTCTTGTCAGATCACAACGTGTCAGTTAAATTTCTGCTATTGTAGT  
 TCCTCTAAAAATAAATGATAAACTGTGTGTCCTTAAAAATGTACTTTG  
 CAGGAGATAAGACAATGCTGAGGTGGAGGAAAACCTAGTCCTTGGTTTA  
 GCGCAAATATTTTCAGGACAACCTGGCAATGGGGATAACAGAGGAACAAAA  
 TAAGTTAGCCAGTATGGCAGAGATAAAGGCTTTACAAGCACAAATCAACC  
 CTCATTTCTTCTTTAATGCCATTAACACAATTAGTGCATTAATCCGTATT  
 GATTCTGATAAAGCACGTTATGCACTGATGCAGTTAAGTACTTTTTTTAG  
 AACAAGTTTGCAAGGTGGTCAGGATCGTGAGGTAACGCTTGAGCAAGAAA  
 AATCACATGTGGATGCTTATATGAATGTTGAAAAATTACGTTTCCCTGAT  
 AAATATCAGTTATCTTATGATATTAGTGCACCAGAAAAAATGAAGTTACC  
 GCCTTTTGGTTTACAGGTACTGGTAGAGAATGCAGTTCGACATGCTTTCA  
 AAGAACGTAAGACGGACAACCATATATTGGTTCAAATAAAGCCAGATGGT  
 CATTATTATTGTGTTTCTGTTAGTGACAATGGACAAGGAATCTCAGATAC  
 TATCATTGATAAATTAGGTCAAGAAACAGTTGCAGAGAGTAAGGGGACAG  
 GTACTGCTCTAGTTAATCTAAATAACAGGCTGAATTTATTATATGGTAGT  
 GTAAGTTGCCTTCATTTTTCGAGCGACAAGAATGGTACAAAAGTTTGGTA  
 TCGAATACCTAATAGAATAAGGGAGGATGAGCATGAAAATTTTAATTCT

## SEQ ID NO. 5807

STRAIN COH1

TTGATGGTGTTGTTATTTCCAAAGGCTAGGAATTAT  
 TATGATTTTAGCCTTTTTATTGGTAAATAATAGTTATTTTCAGACAGTTAA  
 TTGAAGAGCGGTCTAAACGTGAAACGGTAGTCCTTGTCTCATTTTTCGGC  
 TTGTTTGTATTATATCTAATATAACAGGAATTGAAATAAAAGGGGATCG  
 AAGTTTGGTCGAGCGCCCTTTTCTAACAACGATTTCCCATTTCTGACTCAC  
 TTGCTAATACAAGGACTTTAGTTATTACAACGGCAAGTTTGGTTGGTGGA  
 CCTCTGGTTGGATCAATTGTTGGTTTTATTGGAGGAGTTTCATCGCTTTTT  
 TCAAGGAAGCTTTTTCAGGTTCTTTCTATATTGTCTAGTTTCAGTTCTAGTCG  
 GCATTGTTAGCGGAAAGATTGGTGATAAGCTTAAGGAAAACCATCTCTAC  
 CCTTCAACAAGCCAAGTTATTTTAATTAGTATTATTGCCGAAAGTATCCA  
 GATGCTATTTGTTGGCATTTTTACAGGATGGGAACCTGTCAAATGATTTG  
 TCATTTCAATGATGATTTTAAATAGTTTAGGTTCCCACTTTTCTTGGC  
 ATTTTGAAAACTTATTGTCAAATGAAAGTCAGTTACGCGCAGTTCAAAC  
 GAGAGATGTTCTTGAATTGACTCGACAGACTCTGCCCTACCTTAGACAAG  
 GTTTGACACCGCAATCTGCTAGGAGCGTTTGCGAAATATAAAGAGGCAT  
 ACTAACTTTGATGCTGTGGGATTAACAGATCGGTCAAACGTATTAGCTCA  
 TATTGGTGTTGGCCATGATCACCATATTGCAGGACAACCGGTCAAACAG  
 ACTTATCTAAAAGTGTTATTTTTGATGGCGAACCAAGAATTGCGCAAGAT  
 AAAGCGGCGATTTCTTGTCCAGATCACAACGTGTCAGTTAAATTTCTGCTAT  
 TGTAGTTCTCTAAAAATAAATGATAAACTGTGTGTGCCTTAAAAATGT  
 ACTTTGCAGGAGATAAGACAATGTCTGAGGTGGAGGAAAACCTAGTCCTT  
 GGTTTAGCGCAAAATATTTTCAGGACAACCTGGCAATGGGGATAACAGAGGA  
 ACAAATAAGTTAGCCAGTATGGCAGAGATAAAGGCTTTACAAGCACAAA  
 TCAACCTCATTTCTTCTTAAATGCCATTAACACAATTAGTGCATTAATC  
 CGTATTGATTCTGATAAAGCACGTTATGCACTGATGCAGTTAAGTACTTT  
 TTTTAGAACAAGTTTGGCAAGGTGGTCAGGATCGTGAGGTAACGCTTGAGC  
 AAGAAAAATCACATGTGGATGCTTATATGAATGTTGAAAAATTACGTTTC  
 CCTGATAAATATCAGTTATCTTATGATATTAGTGCACCAGAAAAAATGAA  
 GTTACCGCTTTTGGTTTACAGGTACTGGTAGAGAATGCAGTTTCGACATG  
 CTTTCAAGAACGTAAGACGGACAACCATATATTGGTTCAAATAAAGCCA  
 GATGGTCATTATTATTGTTTCTGTTAGTGACAATGGACAAGGAATCTC  
 AGATACTATCATTGATAAATTAGGTCAAGAAACAGTTGCAGAGAGTAAGG  
 GGACAGGTACTGCTCTAGTTAATCTAAATAACAGGCTGAATTTATTATAT  
 GGTAGTGTAAGTTGCCTTCATTTTTCGAGCGACAAGAATGGTACAAAAGT  
 TTGGTATCGAATACCTAATAGAATAAGGGAGGATGAGCATGAAAATTTTA  
 ATTCT

## SEQ ID NO. 5808

STRAIN M781

TTGATGGTGTTGTTATTTCCAAAGGCTAGGAATTATTA  
 TGATTTTAGCCTTTTTATTGGTAAATAATAGTTATTTTCAGACAGTTAATT  
 GAAGAGCGGTCTAAACGTGAAACGGTAGTCCTTGTCTCATTTTTCGGCTT  
 GTTGTATTATATCTAATATAACAGGAATTGAAATAAAAGGGGATCGAA

## SEQUENCE LISTING

GTTTGGTCGAGCGCCCTTTTCTAACAACGATTTCCTGACTCACTT  
 GCTAATACAAGGACTTTAGTTATTACAACGGCAAGTTTGGTTGGTGGACC  
 TCTGGTTGGATCAATTGTTGGTTTTATTGGAGGAGTTCATCGCTTTTTTC  
 AAGGAAGCTTTTCAGGTTCTTTCTATATTGTCAAGTTCAGTTCAGTTCAGTTCAGG  
 ATTGTTAGCGGAAAGATTGGTGATAAGCTTAAGGAAAACCATCTCTACCC  
 TTCAACAAGCCAAGTTATTTTAATTAGTATTATTGCCGAAAGTATCCAGA  
 TGCTATTTGTTGGCATTTTACAGGATGGGAACCTGTCAAATGATTGTCT  
 ATCCAATGATGATTTTAAATAGTTTAGGTTCCACACTTTTCTTGCGAT  
 TTTGAAAACCTTATTTGTCAAATGAAAGTCAGTTACGCGCAGTTCAAACGA  
 GAGATGTTCTTGAATTGACTCGACAGACTCTGCCCTACCTTAGACAAGGT  
 TTGACACCGCAATCTGCTAGGAGCGTTTGCAGAAATATAAAGAGGCATAC  
 TAACTTTGATGCTGTGGGATTAACAGATCGGTCAAACGTATTAGCTCATA  
 TTGGTGTGGCCATGATCACCATATTGCAGGACAACCGGTCAAACAGAC  
 TTATCTAAAAGTGTTATTTTGTATGGCGAACCAAGAATTGCGCAAGATAA  
 AGCGGCGATTTCTTGTCCAGATCACAACGTGTAGTTAAATCTGCTATTG  
 TAGTTCCTCTAAAATAAATGATAAACTGTGTGTGCTTAAAAATGTAC  
 TTTGCAGGAGATAAGACAATGTCTGAGGTGGAGGAAAACCTAGTCTTGG  
 TTTAGCGCAAATATTTTCAGGACAACCTGGCAATGGGGATAACAGAGGAAC  
 AAAATAAGTTAGCCAGTATGGCAGAGATAAAGGCTTTACAAGCACAAATC  
 AACCTCATTTCTTCTTTAATGCCATTAACACAATTAGTGCATTAATCCG  
 TATTGATTCTGATAAAGCACGTTATGCACTGATGCAGTTAAGTACTTTTT  
 TTAGAACAAGTTTGCAAGGTGGTCAGGATCGTGAGGTAACGCTTGAGCAA  
 GAAAAATCACATGTGGATGCTTATATGAATGTTGAAAAATTACGTTTCCC  
 TGATAAATATCAGTTATCTTATGATATTAGTGCACCAGAAAAATGAAGT  
 TACCGCTTTTGGTTTACAGGTACTGGTAGAGAATGCAGTTTCGACATGCT  
 TTCAAAGAACGTAAGACGGACAACCATATATTGGTTCAAATAAAGCCAGA  
 TGGTCATTATTATTGTGTTCTGTTAGTGACAATGGACAAGGAATCTCAG  
 ATACTATCATTGATAAATTAGGTCAAGAAAACAGTTGCAGAGAGTAAGGGG  
 ACAGGTAAGTCTAGTTAATCTAAATAACAGGCTGAATTTATTATATGG  
 TAGTGTAAGTTGCCTTCATTTTTCGAGCGACAAGAATGGTACAAAAGTTT  
 GGTATCGAATACCTAATAGAATAAGGGAGGATGAGCATGAAAATTTAAT  
 TCT

SEQ ID NO. 5809

STRAIN CJB110

TTGATGGTGTGTTATTCCAAAGGCTAGGAATTATTAT  
 GATTTTAGCCTTTTTATTGGTAAATAATAGTTATTTTCAGACAGTTAATTG  
 AAGAGCGGTCTAAACGTGAAACGGTAGTACTTGTCACTATTTTCGCGCTTG  
 TTTGTTATTATATCTAATAAAGGAAATTGAAATAAAGGGGATCGAAG  
 TTTGGTCGAGCGCCCTTTTCTAACAACGATTTCCTGACTCACTTG  
 CTAATACAAGGACTTTAGTTATTACAACGGCAAGTTTGGTTGGTGGACCT  
 CTGGTTGGATCAATTGTTGGTTTTATTGGAGGAGTTCATCGCTTTTTTCA  
 AGGAAGCTTTTCAGGTTCTTTCTATATTGTCAAGTTCAGTTAGTTCGCGCA  
 TTGTTAGCGGAAAGATTGGTGATAAGCTTAAGGAAAACCATCTCTACCCCT  
 TCAACAAGCCAAGTTATTTAATTAGTATTATTGCCGAAAGTATCCAGAT  
 GCTATTTGTTGGTATTTTACAGGATGGGAACCTGTCAAATGATTGTCA  
 TTCCAATGATGATTTTAAATAGTTTAGGTTCCACACTTTTCTTGCGATT  
 TTGAAAACCTTATTTGTCAAATGAAAGTCAGTTACGCGCAGTTCAAACGAG  
 AGATGTTCTTGAATTGACTCGACAGACTCTGCCCTACCTCAGACAAGGTT  
 TGACACCGCAATCTGCTAGGAGCGTTTGCAGAAATATAAAGAGGCATACT  
 AACTTTGATGCTGTAGGATTAACAGATCGGTCAAACGTATTAGCTCATAT  
 TGGTGTGGCCATGATCACCATATTGCAGGACAACCAAGTCAAACAGACC  
 TATCTAAAAGTGTTATTTTGTATGGCGAACCAAGAATTGCGCAAGATAAA  
 GCGGCGATTTCTTGTCCAGATCACAACGTGTAGTTAAATCTGCTATTGT  
 AGTTCCTCTAAAATAAATGATAAACTGTGGGTGCCCTTAAAAATGTACT  
 TTGAGGAGATAAGACAATGTCTGAGGTGGAGGAAAACCTAGTCTTGGT  
 TTAGCGCAAATATTTTCAGGACAACCTGGCAATGGGGATAACAGAGGAACA  
 AAATAAGTTAGCCAGTATGGCAGAGATAAAGGCTTTACAAGCACAAATCA  
 ACCCTCATTTTTTCTTTAATGCCATTAACACAATTAGTGCATTAATCCGT  
 ATTGATTCTGATAAAGCACGTTATGCACTGATGCAGTTAAGTACTTTTTT  
 TAGAACAAGTTTGCAGGTTGAGGATCGTGAGGTAACGCTTGAGCAAG  
 AAAAATCACATGTGGATGCTTATATGAATGTTGAAAAATTACGTTTCCCT  
 GATAAATATCAGTTATCTTATGATATTAGTGCACCAGAAAAATGAAGTT  
 ACCGCTTTTGGTTTACAGGTACTGGTAGAGAATGCAGTTAGACATGCTT



## SEQUENCE LISTING

TCAAAGAACGTAAGACGGACAACCATATATTGGTTCAAATAAAGCCAGAT  
GGTCATTATTATGTGTTTCTGTAGTGACAATGGACAAGGAATCTCAGA  
TACTATCATTGATAAATTAGGTCAAGAAACAGTTGCAGAGAGTAAGGGTA  
CAGGTACTGCTCTAGTTAATCTAAATAACAGGCTGAATTTATTATATGGT  
AGTGTAAAGTTGCCCTTCATTTTTTCGAGCGACAAGAATGGTACAAAAGTTTG  
GTATCGAATACCTAATAGAATAAGGGAGGATGAGCATGAAAATTTTAATT  
CT

SEQ ID NO. 5810

STRAIN 1169NT

TTGATGGTGTGTTATTCCAAAGGCTAGGAATTATT  
ATGATTTTAGCCTTTTTATTGGTAAATAATAGTTATTTTCAGACAGTTAAT  
TGAAGAGCGGTCTAAACGTGAAACGGTAGTACTTGTTCATCATTTTCGGCT  
TGTTTGTTATTATATCTAATATAACAGGAATTGAAATAAAGGGGATCGA  
AGTTTGGTCGAGCGCCCTTTTCTAACAACGATTTCTCATTCTGACTCACT  
TGCTAATACAAGGACTTTAGTTATTACAACGGCAAGTTTGGTTGGTGGAC  
CTCTGGTTGGATCAATTGTTGGTTTTATTGGAGGAGTTCATCGCTTTTTT  
CAAGGAAGCTTTTCAGGTTCTTTCTATATTGTCAGTTCAGTTCTAGTCGG  
CATTGTGAGCGGAAAGATTGGTGATAAGCTTAAGGAAAACCATCTCTACC  
CTTCAACAAGCCAAGTTATTTTAATTAGTATTATTGCCGAAAGTATCCAG  
ATGCTATTTGTTGGCATTTTTACAGGATGGGAAGTTGTCAAAATGATTGT  
CATTCCAATGATGATTTTAAATAGTTTAGGTTCCACACTTTTCCTTGCGA  
TTTTGAAAACCTTATTGTCAAATGAAAGTCAGTTACGCGCAGTTCAAACG  
AGAGATGTTCTTGAATTGACTCGACAGACTCTGCCCTACCTTAGACAAGG  
TTTGACACCGCAATCTGCTAGGAGCGTTTGCGAAATTATAAAGAGGCATA  
CTAATTTTGATGCTGTGGGATTAACAGATCGGTCAAACGTATTAGTCAT  
ATTGGTGTGGCCATGATCACCATATTGCAGGACAACCAAGTCAAACAGA  
CCTATCTAAAAGTGTTATTTTTGATGGCGAACCAGAATTGCGCAAGATA  
AAGCGGCGATTTCTGTCCAGATCACAAGTGTCAAGTTAAATCTGCTATT  
GTAGTTCTCTAAAAATAAATGATAAACTGTGGGTGCCCTTAAAAATGTA  
CTTTGCAGGAGATAAGACAATGTCTGAGGTGGAGGAAAACCTAGTCCTTG  
GTTTAGCGCAAATATTTTCAGGACAAGTGGCAATGGGGATAACAGAGGAA  
CAAAATAAGTTAGCCAGTATGGCAGAGATAAAGGCTTTACAAGCACAAAT  
CAACCTCATTCTCTTTAATGCCATTAACACAATTAGTGCATTAAATCC  
GTATTGATTCTGATAAAGCACGTTATGCACTGATGCAGTTAAGTACTTTT  
TTTAGAACAGTTTGCAAGGTGGTCAGGATCGTGAGGTAACGCTTGAGCA  
AGAAAAATCACATGTGGATGCTTATATGAATGTTGAAAAATTACGTTTCC  
CTGATAAATACAGTTATCTTATGATATTAGTGCACCAGAAAAAATGAAG  
TTACCGCCTTTTGGTTTACAGGTACTGGTAGAGAATGCAGTTTCGACATGC  
TTTTAAAGAACGTAAGACGGACAACCATATATTGGTTCAAATAAAGCCAG  
ATGGTCATTATTATTGTGTTTCTGTAGTGACAATGGACAAGGAATCTCA  
GATACTATCATTGATAAATTAGGTCAAGAAACAGTTGCAGAGAGTAAGGG  
TACAGGTACTGCTCTAGTTAATCTAAATAACAGGCTGAATTTATTATATG  
GTAGTGTAAAGTTGCCCTTCATTTTTTCGAGCGACAAGAATGGTACAAAAGTT  
TGGTATCGAATACCTAATAGAATAAGGGAGGATGAGCATGAAAATTTTAA  
TTCT

SEQ ID NO. 5810

STRAIN JM9130013

TTGATGGTGTGTTATTCCAAAGGCTAGGAATTATT  
ATGATTTTAGCCTTTTTATTGGTAAATAATAGTTATTTTCAGACAGTTAAT  
TGAAGAGCGGTCTAAACGTGAAACGGTAGTCTTGTTCATCATTTTCGGCT  
TGTTTGTTATTATATCTAATATAACAGGAATTGAAATAAAGGGGATCGA  
AGTTTGGTCGAGCGCCCTTTTCTAACAACGATTTCTCATTCTGACTCACT  
TGCTAATACAAGGACTTTAGTTATTACAACGGCAAGTTTGGTTGGTGGAC  
CTCTGGTTGGATCAATTGTTGGTTTTATTGGAGGAGTTCATCGCTTTTTT  
CAAGGAAGCTTTTCAGGTTCTTTCTATATTGTCAGTTCAGTTCTAGTCGG  
CATTGTTAGCGGAAAGATTGGTGATAAGCTTAAGGAAAACCATCTCTACC  
CTTCAACAAGCCAAGTTATTTTAATTAGTATTATTGCCGAAAGTATCCAG  
ATGCTATTTGTTGGCATTTTTACAGGATGGGAAGTTGTCAAAATGATTGT  
CATTCCAATGATGATTTTAAATAGTTTAGGTTCCACACTTTTCCTTGCGA  
TTTTGAAAACCTTATTGTCAAATGAAAGTCAGTTACGCGCAGTTCAAACG  
AGAGATGTTCTTGAATTGACTCGACAGACTCTGCCCTACCTTAGACAAGG  
TTTGACACCGCAATCTGCTAGGAGCGTTTGCGAAATTATAAAGAGGCATA

## SEQUENCE LISTING

CTAACTTTGATGCTGTGGGATTAACAGATCGGTCAAACGTATTAGCTCAT  
 ATTGGTGTGGCCATGATCACCATATTGCAGGACAACCGGTCAAAACAGA  
 CTTATCTAAAAGTGTTATTTTTGATGGCGAACCAAGAATTGCGCAAGATA  
 AAGCGGCGATTCTTGTCCAGATCACAACCTGTCAGTTAAATTCTGCTATT  
 GTAGTTCCTCTAAAAATAAATGATAAACTGTGGGTGCCTTAAAAATGTA  
 CTTTGCAGGAGATAAGACAATGTCTGAGGTGGAGGAAAACCTAGTCCTTG  
 GTTTAGCGCAAATATTTTCAGGACAACCTGGCAATGGGGATAACAGAGGAA  
 CAAAATAAGTTAGCCAGTATGGCAGAGATAAAGGCTTTACAAGCACAAAT  
 CAACCCCTCATTTCTTCTTTAATGCCATTAACACAATTAGTGCATTAATCC  
 GTATTGATTCTGATAAAGCACGTTATGCACTGATGCAGTTAAGTACTTTT  
 TTAGAACAAGTTTGCAGGGTGGTCAGGATCGTGAGGTAACGCTTGAGCA  
 agAAAAATCACATGTGGATGCTTATATGAATGTGAAAAATTACGTTTCC  
 CTGATAAATATCAGTTATCTTATGATATTAGTGCAACCAGAAAAATGAAG  
 TTACCACCTTTTGGTTTACAGGTACTGGTAGAGAATGCAGTTCGACATGC  
 TTTCAAAGAACGTAAGACGGACAACCATATATTGGTTCAAATAAAGCCAG  
 ATGGTCATTATTATTGTGTTTCTGTTAGTGACAATGGACAAGGAATCTCA  
 GATACTATCATTGATAAATTAGGTCAAGAAACAGTTGCAGAGAGTAAGGG  
 TACAGGTACTGCTCTAGTTAATCTAAATAACAGGCTGAATTTATTATATG  
 GTAGTGAAGTTGCCTTCATTTTTCGAGCGACAAGAATGGTACAAAAGTT  
 TGGTATCGAATACCTAATAGAATAAGGGAGGATGAGCATGAAAATTTTAA  
 TTCT

## SEQ ID NO. 5811

STRAIN 2603 frame: 1

LMVLLFQRLGIIMILAFLLVNNSYFRQLIEERSKRETVVLVIIIFGLFVIISNITGIEIKG  
 DRSLVERPFLTTISHSDSLANTRTLVITTASLVGGPLVGSIVGFIGGVHRRFFQGSFSGSF  
 YIVSSVLVGIVSGKIGDKLKENHLYPSTSQVILISIIAESIQMLFVGIFTGWELVKMIVI  
 PMMILNSLGSSTLFLAILKTYLSNESQLRAVQTRDVLELTRQTLPLYLRQGLTPQSARSVCE  
 IIKRHTNFDVGLTDRSNVLAHIGVGHDDHIIAGQPVKTDLSKSVIFDGEPRIAQDKAAIS  
 CPDHNCQLNSAIVVPLKINDKTVGALKMYFAGDKTMSEVEENLVLGLAQIFSGQLAMGIT  
 EEQNKLASMAEIKALQAQINPHFFFNAINITISALIRIDSDKARYALMQLSTFFRTSLQGG  
 QDREVTLEQEKSHVDAYMNVEKLRFPDKYQLSYDISAPEKMKLPPFGLQVLVENAVRHAF  
 KERKTDNHILVQIKPDGHYYCVSVSDNGQGISDTIIDKLQGETVAESKGTGTALVNLNNR  
 LNLLYGSVSLHFSSDKNGTKVWYRIPNRIREDEHENFNS

## SEQ ID NO. 5812

STRAIN 090 frame: 1

LMVLLFQRLGIIMILAFLLVNNSYFRQLIEERSKRETVVLVIIIFGLFVIISNITGIEIKG  
 DRSLVERPFLTTISHSDSLANTRTLVITTASLVGGPLVGSIVGFIGGVHRRFFQGSFSGSF  
 YIVSSVLVGIVSGKIGDKLKENHLYPSTSQVILISIIAESIQMLFVGIFTGWELVKMIVI  
 PMMILNSLGSSTLFLAILKTYLSNESQLRAVQTRDVLELTRQTLPLYLRQGLTPQSARSVCE  
 IIKRHTNFDVGLTDRSNVLAHIGVGHDDHIIAGQPVKTDLSKSVIFDGEPRIAQDKAAIS  
 CPDHNCQLNSAIVVPLKINDKTVGALKMYFAGDKTMSEVEENLVLGLAQIFSGQLAMGIT  
 EEQNKLASMAEIKALQAQINPHFFFNAINITISALIRIDSDKARYALMQLSTFFRTSLQGG  
 QDREVTLEQEKSHVDAYMNVEKLRFPDKYQLSYDISAPEKMKLPPFGLQVLVENAVRHAF  
 KERKTDNHILVQIKPDGHYYCVSVSDNGQGISDTIIDKLQGETVAESKGTGTALVNLNNR  
 LNLLYGSVSLHFSSDKNGTKVWYRIPNRIREDEHENFNS

## SEQ ID NO. 5813

STRAIN A909 frame: 1

LMVLLFQRLGIIMILAFLLVNNSYFRQLIEERSKRETVVLVIIIFGLFVIISNITGIEIKG  
 DRSLVERPFLTTISHSDSLANTRTLVITTASLVGGPLVGSIVGFIGGVHRRFFQGSFSGSF  
 YIVSSVLVGIVSGKIGDKLKENHLYPSTSQVILISIIAESIQMLFVGIFTGWELVKMIVI  
 PMMILNSLGSSTLFLAILKTYLSNESQLRAVQTRDVLELTRQTLPLYLRQGLTPQSARSVCE  
 IIKRHTNFDVGLTDRSNVLAHIGVGHDDHIIAGQPVKTDLSKSVIFDGEPRIAQDKAAIS  
 CPDHNCQLNSAIVVPLKINDKTVGALKMYFAGDKTMSEVEENLVLGLAQIFSGQLAMGIT  
 EEQNKLASMAEIKALQAQINPHFFFNAINITISALIRIDSDKARYALMQLSTFFRTSLQGG  
 QDREVTLEQEKSHVDAYMNVEKLRFPDKYQLSYDISAPEKMKLPPFGLQVLVENAVRHAF  
 KERKTDNHILVQIKPDGHYYCVSVSDNGQGISDTIIDKLQGETVAESKGTGTALVNLNNR  
 LNLLYGSVSLHFSSDKNGTKVWYRIPNRIREDEHENFNS

## SEQ ID NO. 5814

STRAIN H36B frame: 1

LMVLLFQRLGIIMILAFLLVNNSYFRQLIEERSKRETVVLVIIIFGLFVIISNITGIEIKG

## SEQUENCE LISTING

DRSLVERPFLTTISHSDSLANTRTLVITTASLVGGPLVGSIVGFIGGVHRRFFQGSFSGSF  
YIVSSVLVGIVSGKIGDKLKENHLYPSTSQVILISIIAESIQMLFVGIFTGWELVKMIVI  
PMMILNSLGSTLFLAILKTYLSNESQLRAVQTRDVLELTRQTLPLYLRQGLTPQSARSVCE  
IIKRHTNFDVAGLTDNRNVLAHIGVGHDDHIIAGQPVKTDLSKSVIFDGEPRIAQDKAAIS  
CPDHNCQLNSAIVVPLKINDKTVGALKMYFAGDKTMSEVEENLVLGLAQIFSGQLAMGIT  
EEQNKLASMAEIKALQAQINPHFFFNAINTISALIRIDSDKARYALMQLSTFFRTSLQGG  
QDREVTLEQEKSHVDAYMNVKLRFPDKYQLSYDISAPEKMKLPPFGLQVLVENAVRHAF  
KERKTDNHILVQIKPDGHYYCVSVSDNGQGISTIIDKLGQETVAESKGTGTALVNLNLR  
LNLLYGSVSVCLHFSDDKNGTKVWYRIPNRIREDEHENFNS

## SEQ ID NO. 5815

STRAIN 18RS21 frame: 1

LMVLLFQRLGIIMILAFLLVNNSYFRQLIEERSKRETVVLVIFGLFVVISNITGIEIKG  
DRSLVERPFLTTISHSDSLANTRTLVITTASLVGGPLVGSIVGFIGGVHRRFFQGSFSGSF  
YIVSSVLVGIVSGKIGDKLKENHLYPSTSQVILISIIAESIQMLFVGIFTGWELVKMIVI  
PMMILNSLGSTLFLAILKTYLSNESQLRAVQTRDVLELTRQTLPLYLRQGLTPQSARSVCE  
IIKRHTNFDVAGLTDNRNVLAHIGVGHDDHIIAGQPVKTDLSKSVIFDGEPRIAQDKAAIS  
CPDHNCQLNSAIVVPLKINDKTVGALKMYFAGDKTMSEVEENLVLGLAQIFSGQLAMGIT  
EEQNKLASMAEIKALQAQINPHFFFNAINTISALIRIDSDKARYALMQLSTFFRTSLQGG  
QDREVTLEQEKSHVDAYMNVKLRFPDKYQLSYDISAPEKMKLPPFGLQVLVENAVRHAF  
KERKTDNHILVQIKPDGHYYCVSVSDNGQGISTIIDKLGQETVAESKGTGTALVNLNLR  
LNLLYGSVSVCLHFSDDKNGTKVWYRIPNRIREDEHENFNS

## SEQ ID NO. 5816

STRAIN M732 frame: 1

LMVLLFQRLGIIMILAFLLVNNSYFRQLIEERSKRETVVLVIFGLFVVISNITGIEIKG  
DRSLVERPFLTTISHSDSLANTRTLVITTASLVGGPLVGSIVGFIGGVHRRFFQGSFSGSF  
YIVSSVLVGIVSGKIGDKLKENHLYPSTSQVILISIIAESIQMLFVGIFTGWELVKMIVI  
PMMILNSLGSTLFLAILKTYLSNESQLRAVQTRDVLELTRQTLPLYLRQGLTPQSARSVCE  
IIKRHTNFDVAGLTDNRNVLAHIGVGHDDHIIAGQPVKTDLSKSVIFDGEPRIAQDKAAIS  
CPDHNCQLNSAIVVPLKINDKTVGALKMYFAGDKTMSEVEENLVLGLAQIFSGQLAMGIT  
EEQNKLASMAEIKALQAQINPHFFFNAINTISALIRIDSDKARYALMQLSTFFRTSLQGG  
QDREVTLEQEKSHVDAYMNVKLRFPDKYQLSYDISAPEKMKLPPFGLQVLVENAVRHAF  
KERKTDNHILVQIKPDGHYYCVSVSDNGQGISTIIDKLGQETVAESKGTGTALVNLNLR  
LNLLYGSVSVCLHFSDDKNGTKVWYRIPNRIREDEHENFNS

## SEQ ID NO. 5817

STRAIN COH1 frame: 1

LMVLLFQRLGIIMILAFLLVNNSYFRQLIEERSKRETVVLVIFGLFVVISNITGIEIKG  
DRSLVERPFLTTISHSDSLANTRTLVITTASLVGGPLVGSIVGFIGGVHRRFFQGSFSGSF  
YIVSSVLVGIVSGKIGDKLKENHLYPSTSQVILISIIAESIQMLFVGIFTGWELVKMIVI  
PMMILNSLGSTLFLAILKTYLSNESQLRAVQTRDVLELTRQTLPLYLRQGLTPQSARSVCE  
IIKRHTNFDVAGLTDNRNVLAHIGVGHDDHIIAGQPVKTDLSKSVIFDGEPRIAQDKAAIS  
CPDHNCQLNSAIVVPLKINDKTVGALKMYFAGDKTMSEVEENLVLGLAQIFSGQLAMGIT  
EEQNKLASMAEIKALQAQINPHFFFNAINTISALIRIDSDKARYALMQLSTFFRTSLQGG  
QDREVTLEQEKSHVDAYMNVKLRFPDKYQLSYDISAPEKMKLPPFGLQVLVENAVRHAF  
KERKTDNHILVQIKPDGHYYCVSVSDNGQGISTIIDKLGQETVAESKGTGTALVNLNLR  
LNLLYGSVSVCLHFSDDKNGTKVWYRIPNRIREDEHENFNS

## SEQ ID NO. 5818

STRAIN M781 frame: 1

LMVLLFQRLGIIMILAFLLVNNSYFRQLIEERSKRETVVLVIFGLFVVISNITGIEIKG  
DRSLVERPFLTTISHSDSLANTRTLVITTASLVGGPLVGSIVGFIGGVHRRFFQGSFSGSF  
YIVSSVLVGIVSGKIGDKLKENHLYPSTSQVILISIIAESIQMLFVGIFTGWELVKMIVI  
PMMILNSLGSTLFLAILKTYLSNESQLRAVQTRDVLELTRQTLPLYLRQGLTPQSARSVCE  
IIKRHTNFDVAGLTDNRNVLAHIGVGHDDHIIAGQPVKTDLSKSVIFDGEPRIAQDKAAIS  
CPDHNCQLNSAIVVPLKINDKTVGALKMYFAGDKTMSEVEENLVLGLAQIFSGQLAMGIT  
EEQNKLASMAEIKALQAQINPHFFFNAINTISALIRIDSDKARYALMQLSTFFRTSLQGG  
QDREVTLEQEKSHVDAYMNVKLRFPDKYQLSYDISAPEKMKLPPFGLQVLVENAVRHAF  
KERKTDNHILVQIKPDGHYYCVSVSDNGQGISTIIDKLGQETVAESKGTGTALVNLNLR  
LNLLYGSVSVCLHFSDDKNGTKVWYRIPNRIREDEHENFNS

## SEQ ID NO. 5819

STRAIN CJB110 frame: 1

## SEQUENCE LISTING

LMVLLFQRLGIIMILAFLLVNNSYFRQLIEERSKRETVVLVLIIFGLFVVISNITGIEIKG  
 DRSLVERPFLTTISHSDSLANTRTLVITTASLVGGPLVGSIVGFIGGVHRRFFQGSFSGSF  
 YIVSSVLVGIVSGKIGDKLKENHLYPSTSQVILISIIAESIQMLFVGIFTGWELVKMIVI  
 PMMILNSLGSSTLFLAILKTYLSNESQLRAVQTRDVLELTRQTLPLYLRQGLTPQSARSVCE  
 IIKRHTNFDAVGLTDRSNVLAHIGVGHDDHIIAGQPVKTDLSKSVIFDGEPRIAQDKAAIS  
 CPDHNCQLNSAIVVPLKINDKTVGALKMYFAGDKTMSEVEENLVLGLAQIFSGQLAMGIT  
 EEQNKLASMAEIKALQAQINPHFFFNAINITISALIRIDSDKARYALMQLSTFFRTSLQGG  
 QDREVTLEQEKSHVDAYMNVEKLRFPDKYQLSYDISAPEKMKLPPFGLQVLVENAVRHAF  
 KERKTDNHILVQIKPDGHYYCVSVSDNGQGISDTIIDKLQGETVAESKGTGTALVNLNNR  
 LNLLYGSVSLHFSSDKNGTKVWYRIPNRIREDEHENFNS

## SEQ ID NO. 5820

STRAIN 1169NT frame: 1

LMVLLFQRLGIIMILAFLLVNNSYFRQLIEERSKRETVVLVLIIFGLFVVISNITGIEIKG  
 DRSLVERPFLTTISHSDSLANTRTLVITTASLVGGPLVGSIVGFIGGVHRRFFQGSFSGSF  
 YIVSSVLVGIVSGKIGDKLKENHLYPSTSQVILISIIAESIQMLFVGIFTGWELVKMIVI  
 PMMILNSLGSSTLFLAILKTYLSNESQLRAVQTRDVLELTRQTLPLYLRQGLTPQSARSVCE  
 IIKRHTNFDAVGLTDRSNVLAHIGVGHDDHIIAGQPVKTDLSKSVIFDGEPRIAQDKAAIS  
 CPDHNCQLNSAIVVPLKINDKTVGALKMYFAGDKTMSEVEENLVLGLAQIFSGQLAMGIT  
 EEQNKLASMAEIKALQAQINPHFFFNAINITISALIRIDSDKARYALMQLSTFFRTSLQGG  
 QDREVTLEQEKSHVDAYMNVEKLRFPDKYQLSYDISAPEKMKLPPFGLQVLVENAVRHAF  
 KERKTDNHILVQIKPDGHYYCVSVSDNGQGISDTIIDKLQGETVAESKGTGTALVNLNNR  
 LNLLYGSVSLHFSSDKNGTKVWYRIPNRIREDEHENFNS

## SEQ ID NO. 5821

STRAIN JM9130013 frame: 1

LMVLLFQRLGIIMILAFLLVNNSYFRQLIEERSKRETVVLVLIIFGLFVVISNITGIEIKG  
 DRSLVERPFLTTISHSDSLANTRTLVITTASLVGGPLVGSIVGFIGGVHRRFFQGSFSGSF  
 YIVSSVLVGIVSGKIGDKLKENHLYPSTSQVILISIIAESIQMLFVGIFTGWELVKMIVI  
 PMMILNSLGSSTLFLAILKTYLSNESQLRAVQTRDVLELTRQTLPLYLRQGLTPQSARSVCE  
 IIKRHTNFDAVGLTDRSNVLAHIGVGHDDHIIAGQPVKTDLSKSVIFDGEPRIAQDKAAIS  
 CPDHNCQLNSAIVVPLKINDKTVGALKMYFAGDKTMSEVEENLVLGLAQIFSGQLAMGIT  
 EEQNKLASMAEIKALQAQINPHFFFNAINITISALIRIDSDKARYALMQLSTFFRTSLQGG  
 QDREVTLEQEKSHVDAYMNVEKLRFPDKYQLSYDISAPEKMKLPPFGLQVLVENAVRHAF  
 KERKTDNHILVQIKPDGHYYCVSVSDNGQGISDTIIDKLQGETVAESKGTGTALVNLNNR  
 LNLLYGSVSLHFSSDKNGTKVWYRIPNRIREDEHENFNS

## SEQ ID NO. 5901

STRAIN 2603

ATGAATAAAGAAGAAAATTATCAAAATTGAATGTAAAAAACATCATTTAGCTTATGGA  
 GCTATCACTTTAGTAGCCCTTTTTTTCATGTATTTTGGCTGTAATGGTCATCTTTAAAGT  
 TCACAAGTTACTACTGAATCTTTGTCAAAGCAGATAAAGTTCGCGTAGCCAAAAATCA  
 AAAATGACTAAGGCGACATCTAAATCAAAGTAGAAGATGTAAACAGGCTCCAAAACCT  
 TCTCAGGCATCTAATGAAGCCCCAAAATCAAGTTCTCAATCTACAGAAGCTAATTCCTCAG  
 CAACAAGTTACTGCGAGTGAAGAGGCAGCTGTAGAACAAGCAGTTGTAACAGAAAACACC  
 CCTGCTACCAGTCAGGCACAACAAGCTTATGCTGTTACTGAGACAACCTATAGACCTGCT  
 CAACACCAGACGAGTGGCCAAGTATTGAGTAATGGAATAcTGCAGGGGCTATTGGCTCA  
 GCAGCTGCAGCACAAATGGCTGCTGCAAcAGGAGTCCCTCAGTCTACTTGGGAACATATT  
 ATTGCCCGTGAATCAAATGGTAATCCTAATGTTGCTAATGCCTCAGGAGCTTCAGGACTT  
 TTCAAACGATGCCAGGTTGGGGTTCAACAGCTACAGTTCAGGATCAAGTTAATTCAGCT  
 ATTAAAGCTTATCGTGCTCAAGGTTTATCAGCTTGGGGTTACTAG

## SEQ ID NO. 5902

STRAIN JM9130013

AAAAGTTCACAAGTTACTACTGAATCTTTGTCAAA  
 AGCAGATAAAGTTCGCGTAGCCAAAAATCAAAATGAATAAGGCAACAT  
 CTAATCAAAAGTAGAAGGTGTAAACAGGCTCCAAAACCAAGTTCTCAA  
 TCTACAGAAGCTAATTCCTCAGCAACAAGTTACTGCGAGTGAAGAGGCAGC  
 TGTAACAACAGCAGTTGTAACAGAAAATACCCCTGCTACCAGTCAAGCAC  
 AACAAGCTTATGCTGTTACTGAGACAACCTATAGACCTGCTCAACACCAG  
 CCGAGTGGCCAAGTATTGAGCAATGGAATACTGCAGGGGTTATTGGCTC  
 AGCAGCAGCAGCACAAATGGCTGCTGCAACGGGAGTTCCTCAGTCTACTT  
 GGGAACATATTATTGCCCGTGAATCAAATGGTAATCCTAACGTTGCTAAT  
 GCCTCAGGAGCTTCAGGACTTTTCCAAACGATGCCAGGTTGGGGTTCAAC

## SEQUENCE LISTING

AGCTACAGTTCAGGATCAAGTTAATtCAGCTATTAAAGCTTATCGTGCTC  
AAGGTTTATCAGCTTGGGGTTAC

## SEQ ID NO. 5903

STRAIN 1169NT reverse complement

AAAAGTTCACAAGTTACTACTGAATCTTTGTCAAAAGCAGATAAAGTTCGCGTAGCC  
AAAAAATCAAAAATGACTAAGGCGACATCTAAATCAAAAGTAGAAGATGTAAAACAGGCT  
CCAAAACCTTCTCAGGCATCTAATGAAGTCCAAAATCAAGTTCTCAATCTACAGAAGCT  
AATTCTCAGCAACAAGTTACTGCGAGTGAAGAGGCGGCTGTAGAACAAGCAGTTGTAACA  
GAAAATACCCCTGCTACCAGTCAGGCACAACAACTTATGCTGTTACTGAGACAACCTTAC  
AAACCTGCTCAACACCAGACAAGTGGCCAAGTATTGAGCAATGGAAATCTGCAGGGGCG  
GTCGGATCTGCTGCTGCAGCACAAATGGCTGCTGCAACAGGAGTCCCTCAGTCTACTTGG  
GAACATATTATTGCCCCGTGAATCAAATGGTAATCCTAATGTTGCTAATGCCTCAGGAGCT  
TCAGGACTTTTCCAAACGATGCCAGGTTGGGGTTCAACAGCTACAGTTCAGGATCAAGTT  
AATTCACTATTAAAGCTTATCGTGCTCAAGGTTTATCAGCTTGGGGTTAC

## SEQ ID NO. 5904

STRAIN 18RS21 reverse complement

AAAAGTTCACAAGTTACTACTGAATCTTTGTCAAAAGCAGATAAAGTTC  
GCGTAGCCAAAAAATCAAAAATGACTAAGGCGACATCTAAATCAAAAGTAGAAGATGTAA  
AACAGGCTCCAAAACCTTCTCAGGCATCTAATGAAGCCCCAAAATCAAGTTCTCAATCTA  
CAGAAGCTAATTCTCAGCAACAAGTTACTGCGAGTGAAGAGGCGAGCTGTAGAACAAGCAG  
TTGTAACAGAAAACACCCCTGCTACCAGTCAGGCACAACAAGCTTATGCTGTTACTGAGA  
CAACTTATAGACCTGCTCAACACCAGACGAGTGGCCAAGTATTGAGTAATGGAAATACTG  
CAGGGGCTATTGGCTCAGCAGCTGCAGCACAAATGGCTGCTGCAACAGGAGTCCCTCAGT  
CTACTTGGGAACATATTATTGCCCCGTGAATCAAATGGTAATCCTAATGTTGCTAATGCCT  
CAGGAGCTTCAGGACTTTTCCAAACGATGCCAGGTTGGGGTTCAACAGCTACAGTTCAGG  
ATCAAGTTAATTCAGCTATTAAAGCTTATCGTGCTCAAGGTTTATCAGCTTGGGGTTAC

## SEQ ID NO. 5905

STRAIN 090 reverse complement

TAGCCAAAAAATCAAAAATGATTAAGGCGACATCTAAATCAAAAGTAGAAGATGTAAAAC  
AGGCTCCAAAACCTTCTCAGGCATCTAATGAAGCCCCAAAATCAAGTTCTCAATCTACAG  
AAGCTAATTCTCAGCAACAAGTTACTGCGAGTGAAGAGGCGAGCTGTAGAACAAGCAGTTG  
TAACAGAAAAACCCCTGCTACCAGTCAGGCACAACAAGCTTATGCTGTTACTGAGACAA  
CTTATAGACCTGCTCAACACCAGACGAGTGGCCAAGTATTGAGTAATGGAAATACTGCAG  
GGGCTATTGGCTCAGCAGCTGCAGCACAAATGGCTGCTGCAACAGGAGTCCCTCAGTCTA  
CTTGGGAACATATTATTGCCCCGTGAATCAAATGGTAATCCTAATGTTGCTAATGCCTCAG  
GAGCTTCAGGACTTTTCCAAACGATGCCAGGTTGGGGTTCAACAGCTACAGTTCAGGA

## SEQ ID NO. 5906

STRAIN A909 reverse complement

AAGGCGACATCTAAATCAAAAGTAGAAGATGTAAAACAGGCTCCAAAACCTTCTCAGGCA  
TCTAATGAAGCCCCAAAATCAAGTTCTCAATCTACAGAAGCTAATTCTCAGCAACAAGTT  
ACTGCGAGTGAAGAGGCGAGCTGTAGAACAAGCAGTTGTAACAGAAAACACCCCTGCTACC  
AGTCAGGCACAACAAGCTTATGCTGTTACTGAGACAACCTTATAGACCTGCTCAACACCAG  
ACAAGTGGCCAAGTATTGAGTAATGGAAATACTGCAGGGGCTATTGGCTCAGCAGCTGCA  
GCACAAATGGCTGCTGCAACAGGAGTCCCTCAGTCTACTTGGGAACATATTATTGCCCCGT  
GAATCAAATGGTAATCCTAATGTTGCTAATGCCTCAGGAGCTTCAGGACTTTTCCAAACG  
ATGCCAGGTTGGGGTTCAACAGCTACAGTTCAGAATCAAGTTAATTCAGCTATTAAAGCT  
TATCGTGCTCAAGGTTTATCA

## SEQ ID NO. 5907

STRAIN CJB110 reverse complement

AATCTTTGTCAAAAGCAGATAAAGTTCGCGTAGCCAAAAAATCAAAAATGACTAAGGCGA  
CATCTAAATCAAAAGTAGAAGATGTAAAACAGGCTCCAAAACCTTCTCAGGCATCTAATG  
AAGCCCCAAAATCAAGTTCTCAATCTACAGAAGCTAATTCTCAGCAACAAGTTACTGCGA  
GTGAAGAGGCGAGCTGTAGAACAAGCAGTTGTAACAGAAAACACCCCTGCTACCAGTCAGG  
CACAACAAGCTTATGCTGTTACTGAGACAACCTTATAGACCTGCTCAACACCAGACGAGTG  
GCCAAGTATTGAGTAATGGAAATACTGCAGGGGCTATTGGCTCAGCAGCTGCAGCACAAA  
TGGCTGCTGCAACAGGAGTCCCTCAGTCTACTTGGGAACATATTATTGCCCCGTGAATCAA  
ATGGTAATCCTAATGTTGCTAATGCCTCAGGAGCTTCAGGACTTTTCCAAACGATGCCAG  
GTTGGGGTTCAACAGCTACAGTTCAGGATCAAGTTAATTCAGCTATTAAAGCTTATCGTG  
CTCAAGGTTTATCAGCTTGGGGTTAC

## SEQUENCE LISTING

## SEQ ID NO. 5908

STRAIN COH1 reverse complement

AAAAGTTCACAAGTTACTACTGAATCTTTGTCAAAAGCAGATAA  
 AGTTCGCGTAGCCAAAAAATCAAAAATGACTAAGGCGACATCTAAATCAAAAGTAGAAGA  
 TGTAAACACAGGCTCCAAAACCTTCTCAGGCATCTAATGAAGCCCCAAAATCAAGTTCTCA  
 ATCTACAGAAGCTAATTCTCAGCAACAAGTTACTGCGAGTGAAGAGGCGGCTGTAGAACA  
 AGCAGTTGTAACAGAAAATACCCCTGCTACCAGTCAGGCACAACAACCTTATGCTGTAC  
 TGAGACAACCTTACATACCTGCTCAACACCAGACAAGTGGCCAAGTATTGAGCAATGGAAA  
 TACTGCAGGGGCGGTCGGATCTGCTGCTGCAGCACAAATGGCTGCTGCAACAGGAGTCCC  
 TCAGTCTACTTGGGAACATATTATTGCCCGTGAATCAAATGGTAATCCTAATGTTGCTAA  
 TGCCTCAGGAGCTTCAGGACTTTTCCAAACGATGCCAGGTTGGGGTTCAACAGCTACAGT  
 TCAGGATCAAGTTAATTAGCTATTAAAGCTTATCGTGCTCAAGGTTTATCAGCTTGGGG  
 TTAC

## SEQ ID NO. 5909

STRAIN H36B reverse complement

AAAAGTTCACAAGTTACTACTGAATCTTTGTCAAAAGC  
 AGATAAGTTCGCGTAGCCAAAAAATCAAAAATGACTAAGGCGACATCTAAATCAAAAGT  
 AGAAGATGTAAACACAGGCTCCAAAACCTTCTCAGGCATCTAATGAAGCCCCAAAATCAAG  
 TTCTCAATCTACAGAAGCTAATTCTCAGCAACAAGTTACTGCGAGTGAAGAGGCGAGTGT  
 AGAACAAGCAGTTGTAACAGAAAACACCCCTGCTACCAGTCAGGCACAACAAGCTTATGC  
 TGTACTGAGACAACCTTATAGACCTGCTCAACACCAGACAAGTGGCCAAGTATTGAGTAA  
 TGGAAATACTGCAGGGGCTATTGGCTCAGCAGCTGCAGCACAAATGGCTGCTGCAACAGG  
 AGTCCCTCAGTCTACTTGGGAACATATTATTGCCCGTGAATCAAATGGTAATCCTAATGT  
 TGCTAATGCCTCAGGAGCTTCAGGACTTTTCCAAACGATGCCAGGTTGGGGTTCAACAGC  
 TACAGTTCAGGATCAAGTTAATTAGCTATTAAAGCTT

## SEQ ID NO. 5910

STRAIN M732 reverse complement

AAAAGTTCACAAGTTACTACTGAATCTTTGTCAAAAGCAGATAAAGTTCGCGTAGC  
 CAAAAAATCAAAAATGACTAAGGCGACATCTAAATCAAAAGTAGAAGATGTAAACACAGG  
 TCCAAAACCTTCTCAGGCATCTAATGAAGCCCCAAAATCAAGTTCTCAATCTACAGAAGC  
 TAATTCTCAGCAACAAGTTACTGCGAGTGAAGAGGCGGCTGTAGAACAAGCAGTTGTAAC  
 AGAAAATACCCCTGCTACCAGTCAGGCACAACAACCTTATGCTGTTACTGAGACAACCTTA  
 CAAACCTGCTCAACACCAGACAAGTGGCCAAGTATTGAGCAATGGAAATACTGCAGGGGC  
 GGTCCGATCTGCTGCTGCAGCACAAATGGCTGCTGCAACAGGAGTCCCTCAGTCTACTTG  
 GGAACATATTATTGCCCGTGAATCAAATGGTAATCCTAATGTTGCTAATGCCTCAGGAGC  
 TTCAGGACTTTTCCAAACGATGCCAGGTTGGGGTTCAACAGCTACAGTTACAGATCAAGT  
 TAATTAGCTATTAAAGCTTATCGTGCTCAAGGTTTATCAGCTTGGGGTTA

## SEQ ID NO. 5911

STRAIN M781 reverse complement

TCTTTGTCAAAAGCAGATAAAGTTCGCGTAGCCAAAAAATCAAAAATGACTAAGGCGACA  
 TCTAAATCAAAAGTAGAAGATGTAAACACAGGCTCCAAAACCTTCTCAGGCATCTAATGAA  
 GCCCAAAATCAAGTTCTCAATCTACAGAAGCTAATTCTCAGCAACAAGTTACTGCGAGT  
 GAAGAGGCGGCTGTAGAACAAGCAGTTGTAACAGAAAATACCCCTGCTACCAGTCAGGCA  
 CAACAACCTTATGCTGTTACTGAGACAACCTTACAAACCTGCTCAACACCAGACAAGTGGC  
 CAAGTATTGAGCAATGGAAATACTGCAGGGGCGGTCGGATCTGCTGCTGCAGCACAAATG  
 GCTGCTGCAACAGGAGTCCCTCAGTCTACTTGGGAACATATTATTGCCCGTGAATCAAAT  
 GGTAATCCTAATGTTGCTAATGCCTCAGGAGCTTCAGGACTTTTCCAAACGATGCCAGT  
 TGGGGTTCAACAGCTACAGTTACAGTCAAGTTAATTAGCTATTAAAGCTTATCGTGCT  
 CAAGGTTTATCAGCTTGGGGTTAC

## SEQ ID NO. 5912

STRAIN 2603 frame: 1

MNKRRLSKLNVKHHLAYGAITLVALFSCILAVMVIKSSQVTTESLSKADKVRVAKKS  
 KMTKATSKSKVEDVKQAPKPSQASNEAPKSSSQSTEANSQQQVTASEEAAVEQAVVTENT  
 PATSQAQAYAVTETTYRPAQHQTSGQVLSNGNTAGAIQSAAAAQMAAATGVPQSTWEHI  
 IARESNNGNPNVANASGASGLFQTMPGWGSTATVQDQVNSAIKAYRAQGLSAWGY

## SEQ ID NO. 5913

STRAIN 1169NT frame: 1

KSSQVTTESLSKADKVRVAKSKMTKATSKSKVEDVKQAPKPSQASNEVPKSSSQSTEAN

## SEQUENCE LISTING

SQQQVTASEEAAVEQAVVTENTPATSSQAQQTAYVTETTYKPAQHQTSGQVLSNGNTAGAV  
 GSAAAAQMAAATGVPQSTWEHIIARESNPNVANASGASGLFQTMPGWGSTATVQDQVN  
 SAIKAYRAQGLSAWGY

## SEQ ID NO. 5914

STRAIN 18RS21 frame: 1

KSSQVTESLSKADKVRVAKKSKMTKATSKSKVEDVKQAPKPSQASNEAPKSSSQSTEAN  
 SQQQVTASEEAAVEQAVVTENTPATSSQAQQAYAVTETTYRPAQHQTSGQVLSNGNTAGAI  
 GSAAAAQMAAATGVPQSTWEHIIARESNPNVANASGASGLFQTMPGWGSTATVQDQVN  
 SAIKAYRAQGLSAWGY

## SEQ ID NO. 5915

STRAIN 2603 frame: 1

KSSQVTESLSKADKVRVAKKSKMTKATSKSKVEDVKQAPKPSQASNEAPKSSSQSTEAN  
 SQQQVTASEEAAVEQAVVTENTPATSSQAQQAYAVTETTYRPAQHQTSGQVLSNGNTAGAI  
 GSAAAAQMAAATGVPQSTWEHIIARESNPNVANASGASGLFQTMPGWGSTATVQDQVN  
 SAIKAYRAQGLSAWGY

## SEQ ID NO. 5916

STRAIN 090 frame: 3

AKKSKMIKATSKSKVEDVKQAPKPSQASNEAPKSSSQSTEANSQQQVTASEEAAVEQAVV  
 TENTPATSSQAQQAYAVTETTYRPAQHQTSGQVLSNGNTAGAI GSAAAAQMAAATGVPQST  
 WEHIIARESNPNVANASGASGLFQTMPGWGSTATVQ

## SEQ ID NO. 5917

STRAIN A909 frame: 1

KATSKSKVEDVKQAPKPSQASNEAPKSSSQSTEANSQQQVTASEEAAVEQAVVTENTPAT  
 SQAQQAYAVTETTYRPAQHQTSGQVLSNGNTAGAI GSAAAAQMAAATGVPQSTWEHIIAR  
 ESNPNVANASGASGLFQTMPGWGSTATVQNVNSAIKAYRAQGLS

## SEQ ID NO. 5918

STRAIN CJB110 frame: 3

SLSKADKVRVAKKSKMTKATSKSKVEDVKQAPKPSQASNEAPKSSSQSTEANSQQQVTAS  
 EEAAVEQAVVTENTPATSSQAQQAYAVTETTYRPAQHQTSGQVLSNGNTAGAI GSAAAAQMA  
 AATGVPQSTWEHIIARESNPNVANASGASGLFQTMPGWGSTATVQDQVNSAIKAYRA  
 QGLSAWGY

## SEQ ID NO. 5919

STRAIN COH1 frame: 1

KSSQVTESLSKADKVRVAKKSKMTKATSKSKVEDVKQAPKPSQASNEAPKSSSQSTEAN  
 SQQQVTASEEAAVEQAVVTENTPATSSQAQQTAYVTETTYKPAQHQTSGQVLSNGNTAGAV  
 GSAAAAQMAAATGVPQSTWEHIIARESNPNVANASGASGLFQTMPGWGSTATVQDQVN  
 SAIKAYRAQGLSAWGY

## SEQ ID NO. 5920

STRAIN H36B frame: 1

KSSQVTESLSKADKVRVAKKSKMTKATSKSKVEDVKQAPKPSQASNEAPKSSSQSTEAN  
 SQQQVTASEEAAVEQAVVTENTPATSSQAQQAYAVTETTYRPAQHQTSGQVLSNGNTAGAI  
 GSAAAAQMAAATGVPQSTWEHIIARESNPNVANASGASGLFQTMPGWGSTATVQDQVN  
 SAIKA

## SEQ ID NO. 5921

STRAIN M732 frame: 1

KSSQVTESLSKADKVRVAKKSKMTKATSKSKVEDVKQAPKPSQASNEAPKSSSQSTEAN  
 SQQQVTASEEAAVEQAVVTENTPATSSQAQQTAYVTETTYKPAQHQTSGQVLSNGNTAGAV  
 GSAAAAQMAAATGVPQSTWEHIIARESNPNVANASGASGLFQTMPGWGSTATVQDQVN  
 SAIKAYRAQGLSAWG

## SEQ ID NO. 5922

STRAIN M781 frame: 4

SLSKADKVRVAKKSKMTKATSKSKVEDVKQAPKPSQASNEAPKSSSQSTEANSQQQVTAS  
 EEAAVEQAVVTENTPATSSQAQQTAYVTETTYKPAQHQTSGQVLSNGNTAGAV GSAAAAQMA  
 AATGVPQSTWEHIIARESNPNVANASGASGLFQTMPGWGSTATVQDQVNSAIKAYRA  
 QGLSAWGY

## SEQUENCE LISTING

## SEQ ID NO. 5923

STRAIN JM9130013 frame: 1

KSSQVTTESLSKADKVRVAKKSKMNKATSKSKVEGVKQAPKPSSQSTEANSQQQVTASEE  
AAVEQAVVTENTPATSSQAQQAYAVTETTYRPAQHQPSSQVLSNGNTAGVIGSAAAQMAA  
ATGVPQSTWEHIIARESNPNVANASGASGLFQTMPGWGSTATVQDQVNSAIKAYRAQG  
LSAWGY

## SEQ ID NO. 6001

STRAIN 2603

ATGAAAGAAAAACAGTCGAAAAGGCTTATTTATATACTACTGGTTGTTCCATTATTTTT  
ATAAGTGTTTTTACATACAGTATTAGCCAGCCTTCTAACTACTTCCACCAAAAGAATTA  
GTTATTCTAAGTCCAAATAGTCAAGCCATTTTAAACAGGAACGATTCCAGCTTTTGAGGAA  
AAATACGGTATAAAAGTTAAGCTTATTCAAGGTGGGACAGGGCAACTAATAGATAGATTA  
AGTAAGGAGGGTAAGCAGTTGAAGGCGGATATTTTCTTGGAGGAAATTATACGCAATTT  
GAAAGTCATAAGGCATTGTTTGAGTCTTACGTATCAAAGAATGTTTACTACTGTTATCCA  
GACTATATCCATCCAAGTGATACGGCGACACCTTATACTATAAATGGGAGTGTCTTGATT  
GTAAATAACGAATTAGCTAAGGGACTTACCATCAAGAGTTATGAAGATTTATTACAGCCT  
TCCTTAAAAGGTAATAATGCCTTTGCAGATCCGAATACTTCTCTAGTGCTTTCTCACA  
CTCACTAATATACTCTTGGCCAAGGGTGGTTACACCAATCCAAAAGCGTGGAACATGTT  
AAAAAGCTACAACATAATATTAATGCTATCAAATCTTCTAGCTCTTCAGAAGTTTATCAA  
TCAGTTGCAGAAGGAAAAATGATTGTGGGGCTGACTTACGAAGACCCTAGTGTCAATTTG  
CAAAAAGTGTTGCCAATGTTTCTATTGTATATCCGACAGAAGGGACAGTTTTTGTCCCA  
TCTTCGGTTGCAATTATAAAGAATGCTCCTTCTATGAAAGAAGCAAGTTATTTATTAAT  
TTTATGCTTTCTTTAGATGTTTCAAAATGCCTTTGGGCAGTCAACGAGTAACCGACCTATT  
CGTAAAGATGCCCAAACGAGTAATGGCATGAAAGCTTTAAAGGATATTGCTACTCTTAAA  
GAAGATTATCGCTATGTCATAAGCATAAGGGCCAAATCCTTAAACCTATAATCGTATT  
CGTAGAAATGCTGAT

## SEQ ID NO. 6002

STRAIN 090

CAGCCTTCTAACTACTTCCACCAAAAGAATTAGTTATTCTAAGT  
CCAAATAGTCAAGCCATTTTAAACAGGAACGATTCCAGCTTTTGAGGAAAA  
ATACGGTATAAAAGTTAAGCTTATTCAAGGTGGGACAGGGCAACTAATAG  
ATAGATTAAGTAAGGAGGGTAAGCAGTTGAAGGCGGATATTTTCTTTGGA  
GGAAATATACGCAATTTGAAAGTCATAAGGCATTGTTTGAGTCTTACGT  
ATCAAAGAATGTTTACTACTGTTATCCAGACTATATCCATCCAAGTGATA  
CGGCGACACCTTATACTATAAATGGGAGTGTCTTGATTGTAAATAACGAA  
TTAGCTAAGGGACTTACCATCAAGAGTTATGAAGATTTATTACAGCCTTC  
CTTAAAGGTAAAATGTCCTTTGCAGATCCGAATACTTCTCTAGTGCTT  
TCTCACAACCTCACTAATATACTCTTGGCCAAGGGTGGTTACACCAATCCA  
AAAGCGTGGAACATGTTTAAAAGCTACAACATAATATTAATGCTATCAA  
ATCTTCTAGCTCTTTCAGAAAGTTTATCAATCAGTTGCAGAAGGAAAAATGA  
TTGTGGGGCTGACTTACGAAGACCCTAGTGTCAATTTGCAAAAAGTGGT  
GCCAATGTTTCTATTGTATATCCGACAGAAGGGACAGTTTTTGTCCCATC  
TTCGGTTGCAATTATAAAGAATGCTCCTTCTATGAAAGAAGCAAGTTAT  
TTATTAATTTTATGCTTTCTTTAGATGTTTCAAAATGCCTTTGGGCAGTCA  
ACGAGTAACCGACCTATTGCTAAAGATGCCCAAACGAGTAATGGCATGAA  
AGCTTTAAAGGATATTGCTACTCTTAAAGAAGATTATCGCTATGTCATA  
AGCATAAGGGCCAAATCCTTAAACCTATAATCGTATTCGTAGAAATGCT  
GAT

## SEQ ID NO. 6003

STRAIN A909

CAGCCTTCTAACTACTTCCACCAAAAGAATTAG  
TTATTCTAAGTCCAAATAGTCAAGCCATTTTAAACAGGAACGATTCCAGCT  
TTTGAGGAAAAATACGGTATAAAAGTTAAGCTTATTCAAGGTGGGACAGG  
TCAACTAATAGATAGATTAAGTAAGGAGGGTAAGCAGTTGAAGGCGGATA  
TTTTCTTTGGAGGAAATTATACGCAATTTGAAAGTCATAAGGCATTGTTT  
GAGTCTTACGTATCAAAGAATATTCTACTGTTATTCCAGATTATATCCA  
TCCGAGTGATACGGCGACACCTTATACTATAAATGGGAGTGTCTTGATTG  
TAAATAACGAATTAGCTAAGGGACTTACCATCAAGAGTTATGAAGATTTA  
TTACAGCCTTCTTAAAGGTAAAATGTCCTTTGCAGATCCGAATACTTC  
CTCTAGTGCTTTCTCACAACCTCACTAATATACTCTTGGCCAAGGGTGGTT



## SEQUENCE LISTING

ACACCAATCCAAAAGCGTGGAACATGTTAAAAAGCTACAACATAATATT  
 AATGCTATCAAATCTTCTAGCTCTTCAGAAGTTTATCAATCAGTTGCAGA  
 AGGAAAAATGATTGTGGGGTTGACTTACGAAGACCCTAGTGTCAATTTGC  
 AAAAAAGTGGTGCCAATGTTTCTATTGTATATCCGACAGAAGGGACAGTT  
 TTTGTCCCATCTTCGGTTGCAATTATAAAGAATGCTCCTTCTATGAAAGA  
 AGCAAAGTTATTTATTAATTTTATGCTTTCTTTAGATGTTCAAATGCCT  
 TTGGGCAGTCAACGAGTAACCGACCTATTTCGTAAAGATGCCCAAACGAGT  
 AATGGCATGAAAGCTTTAAAGGATATTGCTACTCTTAAAGAAGATTATCG  
 CTATGCTACTAAGCATAAGGGCCAAATCCTTAAACCTATAATCGTATTC  
 GTAGAAATGCTGAT

## SEQ ID NO. 6004

STRAIN H36B

TAAACTACTTCCACCAAAAAGAATTAGTTATTCTAAGTCCAAATAGTCAAG  
 CCATTTTAACAGGAACGATTCCAGCTTTTGAGGAAAAATACGGTATAAAA  
 GTTAAGCTTATTCAAGGTGGGACAGTCAACTAATAGATAGATTAAAGTAA  
 GGAGGGTAAGCAGTTGAAGGCGGATATTTCTTTGGAGGAAATTATACGC  
 AATTTGAAAGTCATAAGGCATTGTTTGAGTCTTACGTATCAAAGAATATT  
 CATACTGTTATTCAGATTATATCCATCCGAGTGATACGGCGACACCTTA  
 TACTATAAATGGGAGTGTCTTGATTGTAATAAAGTAATTAGTTAAGGGAC  
 TTACCATCAAGAGTTATGAAGATTTATTACAGCCTTCCTTAAAGGTAAA  
 ATTGCCTTTGCAGATCCGAATACTTCCTCTAGTGTCTTCTCACAACAC  
 TAATATACTCTTGGCCAAGGGTGGTTACACCAATCCAAAAGCGTGGAACT  
 ATGTTAAAAAGCTACAACATAATATTAATGCTATCAAATCTTCTAGCTCT  
 TCAGAAGTTTATCAATCAGTTGCAGAAGGAAAAATGATTGTGGGGTTGAC  
 TTACGAAGACCCTAGTGTCAATTTGCAAAAAGTGGTGCCAATGTTCTA  
 TTGTATATCCGACAGAAGGGACAGTTTGTGCCATCTTCGGTTGCAATT  
 ATAAAGAATGCTCCTTCTATGAAAGAAGCAAAGTTATTTATTAATTTTAT  
 GCTTTCTTTAGATGTTCAAATGCCTTTGGGCAGTCAACGAGTAACCGAC  
 CTATTTCGTAAAGATGCCCAAACGAGTAATGGCATGAAAGCTTTAAAGGAT  
 ATTGCTACTCTTAAAGAAGATTATCGCTATGTCACTAAGCATAAGGGCCA  
 AATCCTTAAACCTATAATCGTATTCGTAGAAATGCTGAT

## SEQ ID NO. 6005

STRAIN 18RS21

CAGCCTTCTAAACTACTTCCACCAAAAAGAATTAGTTATTCTAAGTCCAAA  
 TAGTCAAGCCATTTTAACAGGAACGATTCCAGCTTTTGAGGAAAAATACG  
 GTATAAAAGTTAAGCTTATTCAAGGTGGGACAGGGCACTAATAGATAGA  
 TTAAGTAAGGAGGGTAAGCAGTTGAAGGCGATATTTCTTTGGAGGAAA  
 TTATACGCAATTTGAAAGTCATAAGGCATTGTTTGAGTCTTACGTATCAA  
 AGAATGTTCACTAGTTATTCCAGACTATATCCATCCAAGTGATACGGCG  
 ACACCTTATACTATAAATGGGAGTGTCTTGATTGTAATAACGAATTAGC  
 TAAGGGACTTACCATCAAGAGTTATGAAGATTTATTACAGCCTTCCTTAA  
 AAGGTAATAATGCCTTTGCAGATCCGAATACTTCCTCTAGTGTCTTCTCA  
 CAACTCACTAATATACTCTTGGCCAAGGGTGGTTACACCAATCCAAAAGC  
 GTGGAATATGTTAAAAAGCTACAACATAATATTAATGCTATCAAATCTT  
 CTAGCTCTTCAGAAGTTTATCAATCAGTTGCAGAAGGAAAAATGATTGTG  
 GGGCTGACTTACGAAGACCCTAGTGTCAATTTGCAAAAAGTGGTGCCAA  
 TGTTTCTATTGTATATCCGACAGAAGGGACAGTTTGTGCCATCTTCGG  
 TTGCAATTATAAAGAATGCTCCTTCTATGAAAGAAGCAAAGTTATTTATT  
 AATTTTATGCTTTCTTTAGATGTTCAAATGCCTTTGGGCAGTCAACGAG  
 TAACCGACCTATTTCGTAAAGATGCCCAAACGAGTAATGGCATGAAAGCTT  
 TAAAGGATATTGCTACTCTTAAAGAAGATTATCGCTATGTCACTAAGCAT  
 AAGGGCCAAATCCTTAAACCTATAATCGTATTCGTAGAAATGCTGAT

## SEQ ID NO. 6006

STRAIN M732

CAGCCTTCTAAACTACTTCCACCAAAAAGAATTAGT  
 TATTCTAAGTCCAAATAGTCAAGCCATTTTAACAGGAACGATTCCAGCTT  
 TTGAGGAAAAATACGGTATAAAAGTTAAGCTTATTCAAGGTGGGACAGGG  
 CACTAATAGATAGTTAAGTAAGGAGGTAAGCAGTTGAAGGCGGATAT  
 TTTCTTTGGAGGAAATTATACGCAATTTGAAAGTCATAAGGCATTGTTG  
 AGTCTTACGTATCAAAGAATGTTCACTAGTTATTCCAGACTATATCCAT  
 CCGAGTGATACGGCGACACCTTATACTATAAATGGGAGTGTCTTGATTGT

## SEQUENCE LISTING

AAATAACGAATTAGCTAAGGGACTTACCATCAAGAGTTATGAAGATTTAT  
TACAGCCTTCCTTAAAGGTAAAATTGCCTTTGCAGATCCGAATACTTCC  
TCTAGTGCTTTCTCACAACCTACTAATATACTCTTGGCCAAGGGTGGTTA  
CACCAATCCAAAAGCGTGGAACATATGTTAAAAAGCTACAACATAATATTA  
ATGCTATCAAATCTTCTAGCTCTTCAGAAGTTTATCAATCAGTTGCAGAA  
GGAAAAATGATTGTGGGGTTGACTTACGAAGACCCTAGTGTCAATTTGCA  
AAAAAGTGGTGCCAATGTTTCTATTGTATACCCGACAGAAGGGACAGTTT  
TTGTCCCATCTTCGGTTGCAATTATAAAGAATGCTCCTTCTATGAAAGAA  
GCAAAGTTATTTATTAATTTTATGCTTTCTTTAGATGTTCAAATGCCTT  
TGGGCAGTCAACGAGTAACCGACCTATTCGTAAAGATGCCCAAACAAGTA  
ATGGCATGAAAGCTTTAAAGGATATCGCTACTCTTAAAGAAGATTATCGC  
TATGTCACTAAGCATAAGAGCCAAATCCTTAAACCTATAATCGCATTCG  
TAGAAATGCTGAT

## SEQ ID NO. 6007

STRAIN COH1

CAGCCTTCTAACTACTTCCACCAAAGAATTAGTT  
ATTCTAAGTCCAAATAGTCAAGCCATTTTAACAGGAACGATTCCAGCTTT  
TGAGGAAAAATACGGTATAAAAGTTAAGCTTATTCAGGTGGGACAGGGC  
AACTAATAGATAGATTAAAGTAAGGAGGGTAAGCAGTTGAAGGCGGATATT  
TTCTTTGGAGGAAATTTATACGCAATTTGAAAGTCATAAGGCATTGTTTGA  
GTCTTACGTATCAAAGAATGTTTACTACTGTTATTCAGACTATATCCATC  
CGAGTGATACGGCGACACCTTATACTATAAATGGGAGTGCTTGATTGTA  
AATAACGAATTAGCTAAGGGACTTACCATCAAGAGTTATGAAGATTTATT  
ACAGCCTTCCTTAAAGGTAAAATTGCCTTTGCAGATCCGAATACTTCCT  
CTAGTGCTTTCTCACAACCTACTAATATACTCTTGGCCAAGGGTGGTTAC  
ACCAATCCAAAAGCGTGGAACATATGTTAAAAAGCTACAACATAATATTAA  
TGCTATCAAATCTTCTAGCTCTTCAGAAGTTTATCAATCAGTTGCAGAAG  
GAAAAATGATTGTGGGGTTGACTTACGAAGACCCTAGTGTCAATTTGCAA  
AAAAGTGGTGCCAATGTTTCTATTGTATACCCGACAGAAGGGACAGTTT  
TGTCCCATCTTCGGTTGCAATTATAAAGAATGCTCCTTCTATGAAAGAAG  
CAAAGTTATTTATTAATTTTATGCTTTCTTTAGATGTTCAAATGCCTTT  
GGGCAGTCAACGAGTAACCGACCTATTCGTAAAGATGCCCAAACAAGTAA  
TGGCATGAAAGCTTTAAAGGATATCGCTACTCTTAAAGAAGATTATCGCT  
ATGTCACTAAGCATAAGAGCCAAATCCTTAAACCTATAATCGCATTCGT  
AGAAATGCTGAT

## SEQ ID NO. 6008

STRAIN M781

CAGCCTTCTAACTACTTCCACCAAAGAATTAGTTATT  
CTAAGTCCAAATAGTCAAGCCATTTTAACAGGAACGATTCCAGCTTTTGA  
GGAAAAATACGGTATAAAAGTTAAGCTTATTCAGGTGGGACAGGGCAAC  
TAATAGATAGATTAAGTAAGGAGGGTAAGCAGTTGAAGGCGGATATTTTC  
TTTGGAGGAAATTTATACGCAATTTGAAAGTCATAAGGCATTGTTTGA  
TTACGTATCAAAGAATGTTTACTACTGTTATTCAGACTATATCCATCCGA  
GTGATACGGCGACACCTTATACTATAAATGGGAGTGCTTGATTGTAAAT  
AACGAATTAGCTAAGGGACTTACCATCAAGAGTTATGAAGATTTATTACA  
GCCTTCCTTAAAGGTAAAATTGCCTTTGCAGATCCGAATACTTCCTCTA  
GTGCTTTCTCACAACCTACTAATATACTCTTGGCCAAGGGTGGTTACACC  
AATCCAAAAGCGTGGAACATATGTTAAAAAGCTACAACATAATATTAATGC  
TATCAAATCTTCTAGCTCTTCAGAAGTTTATCAATCAGTTGCAGAAGGAA  
AAATGATTGTGGGGTTGACTTACGAAGACCCTAGTGTCAATTTGCAAAAA  
AGTGGTGCCAATGTTTCTATTGTATACCCGACAGAAGGGACAGTTTGT  
CCCATCTTCGGTTGCAATTATAAAGAATGCTCCTTCTATGAAAGAAGCAA  
AGTTATTTATTAATTTTATGCTTTCTTTAGATGTTCAAATGCCTTTGGG  
CAGTCAACGAGTAACCGACCTATTCGTAAAGATGCCCAAACAAGTAATGG  
CATGAAAGCTTTAAAGGATATCGCTACTCTTAAAGAAGATTATCGCTATG  
TCACTAAGCATAAGAGCCAAATCCTTAAACCTATAATCGCATTCGTAGA  
AATGCTGAT

## SEQ ID NO. 6009

STRAIN CJB110

CAGCCTTTTAACTACTTCCACCAAAGAATTAGTTATTCT  
AAGTCCAAATAGTCAAGCCATTTTAACAGGAACGATTCCAGCTTTTGAGG

## SEQUENCE LISTING

AAAAATACGGTATAAAAGTTAAGCTTATTCAAGGTGGGACAGGGCAACTA  
 ATAGATAGATTAAAGTAAGGAGGGTAAGCAGTTGAAGGCGGATATTTTCTT  
 TGGAGGAAATTATACGCAATTGAAAGTCATAAGGCATTGTTTGAGTCTT  
 ACGTATCAAAGAATGTTCACTACTGTTATTCAGACTATATCCATCCAAGT  
 GATACGGCGACACCTTATACTATAAATGGGAGTGTCTTGATTGTAAATAA  
 CGAATTAGCTAAGGGACTTACCATCAAGAGTTATGAAGATTTATTACAGC  
 CTTCTTAAAGGTTAAATGCCTTTGCAGATCCGAATACTTCTCTAGT  
 GCTTTCTCACAACCTCACTAATATACTCTTGCCCAAGGGTGGTTACACCAA  
 TCCAAAAGCGTGGAACCTATGTTAAAAAGCTACAACATAATATTAATGCTA  
 TCAAATCTTCTAGCTCTTCAGAAGTTTATCAATCAGTTGCAGAAGGAAAA  
 ATGATTGTGGGGCTGACTTACGAAGACCCTAGTGTCAATTTGCAAAAAAG  
 TGGTGCCCAATGTTTCTATTGTATATCCGACAGAAGGGACAGTTTTTGTCC  
 CATCTTCGGTTGCAATTATAAAGAATGCTCCTTCTATGAAAGAAGCAAAG  
 TTATTATTAAATTTTATGCTTTCTTTAGATGTTCAAAATGCCTTTGGGCA  
 GTCAACGAGTAACCGACCTATTTCGTAAAGATGCCCAAACGAGTAATGGCA  
 TGAAAGCTTTAAAGGATATTGCTACTCTTAAAGAAGATTATCGCTATGTC  
 ACTAAGCATAAGGGCCAAATCCTTAAACCTATAATCGTATTTCGTAGAAA  
 TGCTGAT

## SEQ ID NO. 6010

STRAIN 1169NT

ATAGTCAAGCCATTTTAAACAGGAACGATTCAGCTTTTGAGGAAAAATAC  
 GGTATAAAAGTTAAGCTTATTCAAGGTGGGACAGGGCAACTAATAGATAG  
 ATTAAGTAAGGAGGGTAAGCATTGGAAGGCGGATATTTCTTGGAGGAA  
 ATTATACGCAATTTGAAAGTCATAAGGCATTGTTTGAGTCTTACGTATCA  
 AAGAATGTTCACTACTGTTATCCAGACTATATCCATCCAAGTGATACGGC  
 GACACCTTATACTATAAATGGGAGTGTCTTGATTGTAAATAACGAATTAG  
 CTAAGGGACTTACCATCAAGAGTTATGAAGATTTATTACAGCCTTCCTTA  
 AAAGGTAAATTTGCCTTTGCAGATCCGAATACTTCTCTAGTGCTTTCTC  
 ACAACTCACCAATATACTCTTGGCAAAGGGTGGTTACACCAATCCAAAAG  
 CGTGGAACCTATGTTAAAAAGCTACAACATAATATTAATGCTATCAAATCT  
 TCTAGCTCTTCAGAAGTTTATCAATCAGTTGCAGAAGGAAAAATGATTGT  
 GGGGTTGACTTACGAAGACCCTAGTGTCAATTTGCAAAAAAGTGGTGCCA  
 ATGTTTCTATTGTATATCCGACAGAAGGGACAGTTTTTGTCCCATCTTCG  
 GTTGCAATTATAAAGAATGCTCCTTCTATGAAAGAAGCAAAGTTATTTAT  
 TAATTTTATGCTTTCTTTAGATGTTCAAAATGCCTTTGGGCAGTCAACGA  
 GTAACCGACCTATTTCGTAAAGATGCCCAAACGAGTAATGGCATGAAAGCT  
 TTAAAGGATATTGCTACTCTTAAAGAAGATTATCGCTATGTCACCTAAGCA  
 TAAGGGCCAAATCCTTAAACCTATAATCGTATTTCGTAGAAATGCTGAT

## SEQ ID NO. 6011

STRAIN JM91130013

CAGCCTTCTAACTACTTCCACCAAAAGAATTAGT  
 TATTCTAAGTCCAAATAGTCAAGCCATTTTAAACAGGAACGATTCCAGCTT  
 TTGAGGAAAAATACGGTATAAAAGTTAAGCTTATTCAAGGTGGGACAGGG  
 CAACTAATAGATAGATTAAAGTAAGGAGGGTAAGCAGTTGAAGGCGGATGT  
 TTTCTTTGGAGGAAATTATACGCAATTTGAAAGTCATAAGGCATTGTTTG  
 AGTCTTACGTATCAAAGAATGTTCACTACTGTTATTCAGACTATATCCAT  
 CCGAGTGATACGGCGACACCTTATACTATAAATGGGAGTGTCTTGATTGT  
 AAATAACGAATTAGCTAAGGGACTTACCATCAAGAGTTATGAAGATTTAT  
 TACAGCCTTCTTAAAGGTAAATTTGCCTTTGCAGATCCGAATACTTCC  
 TCTAGTGCTTTCTCACAACCTACCAATATACTCTTGCCAAAGGGTGGTTA  
 CACCAATCCAAAAGCGTGGAACCTATGTTAAAAAGCTACAACATAATATTA  
 ATGCTATCAAATCTTCTAGCTCTTCAGAAGTTTATCAATCAGTTGCAGAA  
 GGCAAAATGATTGTGGGGCTGACTTACGAAGACCCTAGTGTCAATTTGCA  
 AAAAAAGTGGTGCCAATGTTTCTATTGTGTATCCGACAGAAGGGACAGTTT  
 TTGTCCCATCTTCGGTTGCAATTATAAAGAATGCTCCTTCTATGAAAGAA  
 GCAAAGTTATTTATTAATTTTATGCTTCTTTAGATGTTCAAAATGCCTT  
 TGGGCAGTCAACGAGTAACCGACCTATTTCGTAAAGATGCCCAAACGAGTA  
 ATGGCATGAAAGCTTTAAAGGATATTGCTACTCTTAAAGAAGATTATCGC  
 TATGTCACTAAGCATAAGGGCCAAATCCTTAAACCTATAATCGTATTTCG  
 TAGAAATGCTGAT

## SEQ ID NO. 6012

## SEQUENCE LISTING

## STRAIN 2603 frame: 1

MKEKQSKRLIYILLVVSIIFISVFTYSISQPSKLLPPKELVILSPNSQAILTGTIPAFEE  
KYGIKVKLIQGGTGQLIDRLSKEGKQLKADIFFGGNYTQFESHKALFESYVSKNVHTVIP  
DYIHPSDTATPYTINGSVLIVNNEAKGLTIKSYEDLLQPSLKGKIAFADPNTSSSAFSQ  
LTNILLAKGGYTNPKAOWNYVKKLQHNINAIKSSSSSEVYQSVAEKGMIVGLTYEDPSVNL  
QKSGANVSIVYPTEGTVFVPSSVAIIKNAIPSMKEAKLFINFMLS LDVQNAFGQSTSNRPI  
RKDAQTSNGMKALKDIATLKEDYRYVTKHKQILKTYNRIRRNAD

## SEQ ID NO. 6013

## STRAIN 090 frame: 1

QPSKLLPPKELVILSPNSQAILTGTIPAFEEKYGIKVKLIQGGTGQLIDRLSKEGKQLKA  
DIFFGGNYTQFESHKALFESYVSKNVHTVIPDYIHPSDTATPYTINGSVLIVNNEAKGL  
TIKSYEDLLQPSLKGKIAFADPNTSSSAFSQLTNILLAKGGYTNPKAOWNYVKKLQHNINA  
IKSSSSSEVYQSVAEKGMIVGLTYEDPSVNLQKSGANVSIVYPTEGTVFVPSSVAIIKNA  
PSMKEAKLFINFMLS LDVQNAFGQSTSNRPIRKDAQTSNGMKALKDIATLKEDYRYVTKH  
KGQILKTYNRIRRNAD

## SEQ ID NO. 6014

## STRAIN A909 frame: 1

QPSKLLPPKELVILSPNSQAILTGTIPAFEEKYGIKVKLIQGGTGQLIDRLSKEGKQLKA  
DIFFGGNYTQFESHKALFESYVSKNIHTVIPDYIHPSDTATPYTINGSVLIVNNEAKGL  
TIKSYEDLLQPSLKGKIAFADPNTSSSAFSQLTNILLAKGGYTNPKAOWNYVKKLQHNINA  
IKSSSSSEVYQSVAEKGMIVGLTYEDPSVNLQKSGANVSIVYPTEGTVFVPSSVAIIKNA  
PSMKEAKLFINFMLS LDVQNAFGQSTSNRPIRKDAQTSNGMKALKDIATLKEDYRYVTKH  
KGQILKTYNRIRRNAD

## SEQ ID NO. 6015

## STRAIN H36B frame: 2

KLLPPKELVILSPNSQAILTGTIPAFEEKYGIKVKLIQGGTGQLIDRLSKEGKQLKADIF  
FGGNYTQFESHKALFESYVSKNIHTVIPDYIHPSDTATPYTINGSVLIVNNEAKGLTIK  
SYEDLLQPSLKGKIAFADPNTSSSAFSQLTNILLAKGGYTNPKAOWNYVKKLQHNINA  
IKSSSEVYQSVAEKGMIVGLTYEDPSVNLQKSGANVSIVYPTEGTVFVPSSVAIIKNA  
PSMKEAKLFINFMLS LDVQNAFGQSTSNRPIRKDAQTSNGMKALKDIATLKEDYRYVTKH  
KGQILKTYNRIRRNAD

## SEQ ID NO. 6016

## STRAIN 18RS21 frame: 1

QPSKLLPPKELVILSPNSQAILTGTIPAFEEKYGIKVKLIQGGTGQLIDRLSKEGKQLKA  
DIFFGGNYTQFESHKALFESYVSKNVHTVIPDYIHPSDTATPYTINGSVLIVNNEAKGL  
TIKSYEDLLQPSLKGKIAFADPNTSSSAFSQLTNILLAKGGYTNPKAOWNYVKKLQHNINA  
IKSSSSSEVYQSVAEKGMIVGLTYEDPSVNLQKSGANVSIVYPTEGTVFVPSSVAIIKNA  
PSMKEAKLFINFMLS LDVQNAFGQSTSNRPIRKDAQTSNGMKALKDIATLKEDYRYVTKH  
KGQILKTYNRIRRNAD

## SEQ ID NO. 6017

## STRAIN M732 frame: 1

QPSKLLPPKELVILSPNSQAILTGTIPAFEEKYGIKVKLIQGGTGQLIDRLSKEGKQLKA  
DIFFGGNYTQFESHKALFESYVSKNVHTVIPDYIHPSDTATPYTINGSVLIVNNEAKGL  
TIKSYEDLLQPSLKGKIAFADPNTSSSAFSQLTNILLAKGGYTNPKAOWNYVKKLQHNINA  
IKSSSSSEVYQSVAEKGMIVGLTYEDPSVNLQKSGANVSIVYPTEGTVFVPSSVAIIKNA  
PSMKEAKLFINFMLS LDVQNAFGQSTSNRPIRKDAQTSNGMKALKDIATLKEDYRYVTKH  
KSQILKTYNRIRRNAD

## SEQ ID NO. 6018

## STRAIN COH1 frame: 1

QPSKLLPPKELVILSPNSQAILTGTIPAFEEKYGIKVKLIQGGTGQLIDRLSKEGKQLKA  
DIFFGGNYTQFESHKALFESYVSKNVHTVIPDYIHPSDTATPYTINGSVLIVNNEAKGL  
TIKSYEDLLQPSLKGKIAFADPNTSSSAFSQLTNILLAKGGYTNPKAOWNYVKKLQHNINA  
IKSSSSSEVYQSVAEKGMIVGLTYEDPSVNLQKSGANVSIVYPTEGTVFVPSSVAIIKNA  
PSMKEAKLFINFMLS LDVQNAFGQSTSNRPIRKDAQTSNGMKALKDIATLKEDYRYVTKH  
KSQILKTYNRIRRNAD

## SEQ ID NO. 6019

## STRAIN M781 frame: 1

## SEQUENCE LISTING

QPSKLLPPKELVILSPNSQAILTGTIPAFEEKYGIKVKLIQGGTGQLIDRLSKEGKQLKA  
 DIFFGGNYTQFESHKALFESYVSKNVHTVIPDYIHPSDTATPYTINGSVLIVNNELAKGL  
 TIKSYEDLLQPSLKGKIAFADPNTSSSAFSQLTNILLAKGGYTNPKAWNYVKKLQHNINA  
 IKSSSSSEVYQSVAEKGMIVGLTYEDPSVNLQKSGANVSIVYPTEGTVFVPSSVAIIKNA  
 PSMKEAKLFINFMLS LVDVQNAFGQSTSNRP IRKDAQTSNGMKALKD IATLKEDYRYVTKH  
 KSQILKTYNRIRRNAD

## SEQ ID NO. 6020

STRAIN CJB110 frame: 1

QPFKLLPPKELVILSPNSQAILTGTIPAFEEKYGIKVKLIQGGTGQLIDRLSKEGKQLKA  
 DIFFGGNYTQFESHKALFESYVSKNVHTVIPDYIHPSDTATPYTINGSVLIVNNELAKGL  
 TIKSYEDLLQPSLKGKIAFADPNTSSSAFSQLTNILLAKGGYTNPKAWNYVKKLQHNINA  
 IKSSSSSEVYQSVAEKGMIVGLTYEDPSVNLQKSGANVSIVYPTEGTVFVPSSVAIIKNA  
 PSMKEAKLFINFMLS LVDVQNAFGQSTSNRP IRKDAQTSNGMKALKD IATLKEDYRYVTKH  
 KGQILKTYNRIRRNAD

## SEQ ID NO. 6021

STRAIN 1169NT frame: 3

SQAILTGTIPAFEEKYGIKVKLIQGGTGQLIDRLSKEGKHLKADIFFGGNYTQFESHKAL  
 FESYVSKNVHTVIPDYIHPSDTATPYTINGSVLIVNNELAKGLTIKSYEDLLQPSLKGKI  
 AFADPNTSSSAFSQLTNILLAKGGYTNPKAWNYVKKLQHNINA IKSSSSSEVYQSVAEKGMIVGLTYEDPSVNLQKSGANVSIVYPTEGTVFVPSSVAIIKNAPSMKEAKLFINFMLS LVDVQNAFGQSTSNRP IRKDAQTSNGMKALKD IATLKEDYRYVTKHKGQILKTYNRIRRNAD

## SEQ ID NO. 6022

STRAIN JM91130013 frame: 1

QPSKLLPPKELVILSPNSQAILTGTIPAFEEKYGIKVKLIQGGTGQLIDRLSKEGKQLKA  
 DVFFGGNYTQFESHKALFESYVSKNVHTVIPDYIHPSDTATPYTINGSVLIVNNELAKGL  
 TIKSYEDLLQPSLKGKIAFADPNTSSSAFSQLTNILLAKGGYTNPKAWNYVKKLQHNINA  
 IKSSSSSEVYQSVAEKGMIVGLTYEDPSVNLQKSGANVSIVYPTEGTVFVPSSVAIIKNA  
 PSMKEAKLFINFMLS LVDVQNAFGQSTSNRP IRKDAQTSNGMKALKD IATLKEDYRYVTKH  
 KGQILKTYNRIRRNAD

## SEQ ID NO. 6101

STRAIN 2603

ATGGTAAAAGTTAGTGTAAGTTCTGTAGGAACCTCAAGCATCAACAGTAGCTATTTCTATG  
 TTTAGTCGTGTATCGGCTTTAAATGATGCAATAACAAAACCTATCATCTTTTGCAGAGGCT  
 GCAACTCTTCAAGGGACTGCTTATTCAAATGCAAAAAGCTATGCTACTGGAACGTTAACT  
 CCGATGCTTCAAGGAATGATTCTTTCTCTGAAACATTGAGTGAGAAATGTACAGAATTA  
 CAAACCTTATATGTCTCAATTTGTGGTGATGAGGATTTAGACTCTGTCTGTTTTAGAAATCA  
 AAATTAGCAAGTGATAGGGCATCATTAAGATTGCTGAAGCACTTTTAGAGCATCTTAAC  
 GATGATCCAGAACCTTCCAAATCTGCCATAAGTTCTACAAAAGTAATATTAATAAATTA  
 AAAAAACGTATAAATCTAATCAAAAGAAATTAGACAACCTTAATGAATTTAACGCCCAT  
 TCAGCAACAGTATTTGCGGACATTTCTAATGCACAGTCAACTGTTAACCAAGCACTAGCG  
 GCTGTTTCAACAGGATTTTCTGGATATAATAGTAAAACCGGAGCTTTTGGAAAACCAACA  
 TCCGGACAGATGGAATGGACAAAGACAGTTAAGAGAATTGGAAAAGAGCGAGAAGACGCC  
 AAAGCTGAAGAACTGAAAAGTAAAAAGGCTGAAGAAAAGTAAGAAAGCTTCAAAAATTGAA  
 AATACTACTAAAAAAGTAATGTTTCAGTTGATAAAAAGAAATTAATAAAGCGGCTAAT  
 GAAGCGTATAAATTAGGAGAAATTAATAAAGATACCTATGAATCAATTATCAGTGGTTTA  
 AGTAATGCATCGGCTGCCTTACTTAAAGAGGTAGCTAAATCAAAATTGACTGACACAGCT  
 CGGCTATTGATG

## SEQ ID NO. 6102

STRAIN 090

TTAAATGATGCAATAACAAAACCTATCATCTTTTGCAGAGGCT  
 GCAACTCTTCAAGGGACTGCTTATTCAAATGCAAAAAGCTATGCTACTGG  
 AACGTTAACTCCGATGCTTCAAGGAATGATTCTTTTCTCTGAAACATTGA  
 GTGAGAAATGTACAGAATTACAAACCTTATATGTCTCAATTTGTGGTGAT  
 GAGGATTTAGACTCTGTCTGTTTTAGAAATCAAAATTAGCAAGTGATAGGGC  
 ATCATTAAGATTGCTGAAGCACTTTTAGAGCATCTTAACGATGATCCAG  
 AACCTTCCAAATCTGCCATAAGTTCTACAAAAGTAATATTAATAAATTA  
 AAAAAACGTATAAATCTAATCAAAAGAAATTAGACAACCTTAATGAATT  
 TAACGCCCATTCAGCAACAGTATTTGCGGACATTTCTAATGCACAGTCAA  
 CTGTTAACCAAGCACTAGCGGCTGTTTCAACAGGATTTTCTGGATATAAT

## SEQUENCE LISTING

AGTAAAACCGGAGCTTTTGGAAAACCAACATCCGGACAGATGGAATGGAC  
 AAAGACAGTTAAGAAGAATTGGAAAGAGCGAGAAGACGCCAAAGCTGAAG  
 AACTGAAAAGTAAAAAGGCTGAAGAAAGTAAGAAAGCTTCAAAAATTGAA  
 AATACTACTAAAAAAGTAATGTTTCAGTTGATAAAAAGAAATTAATAAA  
 AGCGGCTAATGAAGCGTATAAATTAGGAGAAATTAAGAAAGATACCTATG  
 AATCAATTATCAGTGGTTTAAGTAATGCATCGGCTGCCTTACTTAAAGAG  
 GTAGCTAAATCAAAATTGACTGACACAGCTCGGCTATTGATG

## SEQ ID NO. 6103

STRAIN 18RS21

TTAAATGATGCAATAACAAAACCTATCATCTTTTGCAGAGGC  
 TGCAACTCTTCAAGGGGACTGCTTATTCAAATGCAAAAAGCTATGCTACTG  
 GAACGTTAACTCCGATGCTTCAAGGAATGATTCTTTTCTCTGAAACATTG  
 AGTGAGAAATGTACAGAATTACAAACCTTATATGTCTCAATTTGTGGTGA  
 TGAGGATTTAGACTCTGTCTGTTTGAATCAAAATTAGCAAGTGATAGGG  
 CATCATTAAGATTGCTGAAGCACTTTTAGAGCATCTTAACGATGATCCA  
 GAACCTTCCAAATCTGCCATAAGTTCTACAAAAGTAATATTAATAAATT  
 AAAAAACGTATAAAATCTAATCAAAAGAAATTAGACAACCTTAATGAAT  
 TTAACGCCCATTCAGCAACAGTATTTGCGGACATTTCTAATGCACAGTCA  
 ACTGTTAACCAAGCACTAGCGGCTGTTTCAACAGGATTTCTGGATATAA  
 TAGTAAAACCGGAGCTTTTGGAAAACCAACATCCGGACAGATGGAATGGA  
 CAAAGACAGTTAAGAAGAATTGGAAAGAGCGAGAAGACGCCAAAGCTGAA  
 GAACTGAAAAGTAAAAAGGCTGAAGAAAGTAAGAAAGCTTCAAAAATTGA  
 AAATACTACTAAAAAAGTAATGTTTCAGTTGATAAAAAGAAATTAATAA  
 AAGCGGCTAATGAAGCGTATAAATTAGGAGAAATTAAGAAAGATACCTAT  
 GAATCAATTATCAGTGGTTTAAGTAATGCATCGGCTGCCTTACTTAAAGA  
 GGTAGCTAAATCAAAATTGACTGACACAGCTCGGCTATTGATG

## SEQ ID NO. 6104

STRAIN 2603 frame: 1

MVKSVSSVGTQASTVAISMFSRVSAINDAITKLSSFEEAATLQGTAYSNAKSYATGTLT  
 PMLQGMILFSETLSEKCTELQTLTVSICGDEDLDSDVLESKLASDRASLKIAEALLEHLN  
 DDPEPSKSAISSTKSNIKKLKKRIKSNQKKLDNLNEFNHSAATVFADISNAQSTVNQALA  
 AVSTGFSGYNSKTGAFGKPTSGQMEWTKTVKKNWKEREDAKAEELKSKKAEESKKASKIE  
 NTKKSNVSVDDKKLIKAANEAYKLGEIKKDTYESIISGLSNASAALLKEVAKSKLTDTA  
 RLLM

## SEQ ID NO. 6105

STRAIN 090 frame: 1

LNDAITKLSSFEEAATLQGTAYSNAKSYATGTLTPMLQGMILFSETLSEKCTELQTLTVS  
 ICGDEDLDSDVLESKLASDRASLKIAEALLEHLNDDPEPSKSAISSTKSNIKKLKKRIKS  
 NQKKLDNLNEFNHSAATVFADISNAQSTVNQALAAVSTGFSGYNSKTGAFGKPTSGQMEW  
 TKTVMKNWKEREDAKAEELKSKKAEESKKASKIENTTKKSNVSVDDKKLIKAANEAYKLG  
 EIKKDTYESIISGLSNASAALLKEVAKSKLTDARLLM

## SEQ ID NO. 6106

STRAIN 18RS21 frame: 1

LNDAITKLSSFEEAATLQGTAYSNAKSYATGTLTPMLQGMILFSETLSEKCTELQTLTVS  
 ICGDEDLDSDVLESKLASDRASLKIAEALLEHLNDDPEPSKSAISSTKSNIKKLKKRIKS  
 NQKKLDNLNEFNHSAATVFADISNAQSTVNQALAAVSTGFSGYNSKTGAFGKPTSGQMEW  
 TKTVMKNWKEREDAKAEELKSKKAEESKKASKIENTTKKSNVSVDDKKLIKAANEAYKLG  
 EIKKDTYESIISGLSNASAALLKEVAKSKLTDARLLM

## SEQ ID NO. 6201

STRAIN 2603

ATGATTTTAAAAATTTGTCGTGCAGCATATAGTTTACAATGGGGAGGTGTTTACCAATTA  
 GCTTTGCTGGATTATCCTCGAATTAAGGCGTTTGAATTGGAAAGGATAGGAGCTTTCATA  
 GCTTACGAGAAACAATATAAAGAAAACTGAGATACAATGTGACGATAAACATCTCCTC  
 GCAAAAATTTGTTCAATTTTAAATACAATAGTTTACTTTTCCCTATATTCCCAAATAT  
 AGAGAAGCGGCAGCTACTTTTAAATGAGGATGGTATTAGTTTAACTTCTGATTTTTTAAGC  
 CATACATGTACGATTGAACTGCAAACTAATTTTTAAAGAAGGTAAATCTTATCAGCA  
 GTTAAAGCCTTTAATAAGCCTGCTGAACTACTGGTAAAGATAAGAGGAATGCTGCTGGA  
 GACCCTAAAGATTACTTTGACTATGTGATGTTGAACTGGTCAAATACCAATCTGGTTAT  
 CGTTTAGTAATGAAAGATTGTTAGGCAAAGCACCATCTGAACAGGAGTTAACAGTAGGT

## SEQUENCE LISTING

TTTAAGCCAGGGGTCAGTTTTTCATTTTACTTATCAAGATATCATCAATCATCCTGATTCT  
ATTTTGTGATGGTTATCATCCTGCTAAATTAATAATCAGCTTTCTTTAGCAGAACATTTA  
GTTGCATGTGTTATCCCAAACATTATCAAGAAGATTATCAAAGCCTTGTGCCAATGAC  
TTGAAACACAGGGTTTATTATTAGATTACTGTAACGAAACACTTTATGAGTGAATCAA  
AAAGTTTATGATTTTCTTTGTCATTTGGAAATAAA

SEQ ID NO. 6202

STRAIN 090

TGGATTATCCTCTAATTAAGGCGTTTGAATTGGAAAGGATAGGAGCTTTC  
ATAGCTTACGAGAAACAATATAAAAGAAAAATTGAGATACAATGTGACGA  
TAAACATCTCCTCACAAAATTGTTTCATTTTAAATACAATAGTTTAA  
CTTTCCCTATATTCCCAAATATAGAGAAGCGGCAGCTACTTTAATGAG  
GATGGTATTAGTTTAACTTCTGATTTTTAAGCCATACATGTACGATTGA  
AACTGCAAACTAATTTTAAAGAAGGTAAATCTTATCAGCAGTTAAAG  
CCTTTAATAAGCCTGCTGAAGTACTGGTAAATGATAAGAGGAATGCTGCT  
GGAGACCTTAAAGATTACTTTGACTATGTGATGTTGAAGTGGTCAAATAC  
CAATTCGTTTATCGTTTAGTAATGGAAAGATTGTTAGGCAAAGCACCAT  
CTGAACAGGAGTTAACAGTAGCTTTAAGCCAGGGGTCAGCTTTCATTTT  
AATTaTCAAGATATCATCAATCATCCTGATTCTATTTTGTGTTATCA  
TCCTGCTAAAATTAATACTCACTTCTTTAGCAGAACATTTAGTTGCAT  
GTGTTATCCCAAACATTATCAAGAAGATTATCAAAGCCTTGTGCCTAAT  
GACTTGAAACACAGAGTTTATTATTAGATTACTGTAACGAAACACTTTA  
TGAGTGAATCAAAAAGTTTATGATTTTCTTTGTCATTTGGAAATAAA

SEQ ID NO. 6203

STRAIN A909

TTGCTGGATTATCCTCGAATTAAGGCGTTTGAATTGGAAAGGATA  
GGAGCTTTCATAGCTTACGAGAAACAATATAAAAGAAAAATTGAGATACA  
ATGTGACGATAAACATCTCCTCACAAAATTGTTTCATTTTAAATACA  
ATAGTTTACTTTTCCCTATATTCCCAAATATAGAGAAGCGGCAGCTACT  
TTTAATGAGGATGGTATTAGTTTAACTTCTGATTTTTAAGCCATACATG  
TACGATTGAAACTGCAAACTAATTTTAAAGAAGGTAAATCTTATCAG  
CAGTTAAAGCCTTTAATAAGCCTGCTGAAGTACTGGTAAATGATAAGAGG  
AATGCTGCTGGAGACCTTAAAGATTACTTTGACTATGTGATGTTGAAGT  
GTCAAATACCAATTCTGGTTATCGTTTAGTAATGGAAAGATTGTTAGGCA  
AAGCACCATCTGAACAGGAGTTAACAGTAGCTTTTAAAGCCAGGGGTCAGC  
TTTCATTTAATTATCAAGATATCATCAATCATCCTGATTCTATTTTGA  
TGGTTATCATCCTGCTAAAATTAATACTCACTTCTTTAGCAGAACATT  
TAGTTGCATGTGTTATGTTATCCCAAACATTATCAAGAAGATTATCAAAGCCTT  
GTGCCTAATGACTTGAAACACAGAGTTTATTATTAGATTACTGTAACGA  
AACACTTTATGAGTGAATCAAAAAGTTTATGATTTTCTTTGTCATTTGG  
AAAATAAA

SEQ ID NO. 6204

STRAIN H36B

TTAAGGCGTTTGAATTGGAAAGGATAGGAGCTTTCATAGCTTACGAGAAA  
CAATATAAAAGAAAAATTGAGATACAATGTGACGATAAACATCTCCTCAC  
AAAAATTGTTTCATTTTAAATACAATAGTTTACTTTTCCCTATATTTC  
CCAAATATAGAGAAGCGGCAGCTACTTTAATGAGGATGGTATTAGTTTA  
ACTTCTGATTTTTAAGCCATACATGTACGATTGAAACTGCAAACTAAT  
TTTTAAAGAAGGTAAATCTTATCAGCAGTTAAAGCCTTTAATAAGCCTG  
CTGAAGTACTGGTAAATGATAAGAGGAATGCTGCTGGAGACCTTAAAGAT  
TACTTTGACTATGTGATGTTGAAGTGGTCAAATACCAATTCTGGTTATCG  
TTTAGTAATGGAAAGATTGTTAGGCAAAGCACCATCTGAACAGGAGTTAA  
CAGTAGCTTTTAAAGCCAGGGGTCAGCTTTCATTTTAAATTATCAAGATATC  
ATCAATCATCCTGATTCTATTTTGTGTTATCATCCTGCTAAAATTA  
AAATCAACTTCTTTAGCAGAACATTTAGTTGCATGTGTTATCCCAAAC  
ATTATCAAGAAGATTATCAAAGCCTTGTGCCTAATGACTTGAAACACAGA  
GTTTATTATTAGATTACTGTAACGAAACACTTTATGAGTGAATCAAAA  
AGTTTATGATTTTCTTTGTCATTTGGAAATAAA

SEQ ID NO. 6205

STRAIN 18RS21

TTGCTGGATTATCCTCGAATTAAGGCGTT

## SEQUENCE LISTING

TGAATTGGAAAGGATAGGAGCTTTCATAGCTTACGAGAAACAATATAAAA  
 GAAAAACTGAGATACAATGTGACGATAAACATCTCCTCGCAAAAATTGTT  
 CATTTTTTAAATACAATAGTTTTACTTTTCCCTATATTCCCAAATATAG  
 AGAAGCGGCAGCTACTTTTAAATGAGGATGGTATTAGTTTAACTTCTGATT  
 TTTTAAGCCATACATGTACGATTGAAACTGCAAAACTAATTTTAAAGAA  
 GGTAAAATCTTATCAGCAGTTAAAGCCTTTAATAAGCCTGCTGAAGTACT  
 GGTAAGATAAGAGGAATGCTGCTGGAGACCCTAAAGATTACTTTGACT  
 ATGTGATGTTGAACTGGTCAAATACCAATTCTGGTTATCGTTTAGTAATG  
 GAAAGATTGTTAGGCAAAGCACCATCTGAACAGGAGTTAACAGTAGGTTT  
 TAAGCCAGGGGTCAGTTTTCTATTTACTTATCAAGATATCATCAATCATC  
 CTGATTCTATTTTTGATGGTTATCATCCTGCTAAAATTAAAAATCAGCTT  
 TCTTTAGCAGAACATTTAGTTGCATGTGTTATCCCAAAACATTATCAAGA  
 AGATTATCAAAGCCTTGTGCCAATGACTTGAAACACAGGGTTTATTATT  
 TAGATTACTGTAACGAAACACTTTATGAGTGGAATCAAAAAGTTTATGAT  
 TTTCTTTGTCAATTGGAAAATAAA

SEQ ID NO. 6206

STRAIN M732

TTGCTGGATTATCCTCGAATTAAGGCGTT

TGAATTGGAAAGGATAGGAGCTTTCATAGCTTACGAGAAACAATATAAAA  
 GAAAAACTGAGATACAATGTGACGATAAACATCTCCTCGCAAAAATTGTT  
 CATTTTTTAAATACAATAGTTTTACTTTTCCCTATATTCCCAAATATAG  
 AGAAGCGGCAGCTACTTTTAAATGAGGATGGTATTAGTTTAACTTCTGATT  
 TTTTAAGCCATACATGTACGATTGAAACTGCAAAACTAATTTTAAAGAA  
 GGTAAAATCTTATCAGCAGTTAAAGCCTTTAATAAGCCTGCTGAAGTACT  
 GGTAAGATAAGAGGAATGCTGCTGGAGACCCTAAAGATTACTTTGACT  
 ATGTGATGTTGAACTGGTCAAATACCAATTCTGGTTATCGTTTAGTAATG  
 GAAAGATTGTTAGGCAAAGCACCATCTGAACAGGAGTTAACAGTAGGTTT  
 TAAGCCAGGGGTCAGTTTTCTATTTACTTATCAAGATATCATCAATCATC  
 CTGATTCTATTTTTGATGGTTATCATCCTGCTAAAATTAAAAATCAGCTT  
 TCTTTAGCAGAACATTTAGTTGCATGTGTTATCCCAAAACATTATCAAGA  
 AGATTATCAAAGCCTTGTGCCAATGACTTGAAACACAGGGTTTATTATT  
 TAGATTACTGTAACGAAACACTTTATGAGTGGAATCAAAAAGTTTATGAT  
 TTTCTTTGnCATTTGGAAAATAAA

SEQ ID NO. 6207

STRAIN COH1

TTGCTGGAT

TATCCTCGAATTAAGGCGTTTGAATTGGAAAGGATAGGAGCTTTCATAGC  
 TTACGAGAAACAATATAAAGAAAACTGAGATACAATGTGACGATAAAC  
 ATCTCCTCGCAAAAATTGTTTCATTTTTTAAATACAATAGTTTTACTTTT  
 CCCTATATTCCCAAATATAGAGAAGCGGCAGCTACTTTTAAATGAGGATGG  
 TATTAGTTTAACTCTGATTTTTTAAAGCCATACATGTACGATTGAAACTG  
 CAAAATAATTTTTTAAAGAAGGTAAAATCTTATCAGCAGTTAAAGCCTTT  
 AATAAGCCTGCTGAAGTACTGGTAAAAGATAAGAGGAATGCTGCTGGAGA  
 CCCTAAAGATTACTTTGACTATGTGATGTTGAACTGGTCAAATACCAATT  
 CTGGTTATCGTTTAGTAATGGAAAGATTGTTAGGCAAAGCACCATCTGAA  
 CAGGAGTTAACAGTAGGTTTTAAGCCAGGGGTCAGTTTTCTATTTACTTA  
 TCAAGATATCATCAATCATCCTGATTCTATTTTTGATGGTTATCATCCTG  
 CTAAAATTAAAAATCAGCTTTCTTTAGCAGAACATTAGTTGCATGTGTT  
 ATCCCAAAACATTATCAAGAAGATTATCAAAGCCTTGTGCCAATGACTT  
 GAAACACAGGGTTTATTATTAGATTACTGTAACGAAACACTTTATGAGT  
 GGAATCAAAAAGTTTATGATTTTCTTTGGCATTGGAATAAA

SEQ ID NO. 6208

STRAIN M781

TTGCTGGA

TTATCCTCGAATTAAGGCGTTTGAATTGGAAAGGATAGGAGCTTTCATAG  
 CTTACGAGAAACAATATAAAGAAAACTGAGATACAATGTGACGATAAA  
 CATCTCCTCGCAAAAATTGTTTCATTTTTTAAATACAATAGTTTTACTTT  
 TCCCTATATTCCCAAATATAGAGAAGCGGCAGCTACTTTTAAATGAGGATG  
 GTATTAGTTTAACTCTGATTTTTTAAAGCCATACATGTACGATTGAAACT  
 GCAAAACTAATTTTTTAAAGAAGGTAAAATCTTATCAGCAGTTAAAGCCTT  
 TAATAAGCCTGCTGAAGTACTGGTAAAAGATAAGAGGAATGCTGCTGGAG



## SEQUENCE LISTING

ACCCTAAAGATTACTTTGACTATGTGATGTTGAACTGGTCAAATACCAAT  
TCTGGTTATCGTTTAGTAATGGAAAGATTGTTAGGCAAAGCACCATCTGA  
ACAGGAGTTAACAGTAGGTTTAAAGCCAGGGGTCAGTTTTCATTTTACTT  
ATCAAGATATCATCAATCATCCTGATTCTATTTTTGATGGTTATCATCCT  
GCTAAAATTAAAAATCAGCTTTCTTTAGCAGAACATTAGTTGCATGTGT  
TATCCCAAAACATTATCAAGAAGATTATCAAAGCCTTGTGCCCAATGACT  
TGAAACACAGGGTTTATTATTAGATTACTGTAACGAAACACTTTATGAG  
TGGAATCAAAAAGTTTATGATTTTCTTTGTCAATTTGGAAAATAAA

SEQ ID NO. 6209

STRAIN CJB110

TTGCTGGATTATCCTCGAATTAAGGC  
GTTTGAATTGGAAAGGATAGGAGCTTTCATAGCTTACGAGAAACAATATA  
AAAGAAAAATTGAGATACAATGTGACGATAAACATCTCCTCACAAAAATT  
GTTCAATTTTTTAAATACAATAGTTTACTTTTCCCTATATTCCCAAATA  
TAGAGAAGCGGCAGCTACTTTTAAATGAGGATGGTATTAGTTTAACTTCTG  
ATTTTTTAAAGCCATACATGTACGATTGAACTGCAAAACTAATTTTTTAA  
GAAGGTAAATCTTATCAGCAGTTAAAGCCTTTAATAAGCCTGCTGAAGT  
ACTGGTAAATGATAAGAGGAATGCTGCTGGAGACCCTAAAGATTACTTTG  
ACTATGTGATGTTGAACTGGTCAAATACCAATTCTGGTTATCGTTTAGTA  
ATGGAAAGATTGTTAGGCAAAGCACCATCTGAACAGGAGTTAACAGTAGC  
TTTTAAGCCAGGGGTCAGCTTTCATTTTAAATTATCAAGATATCATCAATC  
ATCCTGATTCTATTTTTGATGGTTATCATCCTGCTAAAATTAAAAATCAA  
CTTTCTTTAGCAGAACATTAGTTGCATGTGTTATCCCAAAACATTATCA  
AGAAGATTATCAAAGCCTTGTGCCTAATGACTTGAAACACAGAGTTTATT  
ATTTAGATTACTGTAACGAAACACTTTATGAGTGGAATCAAAAAGTTTAT  
GATTTTCTTTGTCAATTTGGAAAATAAA

SEQ ID NO. 6210

STRAIN 1169NT

AATTAAGGCGTTTGAATTGGAAAGGATAGGAGCTTTCATAGCTTACGAGA  
AACAATATAAAAGAAAACTGAGATACAATGTGACGATAAACATCTCCTC  
GCAAAAATTGTTCAATTTTTTAAATACAATAGTTTACTTTTCCCTATAT  
TCCCAAATATAGAGAAGCGGCAGCTACTTTTAAATGAGGATGGTATTAGTT  
TAACTTCTGATTTTTTAAAGCCATACATGTACGATTGAACTGCAAACTA  
ATTTTTAAAGAAGGTAAATCTTATCAGCAGTTAAAGCCTTTAATAAGCC  
TGCTGAAGTACTGGTAAATGATAAGAGGAATGCTGCTGGAGACCCTAAAG  
ATTACTTTGACTATGTGATGTTGAACTGGTCAAATACCAATTCTGGTTAT  
CGTTTAGTAATGAAAGATTGTTAGGCAAAGCACCATCTGAACAGGAGTT  
AACAGTAGGTTTTAAGCCAGGGGTCAGCTTTCATTTTACTTATCAAGATA  
TCATCAATCATCCTGATTCTATTTTTGATGGTTATCATCCTGCTAAAATT  
AAAAATCAGCTTTCTTTTAGCAGAACATTAGTTGCGTGTGTTATCCCAAA  
ACATTATCAAGAAGATTATCAAATCTTGTGCCCAATGACTTGAAACACA  
GAGTTTATTATTAGATTACTGTAACGAAACACTTTATGAGTGGAATCAA  
AAAGTTTATGATTTCTTTGTCAATTTGGAAAATAAA

SEQ ID NO. 6211

STRAIN JM9130013

ATAGGAGCTTTCATAGCTTACGAGAAACAATATAAAAGAAAAATTGAGAT  
ACAATGTGACGATAAACATCTCCTCACAAAAATTGTTCAATTTTTTAAAT  
ACAATAGTTTTACTTTTCCCTATATTCCCAAATATAGAGAAGCGGCAGCT  
ACTTTTAAATGAGGATGGTATTAGTTTAACTTCTGATTTTTTAAAGCCATAC  
ATGTACGATTGAACTGCAAACTAATTTTTAAAGAAGGTAAATCTTAT  
CAGCAGTTAAAGCCTTTAATAAGCCTGCTGAAGTACTGGTAAATGATAAG  
AGGAATGCTGCTGGAGACCCTAAAGATTACTTTGACTATGTGATGTTGAA  
CTGGTCAAATACCAATTCTGGTTATCGTTTAGTAATGGAAGATTGTTAG  
GCAAAGCACCATCTGaACAGGAGTTAACAGTAGCTTTTAAAGCCAGGGGTC  
AGCTTTCATTTTAAATTATCAAGATATCATCAATCATCCTGATTCTATTTT  
TGATGGTTATCATCCTGCTAAAATTAAAAATCAACTTTCTTTAGCAGAAC  
ATTTAGTTGCATGTGTTATCCCAAAACATTATCAAGAAGATTATCAAAGC  
CTTGTGCCTAATGACTTGAAACACAGAGTTTATTATTAGATTACTGTAA  
CGAAACACTTTATGAGTGGAATCAAAAAGTTTATGATTTTCTTTGTCAAT  
TGGAAAATAAA

## SEQUENCE LISTING

## SEQ ID NO. 6212

STRAIN 2603 frame: 1

MILKICRAAYSLOWGGVYQLALLDYPRIKAFELERIGAFIAYEKQYKRKTEIQDDKHLL  
AKIVHFLKYNSTFPYIPKYREAAATFNEDGISLTSDFLSHTCTIETAKLIFKEGKILSA  
VKA FNKPAEVLVKDKRNAAGDPKDYFDYVMLNWSNTNSGYRLVMERLLGKAPSEQELTVG  
FKPGVSFHFTYQDIINHPDSIFDGYHPAKIKNQLSLAEHLVACVIPKHYQEDYQSLVPND  
LKHRVYYLDYCNETLYEWNQKVYDFLCHLENK

## SEQ ID NO. 6213

STRAIN A909 frame: 1

LLDYPRIKAFELERIGAFIAYEKQYKRKIEIQDDKHLLTKIVHFLKYNSTFPYIPKYR  
EAAATFNEDGISLTSDFLSHTCTIETAKLIFKEGKILSAVKAFNKP AEVLVNDKRNAAGD  
PKDYFDYVMLNWSNTNSGYRLVMERLLGKAPSEQELTVAFKPGVSFHFTYQDIINHPDSI  
FDGYHPAKIKNQLSLAEHLVACVIPKHYQEDYQSLVPNDLKHRVYYLDYCNETLYEWNQK  
VYDFLCHLENK

## SEQ ID NO. 6214

STRAIN H36B frame: 3

KAFELERIGAFIAYEKQYKRKIEIQDDKHLLTKIVHFLKYNSTFPYIPKYREAAATFN  
EDGISLTSDFLSHTCTIETAKLIFKEGKILSAVKAFNKP AEVLVNDKRNAAGDPKDYFDY  
VMLNWSNTNSGYRLVMERLLGKAPSEQELTVAFKPGVSFHFTYQDIINHPDSIFDGYHPA  
KIKNQLSLAEHLVACVIPKHYQEDYQSLVPNDLKHRVYYLDYCNETLYEWNQKVYDFLCH  
LENK

## SEQ ID NO. 6215

STRAIN 18RS21 frame: 1

LLDYPRIKAFELERIGAFIAYEKQYKRKTEIQDDKHLLAKIVHFLKYNSTFPYIPKYR  
EAAATFNEDGISLTSDFLSHTCTIETAKLIFKEGKILSAVKAFNKP AEVLVKDKRNAAGD  
PKDYFDYVMLNWSNTNSGYRLVMERLLGKAPSEQELTVGFKPGVSFHFTYQDIINHPDSI  
FDGYHPAKIKNQLSLAEHLVACVIPKHYQEDYQSLVPNDLKHRVYYLDYCNETLYEWNQK  
VYDFLCHLENK

## SEQ ID NO. 6216

STRAIN M732 frame: 1

LLDYPRIKAFELERIGAFIAYEKQYKRKTEIQDDKHLLAKIVHFLKYNSTFPYIPKYR  
EAAATFNEDGISLTSDFLSHTCTIETAKLIFKEGKILSAVKAFNKP AEVLVKDKRNAAGD  
PKDYFDYVMLNWSNTNSGYRLVMERLLGKAPSEQELTVGFKPGVSFHFTYQDIINHPDSI  
FDGYHPAKIKNQLSLAEHLVACVIPKHYQEDYQSLVPNDLKHRVYYLDYCNETLYEWNQK  
VYDFLXHLENK

## SEQ ID NO. 6217

STRAIN COH1 frame: 1

LLDYPRIKAFELERIGAFIAYEKQYKRKTEIQDDKHLLAKIVHFLKYNSTFPYIPKYR  
EAAATFNEDGISLTSDFLSHTCTIETAKLIFKEGKILSAVKAFNKP AEVLVKDKRNAAGD  
PKDYFDYVMLNWSNTNSGYRLVMERLLGKAPSEQELTVGFKPGVSFHFTYQDIINHPDSI  
FDGYHPAKIKNQLSLAEHLVACVIPKHYQEDYQSLVPNDLKHRVYYLDYCNETLYEWNQK  
VYDFLWHLLENK

## SEQ ID NO. 6218

STRAIN M781 frame: 1

LLDYPRIKAFELERIGAFIAYEKQYKRKTEIQDDKHLLAKIVHFLKYNSTFPYIPKYR  
EAAATFNEDGISLTSDFLSHTCTIETAKLIFKEGKILSAVKAFNKP AEVLVKDKRNAAGD  
PKDYFDYVMLNWSNTNSGYRLVMERLLGKAPSEQELTVGFKPGVSFHFTYQDIINHPDSI  
FDGYHPAKIKNQLSLAEHLVACVIPKHYQEDYQSLVPNDLKHRVYYLDYCNETLYEWNQK  
VYDFLCHLENK

## SEQ ID NO. 6219

STRAIN CJB110 frame: 1

LLDYPRIKAFELERIGAFIAYEKQYKRKIEIQDDKHLLTKIVHFLKYNSTFPYIPKYR  
EAAATFNEDGISLTSDFLSHTCTIETAKLIFKEGKILSAVKAFNKP AEVLVNDKRNAAGD  
PKDYFDYVMLNWSNTNSGYRLVMERLLGKAPSEQELTVAFKPGVSFHFTYQDIINHPDSI  
FDGYHPAKIKNQLSLAEHLVACVIPKHYQEDYQSLVPNDLKHRVYYLDYCNETLYEWNQK  
VYDFLCHLENK

## SEQUENCE LISTING

## SEQ ID NO. 6220

STRAIN 1169NT frame: 2

IKAFELERIGAFIAYEKQYKRKTEIQDDKHLLAKIVHFLKYNSTFFPYIPKYREAAATF  
 NEDGISLTSDFLSHTCTIETAKLIFKEGKILSAVKAFNKPAEVLVNDKRNAAGDPKDYFD  
 YVMLNWSNTNSGYRLVMERLLGKAPSEQELTVGFKPGVSFHFYQDIINHPDSIFDGYHP  
 AKIKNQLSLAEHLVACVIPKHYQEDYQNLVPNDLKHRVYYLDYCNETLYEWNQKVYDFLC  
 HLENK

## SEQ ID NO. 6221

STRAIN JM9130013 frame: 1

IGAFIAYEKQYKRKIEIQDDKHLLTKIVHFLKYNSTFFPYIPKYREAAATFNEDGISLT  
 SDFLSHTCTIETAKLIFKEGKILSAVKAFNKPAEVLVNDKRNAAGDPKDYFDYVMLNWSN  
 TNSGYRLVMERLLGKAPSEQELTVAFKPGVSFHFNYQDIINHPDSIFDGYHPAKIKNQLS  
 LAEHLVACVIPKHYQEDYQSLVPNDLKHRVYYLDYCNETLYEWNQKVYDFLCHLENK

## SEQ ID NO. 6222

STRAIN 090 frame: 3

DYPLIKAFELERIGAFIAYEKQYKRKIEIQDDKHLLTKIVHFLKYNSTFFPYIPKYREA  
 AATFNEDGISLTSDFLSHTCTIETAKLIFKEGKILSAVKAFNKPAEVLVNDKRNAAGDPK  
 DYFDYVMLNWSNTNSGYRLVMERLLGKAPSEQELTVAFKPGVSFHFNYQDIINHPDSIFD  
 GYHPAKIKNQLSLAEHLVACVIPKHYQEDYQSLVPNDLKHRVYYLDYCNETLYEWNQKVY  
 DFLCHLENK

## SEQ ID NO. 6301

STRAIN 2603

ATGAAAAGTCGAAAAAAGATAAATTGGTATTGAGGTTAACAACAACACTATTGGTTTTT  
 GGTTTGGGTGGGGTTTGGTTTTATAATTATAAAAATGATAATGTCGAACCGACAGTCACT  
 AGTGCATCGGATCAAACGACGACTTTTATTCAAACGATTTCTCCAACAGCTATTGAAATT  
 TCTAAGACCTATGATTGTATGCGTCAGTCTTATTAGCACAAAGCTATTTTGAATCATCC  
 AGTGGACAATCAGATTGTCTAAGGCTCCTAATTATAACCTCTTTGGCATCAAAGGAGAA  
 TATAAAGGTAAATCTGTCCAAATGCCTACTTTAGAAGATGATGGGAAAGGCAATATGACT  
 CAAATCCAAGCTCCTTTTCGCGCCTATCCAAATTATTCTGCTTCACTATATGATTATGCT  
 GAGTTAGTATCTAGTCAAAGTATGCATCTGTTTGGAAATCAAATACCTCTTCTTATAAG  
 GATGCTACTGCGAGCTTAACAGGTCTTTATGCGACAGATACTGCTTAGCTAGTAAATTA  
 AACCAATTATTGAAACCTACAGTCTAGATGCTTATGATAAA

## SEQ ID NO. 6302

STRAIN 090

GGGGTTTGGTTTTTATAATTATAA  
 AAATGATAATGTGCAACCGACAGTCACTAGTGCATCGGATCAAACGACGA  
 CTTTTATTCAAACGATTTCTCCAACAGCTATTGAAATTTCTAAGACCTAT  
 GATTTGTATGCGTCAGTCTTATTAGCACAAAGCTATTTTGAATCATCCAG  
 TGGACAATCAGATTTGTCTAAGGCTCCTAATTATAACCTCTTTGGCATCA  
 AAGGAGAATATAAAGGTAAATCTGTCCAAATGCCTACTTTAGAAGATGAT  
 GGGAAAGGCAATATGACTCAAATCCAAGCTCCTTTTCGCGCCTATCCAAA  
 TTATTCTGCTTCACTATATGATTATGCTGAGTTAGTATCTAGTCAAAAGT  
 ATGCATCTGTTTGGAAATCAAATACCTCTTCTTATAAGGATGCTACTGCA  
 GCTCTAACAGGTCTTTATGCGACAGATACTGCTTATGCTAGTAAATTAAA  
 CCAAATTATTGAAACCTACAGTCTAGATGCTTATGATAAA

## SEQ ID NO. 6303

STRAIN A909

GGGGTTTGGTTTTTATAATTATAA  
 AAATGATAATGTGCAACCGACAGTCACTAGTGCATCGGATCAAACGACGA  
 CTTTTATTCAAACGATTTCTCCAACAGCTATTGAAATTTCTAAGACCTAT  
 GATTTGTATGCGTCAGTCTTATTAGCACAAAGCTATTTTGAATCATCCAG  
 TGGACAATCAGATTTGTCTAAGGCTCCTAATTATAACCTCTTTGGCATCA  
 AAGGAGAATATAAAGGTAAATCTGTCCAAATGCCTACTTTAGAAGATGAT  
 GGGAAAGGCAATATGACTCAAATCCAAGCTCCTTTTCGCGCCTATCCAAA  
 TTATTCTGCTTCACTATATGATTATGCTGAGTTAGTATCTAGTCAAAAGT  
 ATGCATCTGTTTGGAAATCAAATACTTCTTCTTATAAGGATGCTACTGCA  
 GCTCTAACAGGTCTTTATGCGACAGATACTGCTTATGCTAGTAAATTAAA  
 CCAAATTATTGAAACCTACAGTCTAGATGCTTATGATAAA

## SEQUENCE LISTING

## SEQ ID NO. 6304

STRAIN H36B

GGGGTTTGGTTTTATAATTATAAAAAATGATA  
ATGTCGAACCGACAGTCACTAGTGCATCGGATCAAACGACGACTTTTATT  
CAAACGATTTCTCCAACAGCTATTGAAATTTCTAAGACCTATGATTGTGA  
TGCGTCAGTCTTATTAGCACAAGCTATTTTGGGAATCATCCAGTGGACAAT  
CAGATTTGTCTAAGGCTCCTAATTATAACCTCTTTGGCATCAAAGGAGAA  
TATAAAGGTAAATCTGTCCAAATGCCTACTTTAGAAGATGATGGGAAAGG  
CAATATGACTCAAATCCAAGCTCCTTTTCGCGCCTATCCAAATTATTCTG  
CTTCACTATATGATTATGCTGAGTTAGTATCTAGTCAAAAGTATGCATCT  
GCTTGGAAATCAAATACTTCTTCTATAAGGATGCTACTGCAGCTCTAAC  
AGGTCTTTATGCGACAGATACTGCTTATGCTAGTAAATTAAACCAAATTA  
TTGAAACCTACAGTCTAGATGCTTATGATAAA

## SEQ ID NO. 6305

STRAIN 18RS21

GGGGTTTGGTTTTATAATTATAAAAAATGATAATG  
TCGAACCGACAGTCACTAGTGCATCGGATCAAACGACGACTTTTATTCAA  
ACGATTTCTCCAACAGCTATTGAAATTTCTAAGACCTATGATTTGTATGC  
GTCAGTCTTATTAGCACAAGCTATTTTGGGAATCATCCAGTGGACAATCAG  
ATTTGTCTAAGGCTCCTAATTATAACCTCTTTGGCATCAAAGGAGAATAT  
AAAGGTAAATCTGTCCAAATGCCTACTTTAGAAGATGATGGGAAAGGCAA  
TATGACTCAAATCCAAGCTCCTTTTCGCGCCTATCCAAATTATTCTGCTT  
CACTATATGATTATGCTGAGTTAGTATCTAGTCAAAAGTATGCATCTGTT  
TGGAATCAAATACCTCTTCTTATAAGGATGCTACTGCAGCTCTAACAGG  
TCTTTATGCGACAGATACTGCTTATGCTAGTAAATTAAACCAAATTATTG  
AAACCTACAGTCTAGATGCTTATGATAAA

## SEQ ID NO. 6306

STRAIN M732

GGGGTTTGGTTTTATAATTATAA  
AAATGATAATGTGCGAACCGACAGTCACTAGTGCATCGGATCAAACGACGA  
CTTTTATTCAAACGATTTCTCCAACAGCTATTGAAATTTCTAAGACCTAT  
GATTTGTATGCGTCAGTCTTATTAGCACAAGCTATTTTGGGAATCATCCAG  
TGGACAATCAGATTTGTCTAAGGCTCCTAATTATAACCTCTTTGGCATCA  
AAGGAGAAATATAAAGGTAAATCTGTCCAAATGCCTACTTTAGAAGATGAT  
GGGAAAGGCAATATGACTCAAATCCAAGCTCCTTTTCGCGCCTATCCAAA  
TTATTCTGCTTCACTATATGATTATGCTGAGTTAGTATCTAGTCAAAAGT  
ATGCATCTGTTTGGAAATCAAATACTTCTTCTTATAAGGATGCTACTGCA  
GCTCTAACAGGTCTTTATGCGACAGATACTGCTTATGCTAGTAAATTAAA  
CCAAATTATTGAAACCTACAGTCTAGATGCTTATGATAAA

## SEQ ID NO. 6307

STRAIN COH1

GGGGTTTGGTTTTATAATTATAA  
AAATGATAATGTGCGAACCGACAGTCACTAGTGCATCGGATCAAACGACGA  
CTTTTATTCAAACGATTTCTCCAACAGCTATTGAAATTTCTAAGACCTAT  
GATTTGTATGCGTCAGTCTTATTAGCACAAGCTATTTTGGGAATCATCCAG  
TGGACAATCAGATTTGTCTAAGGCTCCTAATTATAACCTCTTTGGCATCA  
AAGGAGAAATATAAAGGTAAATCTGTCCAAATGCCTACTTTAGAAGATGAT  
GGGAAAGGCAATATGACTCAAATCCAAGCTCCTTTTCGCGCCTATCCAAA  
TTATTCTGCTTCACTATATGATTATGCTGAGTTAGTATCTAGTCAAAAGT  
ATGCATCTGTTTGGAAATCAAATACTTCTTCTTATAAGGATGCTACTGCA  
GCTCTAACAGGTCTTTATGCGACAGATACTGCTTATGCTAGTAAATTAAA  
CCAAATTATTGAAACCTACAGTCTAGATGCTTATGATAAA

## SEQ ID NO. 6308

STRAIN M781

GGGGTTTGGTTTTATAATTATAAAAAATGA  
TAATGTCGAACCGACAGTCACTAGTGCATCGGATCAAACGACGACTTTTA  
TTCAAACGATTTCTCCAACAGCTATTGAAATTTCTAAGACCTATGATTGT  
TATGCGTCAGTCTTATTAGCACAAGCTATTTTGGGAATCATCCAGTGGACA  
ATCAGATTTGTCTAAGGCTCCTAATTATAACCTCTTTGGCATCAAAGGAG  
AATATAAAGGTAAATCTGTCCAAATGCCTACTTTAGAAGATGATGGGAAA

## SEQUENCE LISTING

GGCAATATGACTCAAATCCAAGCTCCTTTTCGCGCCTATCCAAATTATTC  
TGCTTCACTATATGATTATGCTGAGTTAGTATCTAGTCAAAGTATGCAT  
CTGTTTGGAAATCAAATACTTCTTCTTATAAGGATGCTACTGCAGCTCTA  
ACAGGTCTTTATGCGACAGATACTGCTTATGCTAGTAAATTAAACCAAAT  
TATTGAAACCTACAGTCTAGATGCTTATGATAAA

## SEQ ID NO. 6309

STRAIN CJB110

GGGGTTTGGTTTTATAATTATAAAAAATGATAATGT  
CGAACCGACAGTCACTAGTGCATCGGATCAAACGACGACTTTTTATTCAAA  
CGATTTCTCCAACAGCTATTGAAATTTCTAAGACCTATGATTGTATGCG  
TCAGTCTTATTAGCACAAGCTATTTTGGAAATCATCCAGTGGACAATCAGA  
TTTGTCTAAGGCTCCTAATTATAACCTCTTTGGCATCAAAGGAGAATATA  
AAGGTAAATCTGTCCAAATGCCTACTTTAGAAGATGATGGGAAAGGCAAT  
ATGACTCAAATCCAAGCTCCTTTTCGCGCCTATCCAAATTATTCGTCTTC  
ACTATATGATTATGCTGAGTTAGTATCTAGTCAAAGTATGCATCTGTTT  
GGAAATCAAATACCTCTTCTTATAAGGATGCTACTGCAGCTCTAACAGGT  
CTTTATGCGACAGATACTGCTTATGCTAGTAAATTAAACCAAATTATTGA  
AACCTACAGTCTAGATGCTTATGATAAA

## SEQ ID NO. 6310

STRAIN 1169NT

GGGGTTTGGTTTTATAATTATAAAAAATGATAATGT  
CGAACAGACAGTCACTAGTGCATCGGATCAAACGACGACTTTTTATTCAAA  
CGATTTCCCCAACAGCTATTGAAATTTCTAAGACCTATGATTGTATGCG  
TCAGTCTTATTAGCACAAGCTATTTTGGAAATCATCCAGTGGACAATCAGA  
TTTGTCTAAGGCTCCTAATTATAACCTCTTTGGCATCAAAGGAGAATATA  
AAGGTAAATCTGTCCAAATGCCTACTTTAGAAGATGATGGGAAAGGCAAT  
ATGACTCAAATCCAAGCTCCTTTTCGCGCCTATCCAAATTATTCGTCTTC  
ACTATATGATTATGCTGAGTTAGTATCTAGTCAAAGTATGCATCTGTTT  
GGAAATCAAATACCTCTTCTTATAAGGATGCTACTGCAGCTCTAACAGGT  
CTTTATGCGACAGATACTGCTTATGCTAGTAAATTAAACCAAATTATTGA  
AACCTACAGTCTAGATGCTTATGATAAA

## SEQ ID NO. 6311

STRAIN JM9130013

TTTGGTTTTATAATTATAAAAAATGATAATGT  
CGAACCGACAGTCACTAGTGCATCGGATCAAACGACGACTTTTTATTCAAA  
CGATTTCCCCAACAGCTATTGAAATTTCTAAGACCTATGATTGTATGCG  
TCAGTCTTATTAGCACAAGCTATTTTGGAAATCATCCAGTGGACAATCAGA  
CTATTTTGGAAATCATCCAGTGGACAATCAGATTTGTCTAAGGCTCCTAAT  
TATAACCTCTTTGGCATCAAAGGAGAATATAAAGGTAAATCTGTTCAAAT  
GCCTACTTTAGAAGATGATGGGAAAGGTAATATGACCCAAATCCAAGCTC  
CTTTTCGCGCCTATCCAAATTATTCGTCTCACTATATGATTATGCTGAG  
TTAGTATCTAGTCAAAGTATGCATCTGTTTGGAAATCAAATACCTCTTC  
TTATAAGGATGCTACTGCAGCTCTAACAGGTCTTTATGCGACAGATACTG  
CTTATGCTAGTAAATTAAACCAAATTATTGAAACTACAGTCTAGATGCT  
TATGATAAA

## SEQ ID NO. 6312

STRAIN 2603 frame: 1

MKSRKKDKLVLRLTTLLVFLGGVWFYNYKNDNVEPTVTSASDQTTTFIQTISP  
TAIEISKTYDLYASVLLAQAILESSSGQSDLSKAPNYNLFGIKGEYKGSVQ  
MPTLEDDGKGNMTQIQAPFRAYPNYSASLYDYAELVSSQKYASVWKSNTSS  
YKDATAALTGLYATDTAYASKLNQIIETYS  
LDAYDK

## SEQ ID NO. 6313

STRAIN 090 frame: 1

GVWFYNYKNDNVEPTVTSASDQTTTFIQTISP  
TAIEISKTYDLYASVLLAQAILESSSGQSDLSKAPNYNLFGIKGEYKGSVQ  
MPTLEDDGKGNMTQIQAPFRAYPNYSASLYDYAELVSSQKYASVWKSNTSS  
YKDATAALTGLYATDTAYASKLNQIIETYS  
LDAYDK

## SEQ ID NO. 6314

STRAIN A909 frame: 1

GVWFYNYKNDNVEPTVTSASDQTTTFIQTISP  
TAIEISKTYDLYASVLLAQAILESSSGQSDLSKAPNYNLFGIKGEYKGSVQ  
MPTLEDDGKGNMTQIQAPFRAYPNYSASLYDYAELVSSQKYASVWKSNTSS  
YKDATAALTGLYATDTAYASKLNQIIETYS  
LDAYDK

## SEQUENCE LISTING

SDLSKAPNYNLFGIKGEYKGSVQMPTLEDDGKGNMTQIQAPFRAYPNYSASLYDYAELV  
SSQKYASAWKSNNTSSYKDATAALTGLYATDTAYASKLNQIIETYSLDAYDK

## SEQ ID NO. 6315

STRAIN H36B frame: 1

GVWFYNYKNDNVEPTVTSASDQTTTFTQITISPTAIEISKTYDLYASVLLAQAILESSSGQ  
SDLSKAPNYNLFGIKGEYKGSVQMPTLEDDGKGNMTQIQAPFRAYPNYSASLYDYAELV  
SSQKYASAWKSNNTSSYKDATAALTGLYATDTAYASKLNQIIETYSLDAYDK

## SEQ ID NO. 6316

STRAIN 18RS21 frame: 1

GVWFYNYKNDNVEPTVTSASDQTTTFTQITISPTAIEISKTYDLYASVLLAQAILESSSGQ  
SDLSKAPNYNLFGIKGEYKGSVQMPTLEDDGKGNMTQIQAPFRAYPNYSASLYDYAELV  
SSQKYASVWKSNTSSYKDATAALTGLYATDTAYASKLNQIIETYSLDAYDK

## SEQ ID NO. 6317

STRAIN M732 frame: 1

GVWFYNYKNDNVEPTVTSASDQTTTFTQITISPTAIEISKTYDLYASVLLAQAILESSSGQ  
SDLSKAPNYNLFGIKGEYKGSVQMPTLEDDGKGNMTQIQAPFRAYPNYSASLYDYAELV  
SSQKYASVWKSNTSSYKDATAALTGLYATDTAYASKLNQIIETYSLDAYDK

## SEQ ID NO. 6318

STRAIN M781 frame: 1

GVWFYNYKNDNVEPTVTSASDQTTTFTQITISPTAIEISKTYDLYASVLLAQAILESSSGQ  
SDLSKAPNYNLFGIKGEYKGSVQMPTLEDDGKGNMTQIQAPFRAYPNYSASLYDYAELV  
SSQKYASVWKSNTSSYKDATAALTGLYATDTAYASKLNQIIETYSLDAYDK

## SEQ ID NO. 6319

STRAIN CJB110 frame: 1

GVWFYNYKNDNVEPTVTSASDQTTTFTQITISPTAIEISKTYDLYASVLLAQAILESSSGQ  
SDLSKAPNYNLFGIKGEYKGSVQMPTLEDDGKGNMTQIQAPFRAYPNYSASLYDYAELV  
SSQKYASVWKSNTSSYKDATAALTGLYATDTAYASKLNQIIETYSLDAYDK

## SEQ ID NO. 6320

STRAIN 1169NT frame: 1

GVWFYNYKNDNVEPTVTSASDQTTTFTQITISPTAIEISKTYDLYASVLLAQAILESSSGQ  
SDLSKAPNYNLFGIKGEYKGSVQMPTLEDDGKGNMTQIQAPFRAYPNYSASLYDYAELV  
SSQKYASVWKSNTSSYKDATAALTGLYATDTAYASKLNQIIETYSLDAYDK

## SEQ ID NO. 6321

STRAIN JM9130013 frame: 3

WFYNYKNDNVEPTVTSASDQTTTFTQITISPTAIEISKTYDLYASVLLAQAILESSSGQSD  
LSKAPNYNLFGIKGEYKGSVQMPTLEDDGKGNMTQIQAPFRAYPNYSASLYDYAELVSS  
QKYASVWKSNTSSYKDATAALTGLYATDTAYASKLNQIIENYSLDAYDK

## SEQ ID NO. 6401

STRAIN 2603

ATGAACAAGTCTAAGAAAAATCGAAAATTATCAATTATTATTACTACAAGCGCAAGCTCTA  
TTCTCAGATGAAACAAATGCTCTTGCCAACTTATCAAATGCTTCAGCTATGCTAAATGCT  
ATGCTTCCAAATTCTGTATTTACAGGCTTTTATTTATTTGATGGAGAAGAGTTAATTCTT  
GGCCCTTTCCAGGGTGGTGTATCATGTGTGCATATTACTTTAGGAAAAGGTGTTTGTGGT  
GAATCTGCACAAACTGCTAAGACGCTGATCGTTGATGATGTTACAAAGCATGCTAACTAT  
ATCTCCTGTGATTCAAAGCTATGAGTGAAATCGTAGTACCTATGTTTAAAAATGGCAA  
CTTCTAGGAGTTCTAGATTTAGATTCTTCTTTAGTAGCAGATTATGATGAGATTGATCAA  
GAATACTTAGAAAAATTTGTAGGTATTCTAGTAGAACATACGATTGGAATTTGGATATG  
TTTGGAGTTGAAAAG

## SEQ ID NO. 6402

STRAIN 090

CTCTATTCTCAGATGAAACAAATGCTCTTGCCAACTTA  
TCAAATGCTTCAGCTATGCTAAATGCTATGCTTCCAAATTCTGTATTTAC  
AGGCTTTTATTTATTTGATGGAAAGGAGTTAATTCTTGCCCTTTCCAGG  
GTGGTGTATCATGTGTGCATATTACTTTAGGAAAAGGTGTTTGTGGTGAA  
TCTGCACAAACTGCTAAGACGCTGATTGTTGATGATGTTACAAAGCATGC

## SEQUENCE LISTING

TAACATATATCTCCTGTGATTCAAAGCTATGAGTGAAATCGTAGTACCTA  
TGTTTAAAAATGGCAAACCTTCTAGGAGTTCTAGATTAGATTCTTTTA  
GTAGCAGATTATGATGAGATTGATCAAGAATACTTAGAAAAATTGTAGG  
TATTCTAGTAGAACATACGATTTGGAATTTGGATA

## SEQ ID NO. 6403

STRAIN A909

CTCTATTCTCAGATGAAACAAATGCTCTTGCCAA  
CTTATCAAATGCTTCAGCTATGCTAAATGCTATGCTTCCAAATTCTGTAT  
TTACAGGCTTTTATTTATTTGATGGAGAAGAGTTAATTCTTGCCCTTTC  
CAGGGTGGTGTATCATGTGTGCATATTACTTTAGGAAAAGGTGTTTGTGG  
TGAATCTGCACAACTGCTAAGACGCTGATCGTTGATGATGTTACAAAGC  
ATGCTAACTATATCTCCTGTGATTCAAAGCTATGAGTGAAATCGTAGTA  
CCTATGTTTAAAAATGGCAAACCTTCTAGGAGTTCTAGATTAGATTCTTC  
TTTAGTAGCAGATTATGATGAGATTGATCAAGAATACTTAGAAAAATTG  
TAGGTATTCTAGTAGAACATACGATTTGGAATTTGGATATGTTTGGAGTT  
GAAAAG

## SEQ ID NO. 6404

STRAIN H36B

CTCTATTCTCAGATGAAACAAATGCTCTTGCC  
CAACTATCAAATGCTTCAGCTATGCTAAATGCTATGCTTCCAAATTCTG  
TATTTACAGGCTTTTATTTATTTGATGGAGAAGAGTTAATTCTTGCCCT  
TTCCAGGGTGGTGTATCATGTGTGCATATTACTTTAGGAAAAGGTGTTT  
TGGTGAATCTGCACAACTGCTAAGACGCTGATCGTTGATGATGTTACAA  
AGCATGCTAACTATATCTCCTGTGATTCAAAGCTATGAGTGAAATCGTA  
GTACCTATGTTTAAAAATGGCAAACCTTCTAGGAGTTCTAGATTAGATT  
TTCTTTAGTAGCAGATTATGATGAGATTGATCAAGAATACTTAGAAAAAT  
TTGTAGGTATTCTAGTAGAACATACGATTTGGAATTTGGATATGTTTGG  
GTTGAAAAG

## SEQ ID NO. 6405

STRAIN 18RS21

CTCTATTCTCAGATGAAACAAATGCTCTTGCCAACTT  
ATCAAATGCTTCAGCTATGCTAAATGCTATGCTTCCAAATTCTGTATTTA  
CAGGCTTTTATTTATTTGATGGAGAAGAGTTAATTCTTGCCCTTTCCAG  
GGTGGTGTATCATGTGTGCATATTACTTTAGGAAAAGGTGTTTGTGGTGA  
ATCTGCACAACTGCTAAGACGCTGATCGTTGATGATGTTACAAAGCATG  
CTAACTATATCTCCTGTGATTCAAAGCTATGAGTGAAATCGTAGTACCT  
ATGTTTAAAAATGGCAAACCTTCTAGGAGTTCTAGATTAGATTCTTCTTT  
AGTAGCAGATTATGATGAGATTGATCAAGAATACTTAGAAAAATTGTAG  
GTATTCTAGTAGAACATACGATTTGGAATTTGGATATGTTTGGAGTTGAA  
AAG

## SEQ ID NO. 6406

STRAIN M732

CTCTATTCTCAGATGAAACAAATGCTCTTGCCAACTT  
ATCAAATGCTTCAGCTATGCTAAATGCTATGCTTCCAAATTCTGTATTTA  
CAGGCTTTTATTTATTTGATGGAGAGGAGTTAATTCTTGCCCTTTTCAG  
GGTGGTGTATCATGTGTGCATATTACTTTAGGAAAAGGTGTTTGTGGTGA  
ATCTGCACAACTGCTAAGACGCTGATTGTTGATGATGTTACAAAGCATG  
CTAACTATATCTCCTGTGATTCAAAGCTATGAGTGAAATCGTAGTACCC  
ATGTTTAAAAATGGCAAACCTTCTAGGAGTTCTAGATTAGATTCTTCTTT  
AGTAGCAGATTATGATGAGATTGATCAAGAATACTTAGAAAAATTGTAG  
GTATTCTAGTAGAACATACGATTTGGAATTTGGATATGTTTGGAGTTGAA  
AAG

## SEQ ID NO. 6407

STRAIN COH1

CTCTATTCTCAGATGAAACAAATGCTCTTGCCAAAC  
TTATCAAATGCTTCAGCTATGCTAAATGCTATGCTTCCAAATTCTGTATT  
TACAGGCTTTTATTTATTTGATGGAGAGGAGTTAATTCTTGCCCTTTTC  
AGGGTGGTGTATCATGTGTGCATATTACTTTAGGAAAAGGTGTTTGTGGT  
GAATCTGCACAACTGCTAAGACGCTGATTGTTGATGATGTTACAAAGCA

## SEQUENCE LISTING

TGCTAACTATATCTCCTGTGATTCAAAGCTATGAGTGAAATCGTAGTAC  
CCATGTTTAAAAATGGCAAACCTTCTAGGAGTTCTAGATTAGATTCTTCT  
TTAGTAGCAGATTATGATGAGATTGATCAAGAATACTTAGAAAAATTTGT  
AGGTATTCTAGTAGAACATACGATTTGGAATTTGGATATGTTTGGAGTTG  
AAAAG

## SEQ ID NO. 6408

STRAIN M781

CTCTATTCTCAGATGAAACAAATGCTCTTGCCAACTT  
ATCAAATGCTTCAGCTATGCTAAATGCTATGCTTCCAAATCTGTATTTA  
CAGGCTTTTATTTATTTGATGGAGAGGAGTTAATCTTGGCCCTTTTCAG  
GGTGGTGTATCATGTGTGCATATTACTTTAGGAAAAGGTGTTTGTGGTGA  
ATCTGCACAAACTGCTAAGACGCTGATTGTTGATGATGTTACAAAGCATG  
CTAACTATATCTCCTGTGATTCAAAGCTATGAGTGAAATCGTAGTACCC  
ATGTTTAAAAATGGCAAACCTTCTAGGAGTTCTAGATTAGATTCTTCTTT  
AGTAGCAGATTATGATGAGATTGATCAAGAATACTTAGAAAAATTTGTAG  
GTATTCTAGTAGAACATACGATTTGGAATTTGGATATGTTTGGAGTTGAA  
AAG

## SEQ ID NO. 6409

STRAIN CJB110

CTCTATTCTCAGATGAAACAAATGCTCTTGCCAACTTA  
TCAAATGCTTCAGCTATGCTAAATGCTATGCTTCCAAATCTGTATTTAC  
AGGCTTTTATTTATTTGATGGAAAGGAGTTAATCTTGGCCCTTTCCAGG  
GTGGTGTATCATGTGTGCATATTACTTTAGGAAAAGGTGTTTGTGGTGAA  
TCTGCACAAACTGCTAAGACGCTGATTGTTGATGATGTTACAAAGCATGC  
TAACATATATCTCCTGTGATTCAAAGCTATGAGTGAAATCGTAGTACCTA  
TGTTTAAAAATGGCAAACCTTCTAGGAGTTCTAGATTAGATTCTTCTTTA  
GTAGCAGATTATGATGAGATTGATCAAGAATACTTAGAAAAATTTGTAGG  
TATTCTAGTAGAACATACGATTTGGAATTTGGATATGTTTGGAGTTGAAA  
AG

## SEQ ID NO. 6410

STRAIN 1169NT

CTCTATTCTCAGATGAAACAAATGCTCTTGCCAACTTA  
TCAAATGCTTCAGCTATGCTAAATGCTATGCTTCCAAATCTGTATTTAC  
AGGCTTTTATTTATTTGATGGAGAAGAGTTAATCTTGGCCCTTTCCAGG  
GTGGTGTATCATGTGTGCATATTACTTTAGGAAAAGGTGTTTGTGGTGAA  
TCTGCACAAACTGCTAAGACGCTGATTGTTGATGATGTTACAAAGCATGC  
TAACATATATCTCCTGTGATTCAAAGCTATGAGTGAAATCGTAGTACCCA  
TGTTTAAAAATGGCAAACCTTCTAGGAGTTCTAGATTAGATTCTTCTTTA  
GTAGCAGATTATGATGAGATTGATCAAGAATACTTAGAAAAATTTGTAGG  
TATTCTAGTAGAACATACGATTTGGAATTTGGATATGTTTGGAGTTGAAA  
AG

## SEQ ID NO. 6411

STRAIN JM9130013

CTCTATTCTCAGATGAAACAAATGCTCTTGCCAACTTA  
TCAAATGCTTCAGCTATGCTAAATGCTATGCTTCCAAATCTGTATTTAC  
AGGCTTTTATTTATTTGATGGAGAAGAGTTAATCTTGGCCCTTTCCAGG  
GTGGTGTATCATGTGTGCATATTACTTTAGGAAAAGGTGTTTGTGGTGAA  
TCTGCACAAACTGCTAAGACGCTGATCGTTGATGATGTTACAAAGCATGC  
TAACATATATCTCCTGTGATTCAAAGCTATGAGTGAAATCGTAGTACCTA  
TGTTTAAAAATGGCAAACCTTCTAGGAGTTCTAGATTAGATTCTTCTTTA  
GTAGCAGATTATGATGAGATTGATCAAGAATACTTAGAAAAATTTGTAGG  
TATTCTAGTAGAACATACGATTTGGAATTTGGATATGTTTGGAGTTGAAA  
AG

## SEQ ID NO. 6412

STRAIN 2603 frame: 1

MNKS KIENYQLLLLQALFSDETNALANLSNASAMLNAMLPNSVFTGFYLF DGEELIL  
GPFQGGVSCVHITLKGVCGESAQTAKT LIVDDVT KHANYISCDKAMSEIVVPMFKNGK  
LLGVL DLDSSLVADYDEIDQEYLEKFVGILVEHTIWNLD MFGVEK

## SEQ ID NO. 6413



## SEQUENCE LISTING

## STRAIN 090 frame: 3

LFSDETNALANLSNASAMLNAMLPNSVFTGFYLFDDGKELILGPFQGGVSCVHITLGKGV  
GESAQTAKTIVDDVTKHANYISCDKAMSEIVVPMFKNGKLLGVLDLDSSLVADYDEID  
QEYLEKFVGILVEHTIWNLD

## SEQ ID NO. 6414

## STRAIN A909 frame: 3

LFSDETNALANLSNASAMLNAMLPNSVFTGFYLFDDGKELILGPFQGGVSCVHITLGKGV  
GESAQTAKTIVDDVTKHANYISCDKAMSEIVVPMFKNGKLLGVLDLDSSLVADYDEID  
QEYLEKFVGILVEHTIWNLD

## SEQ ID NO. 6415

## STRAIN H36B frame: 3

LFSDETNALANLSNASAMLNAMLPNSVFTGFYLFDDGKELILGPFQGGVSCVHITLGKGV  
GESAQTAKTIVDDVTKHANYISCDKAMSEIVVPMFKNGKLLGVLDLDSSLVADYDEID  
QEYLEKFVGILVEHTIWNLD

## SEQ ID NO. 6416

## STRAIN 18RS21 frame: 3

LFSDETNALANLSNASAMLNAMLPNSVFTGFYLFDDGKELILGPFQGGVSCVHITLGKGV  
GESAQTAKTIVDDVTKHANYISCDKAMSEIVVPMFKNGKLLGVLDLDSSLVADYDEID  
QEYLEKFVGILVEHTIWNLD

## SEQ ID NO. 6417

## STRAIN M732 frame: 3

LFSDETNALANLSNASAMLNAMLPNSVFTGFYLFDDGKELILGPFQGGVSCVHITLGKGV  
GESAQTAKTIVDDVTKHANYISCDKAMSEIVVPMFKNGKLLGVLDLDSSLVADYDEID  
QEYLEKFVGILVEHTIWNLD

## SEQ ID NO. 6418

## STRAIN COH1 frame: 3

LFSDETNALANLSNASAMLNAMLPNSVFTGFYLFDDGKELILGPFQGGVSCVHITLGKGV  
GESAQTAKTIVDDVTKHANYISCDKAMSEIVVPMFKNGKLLGVLDLDSSLVADYDEID  
QEYLEKFVGILVEHTIWNLD

## SEQ ID NO. 6419

## STRAIN M781 frame: 3

LFSDETNALANLSNASAMLNAMLPNSVFTGFYLFDDGKELILGPFQGGVSCVHITLGKGV  
GESAQTAKTIVDDVTKHANYISCDKAMSEIVVPMFKNGKLLGVLDLDSSLVADYDEID  
QEYLEKFVGILVEHTIWNLD

## SEQ ID NO. 6420

## STRAIN M781 frame: 3

LFSDETNALANLSNASAMLNAMLPNSVFTGFYLFDDGKELILGPFQGGVSCVHITLGKGV  
GESAQTAKTIVDDVTKHANYISCDKAMSEIVVPMFKNGKLLGVLDLDSSLVADYDEID  
QEYLEKFVGILVEHTIWNLD

## SEQ ID NO. 6421

## STRAIN CJB110 frame: 3

LFSDETNALANLSNASAMLNAMLPNSVFTGFYLFDDGKELILGPFQGGVSCVHITLGKGV  
GESAQTAKTIVDDVTKHANYISCDKAMSEIVVPMFKNGKLLGVLDLDSSLVADYDEID  
QEYLEKFVGILVEHTIWNLD

## SEQ ID NO. 6422

## STRAIN 1169NT frame: 3

LFSDETNALANLSNASAMLNAMLPNSVFTGFYLFDDGKELILGPFQGGVSCVHITLGKGV  
GESAQTAKTIVDDVTKHANYISCDKAMSEIVVPMFKNGKLLGVLDLDSSLVADYDEID  
QEYLEKFVGILVEHTIWNLD

## SEQ ID NO. 6423

## STRAIN JM9130013 frame: 3

LFSDETNALANLSNASAMLNAMLPNSVFTGFYLFDDGKELILGPFQGGVSCVHITLGKGV  
GESAQTAKTIVDDVTKHANYISCDKAMSEIVVPMFKNGKLLGVLDLDSSLVADYDEID  
QEYLEKFVGILVEHTIWNLD

## SEQUENCE LISTING

SEQ ID NO. 6501

STRAIN 2603

ATGAAAAAGAGTACCCAAATAATACTACTAATAGTTGCA  
TTATTTCATACTTGTTTTTAGCGGAGGATTTTATATGAAAGAACAACAAAGAAAAGAAGAA  
CTAAACCGGAATCGAGAATATGAAGTTAGTCTAGTCAAAGCATTGAAAAATTCCTATGAG  
AATATAGAAGAAATAAAAAATCACACATCCTGTTTCAACTGAAATTCCTGGAGATTGGCAT  
TGTAAGTAAAGATTTTCATTTAATGATAAAAAATCTATTGTTTATAATATTACACATAAT  
TTGGAATCGAAAAAAATATAGCGGAAATTTAATGAAAAAAATATGAATTTTTTTGAT  
TCAAGAATTGGTAAAACAAAAAACTATAAAAATTATTTTTTTCAGATGGTCAGGAGAAG  
ATACAA

SEQ ID NO. 6502

STRAIN 090

GGAGGATTTTATATGAAAGAACA  
ACAAAGAAAAGAACTAAAACGGAATCGAGAATATGAAGTTAGTCTAG  
TCAAAGCATTGAAAAATTCCTATGAGAATATAGAAGAAATAAAAATCACAC  
CATCCTGTTTCAACTGAAATTCCTGGAGATTGGCATTGTACTGTAAAGAT  
TTCATTTAATGATAAAAAATCTATTGTTTATAATATTACACATAATTTGG  
AATCGAAAAAAATATAGCGGAAATTTAATGAAAAAAATATGAATTTT  
TTTGATTCAAGAATTGGTAAAACAAAAAACTATAAAAATTATTTTTTC  
AGATGGTCAGGAGAAGATaCAA

SEQ ID NO. 6503

STRAIN A909

GGAGGATTTTATATGAAAGAACAACAA  
AGAAAAGAAGAACTAAAACGGAATCGAGAATATGAAGTTAGTCTAGTCAA  
AGCATTGAAAAATTCCTATGAGAATATAGAAGAAATAAAAATCACACATC  
CTGTTTCAACTGAAATTCCTGGAGATTGGCATTGTACTGTAAAGATTTCA  
TTTAATGATAAAAAATCTATTGTTTATAATATTACACATAATTTGGAATC  
GAAAAAAATATAGCGGAAATTTAATGAAAAAAATATGAATTTTTTTG  
ATTCAAGAATTGGTAAAACAAAAAACTATAAAAATTATTTTTTTCAGAT  
GGTCAGGAGAAGATACAA

SEQ ID NO. 6504

STRAIN H36B

GGAGGATTTTATATGAAAGAACA  
ACAAAGAAAAGAAGAACTAAAACGGAATCGAGAATATGAAGTTAGTCTAG  
TCAAAGCATTGAAAAATTCCTATGAGAATATAGAAGAAATAAAAATCACAC  
CATCCTGTTTCAACTGAAATTCCTGGAGATTGGCATTGTACTGTAAAGAT  
TTCATTTAATGATAAAAAATCTATTGTTTATAATATTACACATAATTTGG  
AATCGAAAAAAATATAGCGGAAATTTAATGAAAAAAATATGAATTTT  
TTTGATTCAAGAATTGGTAAAACAAAAAACTATAAAAATTATTTTTTC  
AGATGGTCAGGAGAAGATaCAA

SEQ ID NO. 6505

STRAIN 18RS21

GGAGGATTTTATATGAAAGAACAAC  
AAAGAAAAGAAGAACTAAAACGGAATCGAGAATATGAAGTTAGTCTAGTC  
AAAGCATTGAAAAATTCCTATGAGAATATAGAAGAAATAAAAATCACACA  
TCCTGTTTCAACTGAAATTCCTGGAGATTGGCATTGTACTGTAAAGATTT  
CATTTAATGATAAAAAATCTATTGTTTATAATATTACACATAATTTGGAA  
TCGAAAAAAATTTATAGCGGAAATTTAATGAAAAAAATATGAATTTTTT  
TGATTCAAGAATTGGTAAAACAAAAAACTATAAAAATTATTTTTTTCAG  
ATGGTCAGGAGAAGATaCAA

SEQ ID NO. 6506

STRAIN M781

GGAGGATTTTATATGAAAGAACAACAAAGAAA  
GAAGAACTAAAACGGAATCGAGAATATGAAGTTAGTCTAGTCAAAGCATT  
GAAAAATTCCTATGAGAATATAGAAGAAATAAAAATCACACATCCTGTTT  
CAACTGAAATTCCTGGAGATTGGCATTGTACTGTAAAGATTTTCATTTAAT  
GATAAAAAATCTATTGTTTATAATATTACACATAATTTGGAATCGAAAAA  
AAATTATAGCGGAAATTTAATGAAAAAAATATGAATTTTTTTGATTCAA

## SEQUENCE LISTING

GAATTGGTAAACAAAAAACTATAAAAATTATTTTTTCAGATGGTCAG  
GAGAAGATACAA

## SEQ ID NO. 6507

STRAIN CJB110

GGAGGATTTTATATGAAAGAACAACAAAGAAAAGAAGAA  
CTAAAACGGAATCGAGAATATGAAGTTAGTCTAGTCAAAGCATTGAAAAA  
TTCCTATGAGAATATAGAAGAAATAAAAATCACACATCCTGTTTCAACTG  
AAATTCCTGGAGATTGGCATTGTACTGTAAAGATTTCATTTAATGATAAA  
AAATCTATTGTTTATAATATTACACATAATTGGGAATCGAAAAAAATTA  
TAGCGGAAATTTTAAATGAAAAAAATATGAATTTTTTTGATTCAAGAATTG  
GTAACCAAAAAAACTATAAAAATTATTTTTTCAGATGGTCAGGAGAAG  
ATACAA

## SEQ ID NO. 6508

STRAIN 1169NT

GGAGGATTTTATATGAAAGAACAACAAG  
AAAAGAAAGAACTAAAACGGAATCGAGAATATGAAGTTAGTCTAGTCAAAG  
CATTGAAAAATTCCTATGAGAATATAGAAGAAATAAAAATCACACATCCT  
GTTTCAACTGAAATTCCTGGAGATTGGCATTGTACTGTAAAGATTTCATT  
TAATGATAAAAAATCTATTGTTTATAATATTACACATAATTGGGAATCGA  
AAAAAATTATAGTGGGAAATTTAATGAAAAAAATATGAATTTTTTTGAT  
TCAAGAAATTGGTAAACAAAAAACTATAAAAATTATTTTTTCAGATGG  
TCAGGAGAAGATACAA

## SEQ ID NO. 6509

STRAIN JM9130013

GGAGGATTTTATATGAAAGAACAAC  
AAAGAAAAGAAGAACTAAAACGGAATCGAGAATATGAAGTTAGTCTAGTC  
AAAGCATTGAAAAATTCCTATGAGAATATAGAAGAAATAAAAATCACACA  
TCCTGTTTCAACTGAAATTCCTGGAGATTGGCATTGTACTGTAAAGATT  
CATTTAATGATAAAAAATCTATTGTTTATAATATTACACATAATTGGGAA  
TCGAAAAAAATTTATAGCGGAAATTTAATGAAAAAAATATGAATTTTTT  
TGATTCAAGAATTGGTAAACAAAAAACTATAAAAATTATTTTTTCAG  
AtGgtCAGGAGAAGATACAA

## SEQ ID NO. 6510

STRAIN 2603 frame: 1

MKKSTQIILLIVALFILVFSGGFYMKEQQRKEELKRNREYEVSLVKALKNSYENIEEIKI  
THPVSTEIPGDWHCTVKISFNDKKSIVYNITHNLESKKNYSKGFNEKNMNFDSRIGKTK  
KTIKIIFSDGQEKIQ

## SEQ ID NO. 6511

STRAIN 090

GGFYMKEQQRKEELKRNREYEVSLVKALKNSYENIEEIKITHPVSTEIPGD  
WHCTVKISFNDKKSIVYNITHNLESKKNYSKGFNEKNMNFDSRIGKTKTKTIKIIFSDGQ  
EKIQ

## SEQ ID NO. 6512

STRAIN A909

GGFYMKEQQRKEELKRNREYEVSLVKALKNSYENIEEIKITHPVSTEIPGDWH  
CTVKISFNDKKSIVYNITHNLESKKNYSKGFNEKNMNFDSRIGKTKTKTIKIIFSDGQ  
IQ

## SEQ ID NO. 6513

STRAIN H36B

GGFYMKEQQRKEELKRNREYEVSLVKALKNSYENIEEIKITHPVSTEIPGD  
WHCTVKISFNDKKSIVYNITHNLESKKNYSKGFNEKNMNFDSRIGKTKTKTIKIIFSDGQ  
EKIQ

## SEQ ID NO. 6514

STRAIN 18RS21

GGFYMKEQQRKEELKRNREYEVSLVKALKNSYENIEEIKITHPVSTEIPGDW  
HCTVKISFNDKKSIVYNITHNLESKKNYSKGFNEKNMNFDSRIGKTKTKTIKIIFSDGQ

## SEQUENCE LISTING

KIQ

SEQ ID NO. 6515

STRAIN CJB110

GGFYMKQQRKEELKRNREYEVSLVKALKNSYENIEEIKITHPVSTEIPGDWHCTVK  
ISFNDKKSIVYNITHNLESKKNYSKGFNEKNMNFDSRIGKTKKTIKIIFSDGQEKIQ

SEQ ID NO. 6516

STRAIN JM9130013

GGFYMKQQRKEELKRNREYEVSLVKALKNSYENIEEIKITHPVSTEIPGDW  
HCTVKISFNDKKSIVYNITHNLESKKNYSKGFNEKNMNFDSRIGKTKKTIKIIFSDGQEKIQ

SEQ ID NO. 6517

STRAIN 1169NT frame: 1

GGFYMKQQRKEELKRNREYEVSLVKALKNSYENIEEIKITHPVSTEIPGDWHCTVKISF  
NDKKSIVYNITHNLESKKNYSKGFNEKNMNFDSRIGKTKKTIKIIFSDGQEKIQ

SEQ ID NO. 6518

STRAIN M781 frame: 1

GGFYMKQQRKEELKRNREYEVSLVKALKNSYENIEEIKITHPVSTEIPGDWHCTVKISF  
NDKKSIVYNITHNLESKKNYSKGFNEKNMNFDSRIGKTKKTIKIIFSDGQEKIQ

SEQ ID NO. 6601

STRAIN 2603

TTGACAGGCATATAAAAAATTTCTATACTAAATTTACAAAATGAAGGAGAGGGAACATG  
GAAATACTGATTGCAGGTGGTAGTGGTTTTTTAGGAAAGCAGATAATAAAGCAGCGCTT  
ACAAAAGGCATATAAAGTGGCTTACTTATCAAGACATGAAGGTAAAGGTGATATATTTAAG  
GATCCTAGATTAACTACATTAGGGGAGATATTACAGAAGCTGATAAGATTCATTTAGAA  
GACAGAACTTTTGATATATTAATTGACTGTATTGGAGCGATTAAGCCCAATCAACTAGAT  
GAGCTTAACGTAAAGCAACCCAAAAAGCAGTAGCACTCTGTACAAAAATCAAATACCA  
AAGTTAGTTTATATTTAGCCAAACAGCGCTATTACAGCTTACATTAAGTAAAGGAAG  
GCAGAGCAGATAATCAAGCAAGCGGTCTGGATTATCTTTTTGTAAGACCAGGTTTGATG  
TATGGTGAAGAGCGACCTCTCTCGATTTTCCAAGCCAAGTGTATAAAGTTATTTAGTCAT  
TTGCCTTTCTTAGGTATTGTTGTACAAAAGGTCTTTCCAAGTAAAGTTGTGATAGTGGCA  
GAAGCAATCGTTACTACGCTTAGGAAAAACCAACCCAAAAATCCTTTCTATTGAAGAA  
TTAAATAATAAA

SEQ ID NO. 6602

STRAIN 090

ACAAGGCATATAAAAAATTTCTATACTAAATTTACAAAAT  
GAAGGAGAGGGAACATATGAAATACTGATTGCAGGTGGTAGTGGTTTTTTT  
AGGAAAGCAGATAATAAAGCAGCGCTTACAAAAGGGCATAAAGTGGCTT  
ACTTATCAGACATGAAGGTAAAGGTGATATATTTAAGGATCCTAGATTA  
ACCTACATTAGGGGAGATATTACAGAAGCTGATAAGATTCATTTAGAAGA  
CAGAACTTTTGATATATTAATTGACTGTATTGGAGCGATTAAGCCCAATC  
AACTAGATGAGCTTAACGTAAAGCAACCCAAAAAGCAGTAGCACTCTGT  
CACAAAAATCAAATACCAAGTTAGTTTATATTTAGCCAAACAGCGGCTA  
TTCAGCTTACATTAAGTAAAGGAAGGCAGAGCAGATAATCAAAGCAA  
GCGGTCTGGATTATCTTTTGTAAAGACCAGGTTTGATGTATGGTGAAGAG  
CGACCTCTCTCGATTTTCCAAGCCAAGTGTATAAAGTTATTTAGTCATT  
GCCTTTCTTAGGTATTGTTGTACAAAAGGTCTTTCCAAGTAAAGTTGTGA  
TAGTGGCAGAAAGCAATCGTTACTACGCTTAGGAAAAACCAACCCAAAAA  
ATCCTTTCTATTGAAGAATTAAATAATAAA

SEQ ID NO. 6603

STRAIN A909

ACAAGGCATATAAAAAATTTCTATACTAAATTTACAAAATG  
AAGGAGAGGGAACATATGAAATACTGATTGCAGGTGGTAGTGGTTTTTTA  
GGAAAGCAGATAATAAAGCAGCGCTTACAAAAGGGCATAAAGTGGCTTA  
CTTATCAAGACATGAAGGTAAAGGTGATATATTTAAGGATCCTAGATTA  
CCTACATTAGGGGAGATATTACAGAAGCTGATAAGATTCATTTAGAAGAC  
AGAAGCTTTTGATATATTAATTGACTGTATTGGAGCGATTAAGCCCAATCA  
ACTAGATGAGCTTAACGTAAAGCAACCCAAAAAGCAGTAGCACTCTGTC

## SEQUENCE LISTING

ACAAAAATCAAATACCAAAGTTAGTTTATATTTAGCCAAACAGCGGCTAT  
 TCAGCTTACATTAAAGTAAAGGAAGGCAGAGCAGATAATCAAAGCAAG  
 CGGTCTGGATTATCTTTTGTAGACCAGGTTTGTATGTTGGTGAAGAGC  
 GACCTCTCTCGATTTTCCAAGCCAAGTGATAAAGTTATTTAGTCATTTG  
 CCTTTCTAGGTATTGTTGTACAAAAGGTCTTTCCAATAAGGTTGTGAT  
 AGTGGCAGAAGCAATCGTTACTACGCTTAGGAAAAAACCAACCCAAAAA  
 TCCTTTCTATTGAAGAATTAAATAATAA

SEQ ID NO. 6604

STRAIN H36B

TATAAAAATTTCTATACTAAATTTACAAAATGAAGGAGAGGGAAGTATGG  
 AAATACGTATTGTCAGGTGGTAGTGGTTTTTTAGGAAAGCAGATAATAAAA  
 GCAGCGCTTACAAAAGGGCATAAAGTGGCTTACTTATCAAGACATGAAGG  
 TAAAGGTGATATATTTAAGGATCCTAGATTAACCTACATTAGGGGAGATA  
 TTACAGAAGCTGATAAGATTCAATTAGAAGACAGAAGCTTTTGATATATTA  
 ATTGACTGTATTGGAGCGATTAAAGCCCAATCAACTAGATGAGCTTAACGT  
 TAAAGCAACCCAAAAAGCAGTAGCACTCTGTACAAAAATCAAATACCAA  
 AGTTAGTTTATATTTAGCCAAACAGCGGCTATTAGCTTACATTAAAAGT  
 AAAAGGAAGGCAGAGCAGATAATCAAAGCAAGCGGTCTGGATTATCTTTT  
 TGTAAGACCAGGTTTGTATGTTGGTGAAGAGCGACCTCTCTCGATTTTCC  
 AAGCCAAGTGATATAAAGTTATTTAGTCATTTGCCTTTCTTAGGTATTGTT  
 GTACAAAAGGTCTTTCCAATAAGGTTGTGATAGTGGCAGAAGCAATCGT  
 TACTACGCTTAGGAAAAAACCAACCCAAAAATCCTTTCTATTGAAGAAT  
 TAAATAATAA

SEQ ID NO. 6605

STRAIN 18RS21

ACAAGGCATATAAAAATTTCTATACTAAATTTACAAAAT  
 GAAGGAGAGGGAAGTATGGAAATACTGATTGCAGGTGGTAGTGGTTTTTT  
 AGGAAAGCAGATAATAAAAAGCAGCGCTTACAAAAGGGCATAAAGTGGCTT  
 ACTTATCAAGACATGAAGGTAAAGGTGATATATTTAAGGATCCTAGATTA  
 ACCTACATTAGGGGAGATATTACAGAAGCTGATAAGATTCAATTAGAAGA  
 CAGAAGCTTTGATATATTAATTGACTGTATTGGAGCGATTAAAGCCCAATC  
 AACTAGATGAGCTTAACGTTAAAGCAACCCAAAAAGCAGTAGCACTCTGT  
 CAAAAAATCAAATACCAAAGTTAGTTTATATTTAGCCAAACAGCGGCTA  
 TTCAGCTTACATTAAAAGTAAAGGAAGGCAGAGCAGATAATCAAAGCAA  
 GCGGTCTCGATTATCTTTTGTAGACCAGGTTTGTATGTTGGTGAAGAG  
 GCACCTCTCTCGATTTTCCAAGCCAAGTGATAAAGTTATTTAGTCATTT  
 GCCTTTCTTAGGTATTGTTGTACAAAAGGTCTTTCCAATAAGGTTGTGA  
 TAGTGGCAGAAGCAATCGTTACTACGCTTAGGAAAAAACCAACCCAAAAA  
 ATCCTTTCTATTGAAGAATTAAATAATAA

SEQ ID NO. 6606

STRAIN M732

CAAATGAAGGAGAGGGAAGTATGgAAATACTGATTGCAGGTGGTAGTGG  
 TTTTCTAGGGAAGCAGATAATAAAGCAGCGCTTACAAAAGGGCATAAGG  
 TGGCTTACTTATCAAGGCATGAAGGTAAAGGTGATATATTTAAGGATCCT  
 AGATTAACCTACATTAAAGGAGATATTACAGAAGCTGATAAGATTCAATT  
 AGaACATAGAAATTTTGATATATTAATTGACTGTATTGGAGCGATTAAAGC  
 CCAATCAACTAGATGAGCTTAACGTTAAAGCAACCCAAAAAGCAGTAGCA  
 CTCTGTACAAAAATCAAATACCAAAGTTAGTTTACATTTCAGCCAATAG  
 CGGCTATTAGCTTACATTAAAAGTAAAGGAAGGCAGAGCAGATAATCA  
 AAGCAAGCGGTCTGGATTATCTTTTGTAGACCAGGTTTGTATGTTGGT  
 GAAGAGCGACCTCTCTCGATTTTCCAAGCCAAGTGATAAATTTATTTAG  
 TCATTTGCCTTTCTTAGGTATTGTTGTACAAAAGTCTTTCCAATAAGG  
 TTGTGATAGTGGCAGAAGCAATCGTTACTTCTGCTTAGGAAAAAACCAACT  
 CAAAAATCCTTTCTATTGAAGAATTAAATAATAA

SEQ ID NO. 6607

STRAIN COH1

ACAAGGCATATAAAAATTTCTATACTAAATTTAC  
 AAAATGAAGGAGAGGGAAGTATGGAAATACTGATTGCAGGTGGTAGTGGT  
 TTTCTAGGGAAGCAGATAATAAAGCAGCGCTTACAAAAGGGCATAAGGT  
 GGCTTACTTATCAAGGCATGAAGGTAAAGGTGATATATTTAAGGATCCTA

## SEQUENCE LISTING

GATTAACTACATTAAGGGAGATATTACAGAAGCTGATAAGATTCATTTA  
 GAACATAGAAAATTTTGATATATTAATTGACTGTATTGGAGCGATTAAAGCC  
 CAATCAACTAGATGAGCTTAACGTTAAAGCAACCCAAAAAGCAGTAGCAC  
 TCTGTCACAAAAATCAAATACCAAAGTTAGTTTACATTTTCAGCCAATAGC  
 GGCTATTTCAGCTTACATTAAGTAAAGGAAGGCAGAGCAGATAATCAA  
 AGCAAGCGGTCTGGATTATCTTTTGTAAAGACCAGGTTTGATGTATGGTG  
 AAGAGCGACCTCTCTCGATTTTCCAAGCCAAGTGTATAAAATTATTTAGT  
 CATTTGCCTTTCTTAGGTATTGTTGTACAAAAGTCTTTCCAATAAGGT  
 TGTGATAGTGGCAGAAGCAATCGTTACTTCGCTTAGGAAAAACCAACTC  
 AAAAAATCCTTTCTATTGAAGAATTAAATAATAAA

SEQ ID NO. 6608

STRAIN M781

ACAAGGCATATAAAAAATTTcTATACTAAATTTaCa  
 AAATGAAGGAGAGGGAACCTATGGAATACTGATTGCAGGTGGTAGTGGTT  
 TTCTAGGGAAGCAGATAATAAAAAGCAGCGCTTACAAAAGGGCATAAGGTG  
 GCTTACTTATCAAGGCATGAAGGTAAAGGTGATATATTTAAGGATCCTAG  
 ATTAACCTACATTAAGGGAGATATTACAGAAGCTGATAAGATTCATTTAG  
 AACATAGAAAATTTTGATATATTAATTGACTGTATTGGAGCGATTAAAGCCC  
 AATCAACTAGATGAGCTTAACGTTAAAGCAACCCAAAAAGCAGTAGCACT  
 CTGTACAAAAATCAAATACCAAAGTTAGTTTACATTTTCAGCCAATAGCG  
 GCTATTTCAGCTTACATTAAGTAAAGGAAGGCAGAGCAGATAATCAAA  
 GCAAGCGGTCTGGATTATCTTTTGTAAAGACCAGGTTTGATGTATGGTGA  
 AGAGCGACCTCTCTCGATTTTCCAAGCCAAGTGTATAAAATTATTTAGTC  
 ATTTGCCTTTCTTAGGTATTGTTGTACAAAAGTCTTTCCAATAAGGT  
 GTGATAGTGGCAGAAGCAATCGTTACTTCGCTTAGGAAAAACCAACTCA  
 AAAAAATCCTTTCTATGAAGAATTAAATAATAAA

SEQ ID NO. 6609

STRAIN 1169NT

ACAAGGCATATAAAAAATTTCTATACTAAATTTACAAA  
 ATGAAGGAGAGGGAACCTATGGAATACTGATTGCAGGTGGTAGTGGTTTT  
 TTAGGAAAGCAGATAATAAAAAGCAGCGCTTACAAAAGGGCATAAGTTGGC  
 TTACTTATCAAGACATGAAGGTAAAGGTGATATATTTAAGGATCCTAGAT  
 TAACCTACATTAAGGGAGATATTACAGAAGCTGATAAGATTCATTTAGAA  
 GACAGAACTTTTGATATATTAATTGACTGTATTGGAGCGATTAAAGCCCAA  
 TCAACTAGATGAGCTTAACGTTAAAGCAACCCAAAAAGCAGTAGCACTCT  
 GTCACAAAAATCAAATACCAAAGTTAGTTTACATTTTCAGCCAACAGCGGC  
 TATTTCAGCTTACATTAAGTAAAGGAAGGCAGAGCAGATAATCAAAGC  
 AAGCGGTCTGGATTATCTTTTGTAAAGACCAGGTTTGATGTATGGTGAAG  
 AGCGACCTCTCTCGATTTTCCAAGCCAAGTGTATAAAATTATTTAGTCAT  
 TTGCCTTTCTTAGGTATTGTTGTACAAAAGGTCTTTCCAATAAGGTTGT  
 GATAGTGGCAGAAGCAATCGTTACTACGCTTAGGACAAAACCAACTCAA  
 AATCCTTTCTATTGAAGAATTAAATAATAAA

SEQ ID NO. 6610

STRAIN CJB110

ACAAGGCATATAAAAAATTTCTATACTAAATTTACAAA  
 ATGAAGGAGAGGGAACCTATGGAATACTGATTGCAGGTGGTAGTGGTTTT  
 TTAGGAAAGCAGATAATAAAAAGCAGCGCTTACAAAAGGGCATAAGTTGGC  
 TTACTTATCAAGACATGAAGGTAAAGGTGATATATTTAAGGATCCTAGAT  
 TAACCTACATTAAGGGAGATATTACAGAAGCTGATAAGATTCATTTAGAA  
 GACAGAACTTTTGATATATTAATTGACTGTATTGGAGCGATTAAAGCCCAA  
 TCAACTAGATGAGCTTAACGTTAAAGCAACCCAAAAAGCAGTAGCACTCT  
 GTCACAAAAATCAAATACCAAAGTTAGTTTATATTTTCAGCCAACAGCGGC  
 TATTTCAGCTTACATTAAGTAAAGGAAGGCAGAGCAGATAATCAAAGC  
 AAGCGGTCTGGATTATCTTTTGTAAAGACCAGGTTTGATGTATGGTGAAG  
 AGCGACCTCTCTCGATTTTCCAAGCCAAGTGTATAAAAGTTATTTAGTCAT  
 TTGCCTTTCTTAGGTATTGTTGTACAAAAGGTCTTTCCAATAAGGTTGT  
 GATAGTGGCAGAAGCAATCGTTACTACGCTTAGGAAAAACCAACCCAAA  
 AATCCTTTCTATTGAAGAATTAAATAATAAA

SEQ ID NO. 6611

STRAIN JM9130013

## SEQUENCE LISTING

ACAAGGCATATAAAATTTCTATACTAAATTTACAAAATG  
 AAGGAGAGGGAACATATGGAATACTGATTGCAGGTGGTAGTGGTTTTTA  
 GGAAAGCAGATAATAAAAGCAGCGCTTACAAAAGGGCATAAAGTGGCTTA  
 CTTATCAAGACATGAAGGTAAAGGTGATATATTTAAGGATCCTAGATTAA  
 CcTACATTAGGGGAGATATTACAGAAGCTGATAAGATTCATTTAGAAGAC  
 AGAACTTTTGATATATTAATTGACTGTATTGGAGCGATTAAGCCCAATCA  
 ACTAGATGAGCTTAACGTTAAAGCAACCCAAAAAGCAGTAGCACTCTGTC  
 ACAAAAATCAAATACCAAAGTTAGTTTATATTTTACGCCAACAGCGGCTAT  
 TCAGCTTACATTAAAGTAAAAGGAAGGCAGAGCAGATAATCAAAGCAAG  
 CGGTCTGGATTATCTTTTTGTAAGACCAGGTTTGTATGTATGGTGAAGAGC  
 GACCTCTCTCGATTTTCCAAGCCAAGTGTATAAAGTTATTTAGTCATTTG  
 CCTTTCTTAgtTATTGTTGTACAAAAGGTCCTTCCAATAAGGTTGTGAT  
 AGTGGCAGAAGCAATCGTTACTACGCTTAGGAAAAACCAACCCAAAAA  
 TCCTTTCTATTGAAGAATTAAATAATAAA

## SEQ ID NO. 6612

STRAIN 2603 frame: 1

TRHIKISILNLQNEEGTMEILIAGGSGFLGKQIIKAALTKGHKVAYLSRHEGKGDIFKD  
 PRLTYIRGDITEADKIHLEDRFTDILIDCIGAIPKNQDELNVKATQKAVALCHKNQIPK  
 LVYISANSYGSAIYIKSKRKAQIIKASGLDYLFRPGLMYGEERPLSIFQAKCIKLFSHL  
 PFLGIVVQKVFPKVVIVAEIAVTTLRKKPTQKILSIEELNNK

## SEQ ID NO. 6613

STRAIN 090 frame: 1

TRHIKISILNLQNEEGTMEILIAGGSGFLGKQIIKAALTKGHKVAYLSRHEGKGDIFKD  
 PRLTYIRGDITEADKIHLEDRFTDILIDCIGAIPKNQDELNVKATQKAVALCHKNQIPK  
 LVYISANSYGSAIYIKSKRKAQIIKASGLDYLFRPGLMYGEERPLSIFQAKCIKLFSHL  
 PFLGIVVQKVFPKVVIVAEIAVTTLRKKPTQKILSIEELNNK

## SEQ ID NO. 6614

STRAIN A909 frame: 1

TRHIKISILNLQNEEGTMEILIAGGSGFLGKQIIKAALTKGHKVAYLSRHEGKGDIFKD  
 PRLTYIRGDITEADKIHLEDRFTDILIDCIGAIPKNQDELNVKATQKAVALCHKNQIPK  
 LVYISANSYGSAIYIKSKRKAQIIKASGLDYLFRPGLMYGEERPLSIFQAKCIKLFSHL  
 PFLGIVVQKVFPKVVIVAEIAVTTLRKKPTQKILSIEELNNK

## SEQ ID NO. 6615

STRAIN H36B frame: 2

IKISILNLQNEEGTMEILIAGGSGFLGKQIIKAALTKGHKVAYLSRHEGKGDIFKDPRL  
 TYIRGDITEADKIHLEDRFTDILIDCIGAIPKNQDELNVKATQKAVALCHKNQIPKLVY  
 ISANSYGSAIYIKSKRKAQIIKASGLDYLFRPGLMYGEERPLSIFQAKCIKLFSHLPFL  
 GIVVQKVFPKVVIVAEIAVTTLRKKPTQKILSIEELNNK

## SEQ ID NO. 6616

STRAIN 18RS21 frame: 1

TRHIKISILNLQNEEGTMEILIAGGSGFLGKQIIKAALTKGHKVAYLSRHEGKGDIFKD  
 PRLTYIRGDITEADKIHLEDRFTDILIDCIGAIPKNQDELNVKATQKAVALCHKNQIPK  
 LVYISANSYGSAIYIKSKRKAQIIKASGLDYLFRPGLMYGEERPLSIFQAKCIKLFSHL  
 PFLGIVVQKVFPKVVIVAEIAVTTLRKKPTQKILSIEELNNK

## SEQ ID NO. 6617

STRAIN M732 frame: 1

QNEEGTMEILIAGGSGFLGKQIIKAALTKGHKVAYLSRHEGKGDIFKDPRLTYIKGDIT  
 EADKIHLEHRNFDILIDCIGAIPKNQDELNVKATQKAVALCHKNQIPKLVYISANSYG  
 AYIKSKRKAQIIKASGLDYLFRPGLMYGEERPLSIFQAKCIKLFSHLPFLGIVVQKV  
 PTKVVIVAEIAVTSRKKPTQKILSIEELNNK

## SEQ ID NO. 6618

STRAIN COH1 frame: 1

TRHIKISILNLQNEEGTMEILIAGGSGFLGKQIIKAALTKGHKVAYLSRHEGKGDIFKD  
 PRLTYIKGDITEADKIHLEHRNFDILIDCIGAIPKNQDELNVKATQKAVALCHKNQIPK  
 LVYISANSYGSAIYIKSKRKAQIIKASGLDYLFRPGLMYGEERPLSIFQAKCIKLFSHL  
 PFLGIVVQKVFPKVVIVAEIAVTSRKKPTQKILSIEELNNK

## SEQUENCE LISTING

## SEQ ID NO. 6619

STRAIN M781 frame: 1

TRHIKISILNLQNEGEGTMEILIAGGSGFLGKQIIKAALTKGHKVAYLSRHEGKGDIFKD  
 PRLTYIKGDITEADKIHLEDRTFDILIDCIGAIPKPNQLDELNVKATQKAVALCHKNQIPK  
 LVYISANSYGYSAYIKSKRKAEQIIKASGLDYL FVRPGLMYGEERPLSIFQAKCIKLFSHL  
 PFLGIVVQKVFPKVVIVAEAIVTSLRKKPTQKILSIEELNNK

## SEQ ID NO. 6620

STRAIN 1169NT frame: 1

TRHIKISILNLQNEGEGTMEILIAGGSGFLGKQIIKAALTKGHKLAYLSRHEGKGDIFKD  
 PRLTYIKGDITEADKIHLEDRTFDILIDCIGAIPKPNQLDELNVKATQKAVALCHKNQIPK  
 LVYISANSYGYSAYIRSKRKAEQIIKASGLDYL FVRPGLMYGEERPLSIFQAKCIKLFSHL  
 PFLGIVVQKVFPKVVIVAEAIVTTLRTKPTQKILSIEELNNK

## SEQ ID NO. 6621

STRAIN CJB110 frame: 1

TRHIKISILNLQNEGEGTMEILIAGGSGFLGKQIIKAALTKGHKVAYLSRHEGKGDIFKD  
 PRLTYIRGDITEADKIHLEDRTFDILIDCIGAIPKPNQLDELNVKATQKAVALCHKNQIPK  
 LVYISANSYGYSAYIKSKRKAEQIIKASGLDYL FVRPGLMYGEERPLSIFQAKCIKLFSHL  
 PFLGIVVQKVFPKVVIVAEAIVTTLRKKPTQKILSIEELNNK

## SEQ ID NO. 6622

STRAIN JM9130013 frame: 1

TRHIKISILNLQNEGEGTMEILIAGGSGFLGKQIIKAALTKGHKVAYLSRHEGKGDIFKD  
 PRLTYIRGDITEADKIHLEDRTFDILIDCIGAIPKPNQLDELNVKATQKAVALCHKNQIPK  
 LVYISANSYGYSAYIKSKRKAEQIIKASGLDYL FVRPGLMYGEERPLSIFQAKCIKLFSHL  
 PFLGIVVQKVFPKVVIVAEAIVTTLRKKPTQKILSIEELNNK

## SEQ ID NO. 6701

STRAIN 090

CAATAACAACATTTGAAAAATAAAAAAGTTTTAGTCCTTGGTTTAGCACGA  
 TCTGGAGAAGCCGCTGCACGTTTGTAGCTAAGTTAGGAGCAATAGTGAC  
 AGTTAATGATGGCAAACCATTTGATGAAAAATCCAACAGCACAGTCTTTGT  
 TGGAAGAGGGTATTAAAGTGGTTTGTGGTAGTCATCCTTTAGAATTGTTA  
 GATGAGGATTTTTGTTACATGATTAAAAATCCAGGAATACCTTATAACAA  
 TCCTATGGTCAAAAAAGCATTAGAAAAACAAATCCCTGTTTTGACTGAAG  
 TGGAATTAGCATACTTAGTTTCAGAAATCTCAGCTAATAGGTATTACAGGC  
 TCTAACGGGAAAAACGACAACGACAACGATGATTGCAGAAGTCTTAAATGC  
 TGGAGGTGAGAGAGTTTGTAGCTGGGAATATCGGCTTTCCTGCTAGTG  
 AAGTTGTTGAGGCTGCGGATGATAAAGATATTCTAGTTATGGAATTATCA  
 AGTTTTGAGCTAATGGGAGTTAAGGAATTTCTGCTCATATTGCAGTAAT  
 TACTAATTTAATGCCAACTCATTTAGATTATCATGGGTCTTTTGAAGATT  
 ATGTTGCTGCAAAATGGAATATCCAAATCAAATGTCTTCATCTGATTTT  
 TTGGTACTTAATTTTAAATCAAGGTATTTCTAAAGAGTTAGCTAAAACACTAC  
 TAAAGCAACAATCGTTCCTTTCTCTACTACGGAAGAGTTGATGGTGCTT  
 ACGTACAGACAAGCAACTTTTCTATAAAGGGGAGAATATTATGTTAGTA  
 GATGACATTGGTGTCCAGGAAGCCATAACGTAGAGAATGCTCTAGCAAC  
 TATTGCGGTTGCTAAACTAGCTGGTATCAGTAATCAAGTTATTAGAGAAA  
 CTTTAAGCAATTTTGGAGGTGTTAAACACCGCTTGCAATCACTCGGTAAAG  
 GTTCATGTATTAGTTTCTATAACGACAGCAAGTCAACTAATATATTGGC  
 AACTCAAAAAGCATTATCTGGCTTTGATAATACTAAAGTTATCCTAATTG  
 CAGGAGGTCTTGATCGCGGTAATGAGTTTGATGAATTGATACCAGATATC  
 ACTGGACTTAAACATATGGTTGTTTTAGGGGAATCGGCATCTCGAGTAAA  
 ACGTGCTGCACAAAAAGCAGGAGTAAGTTATAGCGATGCTTTAGATGTTA  
 GAGATGCGGTACATAAAGCTTATGAGGTGGCACAACAGGGCGATGTTATC  
 TTGCTAAGTCCTGCAATGCATCATGGGACATGTATAAGAATTTCAAGT  
 CCGTGGTGATGAATTCATTGATACTTTCGAAAGTCTTAGAGGAGAG

## SEQ ID NO. 6702

STRAIN A909

CAATAACAACATTTGAAAAATAAAAAAGTTTTAGTCCTTGGTTTAGCACGA  
 TCTGGAGAAGCTGCTGCACGTTTGTAGCTAAGTTAGGAGCAATAGTGAC  
 AGTTAATGATGGCAAACCATTTGATGAAAAATCCAACAGCACAGTCTTTGT  
 TGGAAGAGGGTATTAAAGTGGTTTGTGGTAGTCATCCTTTAGAATTGTTA



## SEQUENCE LISTING

GATGAGGATTTTTGTTACATGATTAAAAATCCAGGAATACCTTATAACAA  
 TCCTATGGTCAAAAAAGCATTAGAAAAACAAATCCCTGTTTTGACTGAAG  
 TGAATTAGCATACTTAGTTTCAGAATCTCAGCTAATAGGTATTACAGGC  
 TCTAACGGGAAAACGACAACGACAACGATGATTGCAGAAGCTTAAATGC  
 TGGAGGTGAGAGAGGTTTGTAGCTGGGAATATCGGCTTTCCTGCTAGTG  
 AAGTTGTTCCAGGCTGCGAATGATAAGATACTCTAGTTATGGAATTATCA  
 AGTTTTCAGCTAATGGGAGTTAAGGAATTTTCGTCTCATATTGCAGTAAT  
 TACTAATTTAATGCCAACTCATTAGATTATCATGGGTCTTTTGAAGATT  
 ATGTTGCTGCAAAATGGAATATCCAAATCAAATGTCTTCATCTGATTTT  
 TTGTTACTTAATTTAATCAAGGTATTTCTAAAGAGTTAGCTAAACTAC  
 TAAAGCaACAATCGTTCCTTCTCTACTACGGAAAAAGTTGATGGTGCTT  
 ACGTACAAGACAGCAACTTTTCTATAAAGGGGAGAATATTATGTCAGTA  
 GATGACATTGGTGTCCCAGGAAGCCATAACGTAnAGAATGCTCTAGCAAC  
 TATTGCGGTTGCTAAACTGGCTGGTATCAGTAATCAAGTTATTAgAGAAA  
 CTTTAAGCAATTTTGGAGGtGTTAAACACCGCTTGCAATCACTCGGTAAG  
 GTTCATGGTATTAGTTTCTATAACGACAGCAAGTCACTAATATATTGGC  
 AACTCAAAAAGCATTATCTGGCTTTGATAATACTAAAGTTATCCTAATTG  
 CAGGAGGTCTTGATCGCGGTAATGAGTTTGATGAATTGATACCAGATATC  
 ACTGGACTTAAACATATGGTTGTTTTAGGGGAATCGGCATCTCGAGTAAA  
 ACGTGCTGCACAAAAGCAGGAGTAACCTTATAGCGATGCTTTAGATGTTA  
 GAGATGCGGTACATAAAGCTTATGAGGTGGCACACAGGGCGATGTTATC  
 TTGCTAAGTCTGCAATGCATCATGGGACATGTATAAGAATTTGGAAGT  
 CCGTGGTGATGAATTCATTGATACTTTGAAAGTCTTAGAGGAGAG

## SEQ ID NO. 6703

## STRAIN H36B

GGACGAGTAATGAAAACAATAACAACATTTGAAAAAT  
 AAAAAAGTTTTAGTCCCTGGTTTAGCACGATCTGGAGAAGCTGCTGCACG  
 TTTGTTAGCTAAGTTAGGAGCAATAGTGACAGTTAATGATGGCAAACCAT  
 TTGATGAAAATCCAACAGCACAGTCTTTGTTGGAAGAGGGTATTAAAGTG  
 GTTTGTGGTAGTCATCCTTTAGAATTGTTAGATGAGGATTTTTGTTACAT  
 GATTAAAAATCCAGGAATACCTTATAACAATCCTATGGTCAAAAAGCAT  
 TAGAAAAACAATCCCTGTTTTGACTGAAGTGGAATTAGCATACTTAGTT  
 TCAGAAATCTCAGCTAATAGGTATTACAGGCTCTAACGGGAAAACGACAAC  
 GACAACGATGATTGCAGAAGTCTTAAATGCTGGAGGTGAGAGAGTTTGT  
 TAGCTGGGAATATCGGCTTTCCTGCTAGTGAAGTTGTTCCAGGCTGCGAAT  
 GATAAGATACTCTAGTTATGGAATTATCAAGTTTTGAGCTAATGGGAGT  
 TAAGGAATTTTCGTCTCATATTGCAGTAATTACTAATTTAATGCCAACTC  
 ATTTAGATTATCATGGGTCTTTTGAAGATTATGTTGCTGCAAAATGGAAT  
 ATCCAAAATCAAATGTCTTCATCTGATTTTTTGGTACTTAATTTAATCA  
 AGGTATTTCTAAAGAGTTAGCTAAACTACTAAAGCAACAATCGTTCCTT  
 TCTCTACTACGGAAAAAGTTGATGGTGCTTACGTACAAGACAAGCAACTT  
 TTCTATAAAGGGGAGAATATTATGTCAGTAGATGACATTTGGTGTCCAGG  
 AAGCCATAACGTAGAGAATGCTCTAGCAACTATTGCGGTTGCTAAACTGG  
 CTGGTATCAGTAATCAAGTTATTAGAGAACTTTAAGCAATTTTGGAGGT  
 GTTAAACACCGCTTGCAATCACTCGGTAAGGTTTCATGGTATTAGTTCTA  
 TAACGACAGCAAG

## SEQ ID NO. 6704

## STRAIN 18RS21

GGACGAGTAATGAAAACAATAACAACATTTG  
 AAAATAAAAAAGTTTTAGTCCCTGGTTTAGCACGATCTGGAGAAGCTGCT  
 GCACGTTTGTATAGCTAAGTTAGGAGCAATAGTGACAGTTAATGATGGCAA  
 ACCATTTGATGAAAATCCAACAGCACAGTCTTTGTTGGAAGAGGGTATTA  
 AAGTGGTTTGTGGTAGTCATCCTTTAGAATTGTTAGATGAGGATTTTTGT  
 TACATGATTAAAAATCCAGGAATACCTTATAACAATCCTATGGTCAAAAA  
 AGCATTAGAAAAACAATCCCTGTTTTGACTGAAGTGGAATTAGCATACT  
 TAGTTTTCAGAATCTCAGCTAATAGGTATTACAGGCTCTAACGGGAAAACG  
 ACAACGACAACGATGATTGCAGAAGTCTTAAATGCTGGAGGTGAGAGAGG  
 TTTGTTAGCTGGGAATATCGGCTTTCCTGCTAGTGAAGTTGTTCCAGGCTG  
 CGAATGATAAAGATACTCTAGTTATGGAATTATCAAGTTTTGAGCTAATG  
 GGAGTTAAGGAATTTTCGTCTCATATTGCAGTAATTACTAATTTAATGCC  
 AACTCATTTAGATTATCATGGGTCTTTTGAAGATTATGTTGCTGCAAAAT  
 GGAATATCCAAAATCAAATGTCTTCATCTGATTTTTTGGTACTTAATTTT

## SEQUENCE LISTING

AATCAAGGTATTTCTAAAGAGTTAGCTAAAACCTACTAAAGCAACAATCGT  
TCCTTTCTCTACTACGGAAAAAGTTGATGGTGCTTACGTACAAGACAAGC  
AACTTTTCTATAAAGGGGAGAATATTATGTCAGTAGATGACATTGGTGTC  
CCAGGAAGCCATAACGTAGAGAATGCTCTAGCAACTATTGCGGTTGCTAA  
ACTGGCTGGTATCAGTAATCAAGTTATTAGAGAACTTTAAGCAATTTTG  
GAGGTGTTAAACACCGCTTGCAATCACTCGGTAAGGTTTCATGGTATTAGT  
TTCATAACGACAGCAAGTCAACTAATATATTGGCAACTCAAAAAGCATT  
ATCTGGCTTTGATAATACTAAAGTTATCCTAATGTCAGGAGGTCTTGATC  
GCGTAATGAGTTGATGAATTGATACCAGATATCACTGGACTTAAACAT  
ATGGTTGTTTTAGGGGAATCGGCATCTCGAGTAAAACGTGCTGCACAAAA  
AGCAGGAGTAACCTATAGCGATGCTTTAGATGTTAGAGATGCGGTACATA  
AAGCTTATGAGGTGGCACAACAGGGCGATGTTATCTTGCTAAGTCCTGCA  
AATGCATCATGGGACATGTATAAGAATTTTGAAGTCCGTGGTGATGAATT  
CATTGATACTTTGAAAAGTCTTAGAGGAGAG

SEQ ID NO. 6705

STRAIN M732

GGACGAGTAATGAAAACAATAACAACATTTGAAA  
ATAAAAAAGTTTTAGTCCTTGGTTTAGCACGATCTGGAGAAGCCGCTGCA  
CGTTTGTAGCTAAGTTAGGAGCAATAGTGACAGTTAATGATGGCAAAC  
ATTTGATGAAAATCCAACAGCACAGTCTTTGTTGGAAGAGGGTATTAAAG  
TGGTTTGTGGTAGTCATCCTTTAGAATTGTTAGATGAGGATTTTTGTTAC  
ATGATTAATAATCCAGGAATACCTTATAACAATCCTATGGTCAAAAAGC  
ATTAGAAAAACAATCCCTGTTTTGACTGAAGTGGAATTAGCATACTTAG  
TTTCAGAACTCTCAGCTAATAGGTATTACAGGCTCTAACGGGAAAAACGACA  
ACGACAACGATGATTGCAGAAGTCTTAAATGCTGGAGGTGAGAGAGGTTT  
GTTAGCTGGGAATATCGGCTTTCTGCTAGTGAAGTTGTTTCAGGCTGCGG  
aTGATAAAGATATTCTAGTTATGGAATTATCAAGTTTTCAGCTAATGGGA  
GTTAAGGAATTTTCGTCCTCATATTGCAGTAATTACTAATTTAATGCCAAC  
TCATTTAGATTATCATGGGTCTTTTGAAGATTATGtTGCTGCAAAATGGA  
ATATCCAAAATCAAATGTCTTCATCTGATTTTTTGGTACTTAATTTTAAT  
CAAGGTATTTCTAAAGAGTTAGCTAAAACCTACTAAAGCAACAaTCGTTC  
TTTCTCTACTACGGAAAAAGTTGATGGTGCTTACGTACAAGACAAGCAAC  
TTTTCTATAAAGGGGGAATATTATGTCAGTAGATGACATTGGTGTCCTCA  
GGAAGCCATAACGTAGAGAATGCTCTAGCAACTATTGCGGTTGCTAAACT  
AGCTGGTATCAGTAATCAAGTTATTAGAGAACTTTAAGCAATTTTGGAG  
GTGTTAAACACCGCTTGCAATCACTCGGTAAGGTTTCATGGTATTAGTTTC  
TATAACGACAGCAAGTCAACTAATATATTGGCAACTCAAAAAGCATTATC  
TGGCTTTGATAATACTAAAGTTATCCTAATTGCAGGAGGTCTTGATCGCG  
GTAATGAGTTTGATGAATTGATACCAGATATCACTGGACTTAAACATATG  
GTTGTTTTAGGGGAATCGGCATCTCGAGTAAAACGTGCTGCACAAAAAGC  
AGGAGTAACCTATAGCGATGCTTTAGATGTTAGAGATGCGGTACATAAAG  
CTTATGAGGTGGCACAACAGGGCGATGTTATCTTGCTAAGTCCTGCAAT  
GCATCATGGGACATGTATAAGAATTTTGAAGTCCGTGGTGATGAATTCAT  
TGATACTTTGAAAAGTCTTAGAGGAGAG

SEQ ID NO. 6706

STRAIN COH1

GGACGAGTAATGAAAACAATAACAACATTTGA  
AAATAAAAAAGTTTTAGTCCTTGGTTTAGCACGATCTGGAGAAGCCGCTG  
CACGTTTGTAGCTAAGTTAGGAGCAATAGTGACAGTTAATGATGGCAAA  
CCATTTGATGAAAATCCAACAGCACAGTCTTTGTTGGAAGAGGGTATTAA  
AGTGGTTTGTGGTAGTCATCCTTTAGAATTGTTAGATGAGGATTTTTGTT  
ACATGATTAAAAATCCAGGAATACCTTATAACAATCCTATGGTCAAAAAA  
GCATTAGAAAAACAATCCCTGTTTTGACTGAAGTGGAATTAGCATACTT  
AGTTTCAGAACTCTCAGCTAATAGGTATTACAGGCTCTAACGGGAAAAACGA  
CAACGACAACGATGATTGCAGAAGTCTTAAATGCTGGAGGTGAGAGAGGT  
TTGTTAGCTGGGAATATCGGCTTTCTGCTAGTGAAGTTGTTTCAGGCTGC  
GgaTGATAAAGATATTCTAGTTATGGAATTATCAAGTTTTTCAGCTAATGG  
GAGTTAAGGAATTTTCGTCCTCATATTGCAGTAATTACTAATTTAATGCCA  
ACTCATTTAGATTATCATGGGTCTTTTGAAGATTATGTTGCTGCAAAATG  
GAATATCCAAAATCAAATGTCTTCATCTGATTTTTTGGTACTTAATTTTA  
ATCAAGGTATTTCTAAAGAGTTAGCTAAAACCTACTAAAGCAaCAATCGTT  
CCTTTCTCTACTACGGAAAAAGTTGATGGTGCTTACGTACAAGACAAGCA

## SEQUENCE LISTING

ACTTTTCTATAAAGGGGAGAATATTATGTCAGTAGATGACATTGGTGTCC  
 CAGGAAGCCATAACGTAGAGAATGCTCTAGCAACTATTGCGGTTGCTAAA  
 CTAGCTGGTATCAGTAATCAAGTTATTAGAGAACTTTAAGCAATTTTGG  
 AGGTGTTAAACACCGCTTGCAATCACTCGGTAAGGTTATGGTATTAGTT  
 TCTATAACGACAGCAAGTCAACTAATATATTGGCAACTCAAAAAGCATT  
 TCTGGCTTTGATAATACTAAAGTTATCCTAATTGCAGGAGGTCTTGATCG  
 CGGTAATGAGTTTGTGATGAATTGATACCAGATATCACTGGACTTAAACATA  
 TGGTTGTTTTAGGGGAATCGGCATCTCGAGTAAAACGTGCTGCACAAAA  
 GCAGGAGTAACCTTATAGCGATGCTTTAGATGTTAGAGATGCGGTACATAA  
 AGCTTATGAGGTGGCACAACAGGGCGATGTTATCTTGCTAAGTCCTGCAA  
 ATGCATCATGGGACATGTATAAGAATTTCAAGTCCGTGGTGATGAATTC  
 ATTGATACTTTTCAAAA

SEQ ID NO. 6707

STRAIN M781

GGACGAGTAATGAAAAAATAACAACATT  
 TGAAAAATAAAAAAGTTTGTAGTCCTTGGTTTAGCACGATCTGGAGAAGCCG  
 CTGCACGTTTGTAGCTAAGTTAGGAGCAATAGTGACAGTTAATGATGGC  
 AAACCATTTGATGAAAAATCCAACAGCACAGTCTTTGTTGGAAGAGGGTAT  
 TAAAGTGGTTTGTGGTAGTCATCCTTTAGAATTGTTAGATGAGGATTTT  
 GTTACATGATTAAAAATCCAGGAATACCTTATAACAATCCTATGGTCAAA  
 AAAGCATTAGAAAAACAATCCCTGTTTGAAGTGAAGTGAATTAGCATA  
 CTTAGTTTCAGAATCTCAGCTAATAGGTATTACAGGCTCTAACGGGAAAA  
 CGACAACGACAACGATGATTGCAGAAGTCTTAAATGCTGGAGGTGAGAGA  
 GGTTTGTAGCTGGGAATATCGGCTTTCCTGCTAGTGAAGTTGTTTCAGGC  
 TGCGGATGATAAAGATATTCTAGTTATGGAATTATCAAGTTTTCAGCTAA  
 TGGGAGTTAAGGAATTCGTCCTCATATTGCAGTAATTACTAATTTAATG  
 CCAACTCATTTAGATTATCATGGGTCTTTTGAAGATTATGTTGCTGCAAA  
 ATGGAATATCCAAATCAAATGTCTTCATCTGATTTTTTGGTACTTAATT  
 TTAATCAAGGTATTTCTAAAGAGTTAGCTAAAACTACTAAAGCAaCAATC  
 GTTCCTTTCTCTACTACGGAAAAAGTTGATGGTGCTTACGTACAAGACAA  
 GCAACTTTTCTATAAAGGGGAGAATATTATGTCAGTAGATGACATTGGTG  
 TCCCAGGAAGCCATAACGTAGAGAATGCTCTAGCAACTATTGCGGTTGCT  
 AAAGTAGCTGGTATCAGTAATCAAGTTATTAGAGAACTTTAAGCAATTT  
 TGGAGGTGTTAAACACCGCTTGCAATCACTCGGTAAGGTTATGGTATTA  
 GTTTCTATAACGACAGCAAGTCAACTAATATATTGGCAACTCAAAAAGCA  
 TTATCTGGCTTTGATAATACTAAAGTTATCCTAATTGCAGGAGGTCTTGA  
 TCGCGTAATGAGTTTGTGATGAATTGATACCAGATATCACTGGACTTAAAC  
 ATATGGTTGTTTTAGGGGAATCGGCATCTCGAGTAAAACGTGCTGCACAA  
 AAAGCAGGAGTAACTTATAGCGATGCTTTAGATGTTAGAGATGCGGTACA  
 TAAAGCTTATGAGGTGGCACAACAGGGCGATGTTATCTTGCTAAGTCCTG  
 CAAATGCATCATGGGACATGTATAAGAATTTCAAGTCCGTGGTGATGAA  
 TTCATTGATACTTTTCAAAAGTCTTAGAGGAGAG

SEQ ID NO. 6708

STRAIN CJB110

GGACGAGTAATGAAAAAATAACAACATTTGA  
 AAATAAAAAAGTTTTAGTCCTTGGTTTAGCACGATCTGGAGAAGCCGCTG  
 CACGTTTGTAGCTAAGTTAGGAGCAATAGTGACAGTTAATGATGGCAAA  
 CCATTTGATGAAAAATCCAACAGCACAGTCTTTGTTGGAAGAGGGTATTAA  
 AGTGGTTTGTGGTAGTCATCCTTTAGAATTGTTAGATGAGGATTTTTGTT  
 ACATGATTAAAAATCCAGGAATACCTTATAACAATCCTATGGTCAAAAAA  
 GCATTAGAAAAACAATCCCTGTTTTGACTGAAGTGAATTAGCATACTT  
 AGTTTCAGAATCTCAGCTAATAGGTATTACAGGCTCTAACGGGAAAACGA  
 CAACGACAACGATGATTGCAGAAGTCTTAAATGCTGGAGGTGAGAGAGGT  
 TTGTTAGCTGGGAATATCGGCTTTCCTGCTAGTGAAGTTGTTTCAGGCTGC  
 GGATGATAAAGATATTCTAGTTATGGAATTATCAAGTTTTTCAGCTAATGG  
 GAGTTAAGGAATTTCTGTCCTCATATTGCAGTAATTACTAATTTAATGCCA  
 ACTCATTTAGATTATCATGGGTCTTTTGAAGAATATGTTGCTGCAAAATG  
 GAATATCCAAATCAAATGTCTTCATCTGATTTTTTGGTACTTAATTTTA  
 ATCAAGGTATTTCTAAAGAGTTAGCTAAAACTACTAAAGCAACAATCGTT  
 CCTTTCTCTACTACGGAAAAAGTTGATGGTGCTTACGTACAAGACAAGCA  
 ACTTTTCTATAAAGGGGAGAATATTATGTTAGTAGATGACATTGGTGTCC  
 CAGGAAGCCATAACGTAGAGAATGCTCTAGCAACTATTGCGGTTGCTAAA

## SEQUENCE LISTING

CTAGCTGGTATCAGTAATCAAGTTATTAGAGAACTTTAAGCAATTTTGG  
 AGGTGTTAAACACCGCTTGCAATCACTCGGTAAGGTTTCATGGTATTAGTT  
 TCTATAATGACAGCAAGTCACTAATATATTGGCAACTCAAAAAGCATTA  
 TCTGGCTTTGATAATACTAAAGTTATCCTAATTGCAGGAGGTCTTGATCG  
 CGGTAATGAGTTTGATGAATTGATACCAGATATCACTGGACTTAAACATA  
 TGGTTGTTTTAGGGGAATCGGCATCTCGAGTAAACGTGCTGCACAAAAA  
 GCAGGAGTAACTTATAGCGATGCTTTAGATGTTAGAGATCGGGTACATAA  
 AGCTTATGAGGTGGCACAACAGGGCGATGTTATCTTGCTAAGTCCTGCAA  
 ATGCATCATGGGACATGTATAAGAATTTTGAAGTCCGTGGTGATGAATTC  
 ATTGATACTTTTCAAAGTCTTAGAGGAGAG

SEQ ID NO. 6709

STRAIN 1169NT

CAATAACAACATTTGAAAATAAAAAAGTTTTAGTCCTTGGTTTAGCACGA  
 TCTGGAGAAGCCGCTGCACGTTTGTAGCTAAGTTAGGAGCAATAGTGAC  
 AGTTAATGATGGCAAAACCATTTGATGAAAATCCAACAGCACAGTCTTTGT  
 TGGGAAGAGGGTATTAAAGTGGTTTGTGGTAGTCATCCTTTAGAATTGTTA  
 GATGAGGATTTTGTACATGATTAAAAATCCAGGAATACCTTATAACAA  
 TCCTATGGTCAAAAAGCATTAGAAAAACAAATCCCTGTTTTGACTGAAG  
 TGAATTAGCATACTTAGTTTCAGAATCTCAGCTAATAGGTATTACAGGC  
 TCTAACGGGAAAACGACAACGACAACGATGATTGCAGAAGTCTGAATGC  
 TGGAGGTGAGAGAGGTGTGTAGCTGGGAATATCGGCTTTCTGCTAGTG  
 AAGTTGTTTCAGGCTGCGGATGATAAGATACTCTAGTTATGGAATTATCA  
 AGTTTTTCAGCTAATGGGAGTTAAGGAATTTCTCTCATATTGCAGTAAT  
 TACTAATTTAATGCCAACTCATTAGATTATCATGGGTCTTTGAAGAT  
 ATGTTGCTGCAAAATGGAATATCCAAAATCAAATGTCTTCATCTGATTTT  
 TTGGTACTTAATTTAATCAAGGTATTTCTAAAGAGTTAGCTAAAACCTAC  
 TAAAGCAACAATCGTTCTCTCTACTACGGAAAAAGTTGATGGTGCTT  
 ACGTACAAGACAAGCAACTTTCTATAAAGGGGAGAAATATTATGTCAGTA  
 GACGACATTGGTGTCCCAGGAAGCCATAACGTAGAGAATGCTCTAGCAAC  
 TATTGCGGTGCTAAACTAGCTGGTATCAGTAATCAAGTTATTAGAGAAA  
 CTTTAAGCAATTTTGGAGGTGTAAACACCGCTTGCAATCACTCGGTAAG  
 GTTCATGGTATTAGTTTCTATAACGACAGTAAGTCAACTAATATATTGGC  
 AACTCAAAAAGCATTATCTGGCTTTGATAATACTAAAGTTATCCTAATTG  
 CAGGAGGTCTTGATCGCGTAATGAGTTTGATGAATTGATACCAGATATC  
 ACTGGACTTAAGCATATGGTTGTTTATAGGGGAATCGGCATCTCGAGTAAA  
 ACGTGCTGCACAAAAGCAGGAGTAAGTTATAGCAATGCTTTAGATGTTA  
 GAgATGCgGTACATAAAGCTTATGAGGTGGCACAACAGGGCGATGTTATC  
 TTGTTmAGTcCTGCGAATGCATCATGGGACATGTATAAGAATTTTGAAGT  
 CCGTGGTGATGAATTCATTGATACTTTTCG

SEQ ID NO. 6710

STRAIN JM9130013

GGACGAGTAATGAAAACAATAACAACA

TTTGAAAATAAAAAAGTTTTAGTCCTTGGTTTAGCACGATCTGGAGAAGC  
 TGCTGCACGTTTGTAGCTAAGTTAGGAGCAATAGTGACAGTTAATGATG  
 GCAAACCATTTGATGAAAATCCAACAGCACAGTCTTTGTTGGAAGAGGGT  
 ATTAAGTGGTTTGTGGTAGTCATCCTTTAGAATTGtTAGATGAGGATTT  
 TTGTTACATGATTaAAAATCCAGGAATACCTTATAACAATCCTATGGTCA  
 AAAAAGCATTAGAAAAACAAATCCCTGTTTTGACTGAAGTGAATTAGCA  
 TACTTAGTTTTCAGAACTCAGCTAATAGGTATTACAGGCTCTAACGGGAA  
 AACGACAACGACAACGATGATTGCAGAAGTCTTAAATGCTGGAGGTGAGA  
 GAGGTTGTTAGCTGGGAATATCGGCTTTCTGCTAGTGAAGTTGTTGAG  
 GCTGCGAATGATAAAGATACTCTAGTTATGGAATTATCAAGTTTTCAGCT  
 AATGGGAGTTAAGGAATTTCTGCTCATATTGCAGTAATTACTAATTTAA  
 TGCCAACTCATTTAGATTATCATGGGTCTTTTGAAGATTATGTTGCTGCA  
 AAATGGAATATCCAAAATCAAATGTCTTCATCTGATTTTTTGGTACTTAA  
 TTTTATCAAGGTATTTCTAAAGAGTTAGCTAAAACCTACTAAAGCaACAA  
 TCGTTCCTTTCTCTACTACGGAAAAAGTTGATGGTGCTTACGTACAAGAC  
 AAGCAACTTTTCTATAAAGGGGAGAAATATTATGTCAGTAGATGACATTGG  
 TGTCCCAGGAAGCCATAACGTAGAGAATGCTCTAGCAACTATTGCGGGTGG  
 CTAACCTGGCTGGTATCAGTAATCAAGTTATTAGAGAAAACCTTAAAGCAAT  
 TTTGGAGGTGTAAACACCGCTTGCAATCACTCGGTAAGGTTTCATGGTAT  
 TAGtTTCTATAACGACAGCAAGTCAACTAATATATTGGCAACTCAAAAAG

## SEQUENCE LISTING

CATTATCTGGCTTTGATAATACTAAAGTTATCCTAATTGCAGGAGGTCTT  
 GATCGCAGTAATGAGTTTGATGAATTGATACCAGATATCACTGGACTTAA  
 ACATATGGTTGTTTTAGGGGAATCGGCATCTCGAGTAAACGTGCTGCAC  
 AAAAAGCAGGAGTAACCTTATAGCGATGCTTTAGATGTTAGAGATGCGGTA  
 CATAAAGCTTATGAGGTGGCACAAACAGGGCGATGTTATCTTGCTAAGTCC  
 TGCAAATGCATCATGGGACATGTATAAGAATTCGAAGTCCGTGGTGATG  
 AATTCATTGATACCTTCGAAAGTCTTAGAGGAGAG

## SEQ ID NO. 6710

STRAIN 2603

ggacgagtaaatgaaaacaataacaacatttgaaaaataaaaaagtttttagt  
 ccttggttttagcacgatctggagaagctgctgcacgtttgtagctaagt  
 taggagcaatagtgcaggttaatgatggcaaacatttgatgaaaatcca  
 acagcacagtcctttggttgaagaggggtattaaagtgggtttggttagtca  
 tcctttagaattgttagatgaggatttttgttacatgataaaaaatccag  
 gaataccttataacaactcctatggtcaaaaaagcattagaaaaacaaatc  
 cctggtttgactgaagtgaattagcatacttagtttcagaatctcagct  
 aatagggtattacaggctcctaacgggaaaaacgacaacgacaacgatgattg  
 cagaagtcttaaatgctggaggtcagagaggtttgtagctgggaatatac  
 ggctttcctgctagtgaagttgttcaggctgcgaatgataaagatactct  
 agttatggaattatcaagttttcagctaattgggagtttaaggaatttcgtc  
 ctcatattgcagtaattactaatttaagtccaactcatttagattatcat  
 gggctctttgaagattatggtgctgcaaaatggaatatccaaaatcaa  
 gtcttcacatctgatttttgggtacttaattttaatcaaggtatttctaag  
 agttagctaaaaactactaaagcaacaatcgcttcctttctctactacggaa  
 aaagttgatggtgcttacgtacaagacaagcaacttttctataaagggga  
 gaattatgtcagtagatgacattggtgtcccaggaagccataacgtag  
 agaatgctctagcaactattgctggtgtctaaactggctggtatcagta  
 caagttattagagaacttttaagcaattttggaggtgttaaacaccgctt  
 gcaatcactcggttaaggttcatggtattagtttctataacgacagcaagt  
 caactaatatattggcaactcaaaaagcattatctggctttgataatact  
 aaagttatcctaattgcaggaggtcttgatcgcggtaatgagtttgatga  
 attgataccagatatcactggacttaaacatatggttgttttaggggaat  
 cggcatctcgagtaaaaacgtgctgcacaaaaagcaggagtaacttatagc  
 gatgcttttagatggttagagatgcggtacataaagcttatgaggtggcaca  
 acagggcgatggttcttgctaagtcctgcaaatgcatcatgggacatgt  
 ataagaatttcgaagtcctggtgatgaattcattgatactttcgaaagt  
 cttagaggagag

## SEQ ID NO. 6711

STRAIN 090 frame: 3

ITTFENKKVLVLGLARSGEAAARLLAKLGAIVTVNDGKPFDENPTAQSLL EEGIKVVC GS  
 HPLELLEDFCYMIKNPGIPYNNPMVKKALEKQIPVLTEVELAYLVSESQ LIGITGSNGK  
 TTTTMMIAEVLNAGGQRGLLAGNIGFPASEVVQAADDKDILVMELSSFQ LMGVKEFRPHI  
 AVITNLMPTHLDDYHGSFEDYVAAKWNIONQMSSSDFVLNFNQGISKE LAKTTKATIVPF  
 STTEKVDGAYVQDKQLFYKGENIMLVDDIGVPGSHNVENALATIAVAKLAGISNQVIRET  
 LSNFGGVKHRLQSLGKVHGISFYNDKSTNILATQKALSGFDNTKVIL IAGGLDRGNEFD  
 ELIPDITGLKHMVVLGESASRVKRAAQKAGVTYS DALDVRDAVHKAYEVAQQGDVILLSP  
 ANASWDMYKNFEVRGDEFIDTFESLRGE

## SEQ ID NO. 6712

STRAIN A909 frame: 3

ITTFENKKVLVLGLARSGEAAARLLAKLGAIVTVNDGKPFDENPTAQSLL EEGIKVVC GS  
 HPLELLEDFCYMIKNPGIPYNNPMVKKALEKQIPVLTEVELAYLVSESQ LIGITGSNGK  
 TTTTMMIAEVLNAGGQRGLLAGNIGFPASEVVQAANDKDTLVMELSSFQ LMGVKEFRPHI  
 AVITNLMPTHLDDYHGSFEDYVAAKWNIONQMSSSDFVLNFNQGISKE LAKTTKATIVPF  
 STTEKVDGAYVQDKQLFYKGENIMSVDDIGVPGSHNVXNALATIAVAKLAGISNQVIRET  
 LSNFGGVKHRLQSLGKVHGISFYNDKSTNILATQKALSGFDNTKVIL IAGGLDRGNEFD  
 ELIPDITGLKHMVVLGESASRVKRAAQKAGVTYS DALDVRDAVHKAYEVAQQGDVILLSP  
 ANASWDMYKNFEVRGDEFIDTFESLRGE

## SEQ ID NO. 6713

STRAIN H36B frame: 1

GRVMKTTITTFENKKVLVLGLARSGEAAARLLAKLGAIVTVNDGKPFDENPTAQSLL EEGI

## SEQUENCE LISTING

KVVCGSHPLELLDEDFCYMIKNPGIPYNNPMVKKALEKQIPVLTEVELAYLVSESQILIGI  
TGSNGKTTTTTMTIAEVLNAGGQRLLAGNIGFPASEVVQAANDKDTLVMELSSFQLMGVK  
EFRPHIAVITNLMPTHLDYHGSFEDYVAAKWNIONQMSSSDFLVNFNQGISKEKAKTTK  
ATIVPFSTTEKVDGAYVQDKQLFYKGENIMSVDDIGVPGSHNVENALATIIVAKLAGISN  
QVIRETLSNFGGVKHLRQLSLGKVHGISFYNDKSKSTNILATQKALSGFDNTKVILIAGGLD  
RGNEFDELIPDITGLKHMVVLGESASRVKRAAQKAGVTYS DALDVDAVHKAYEVAQQGD  
VILLSPANASWDMYKNFEVRGDEFIDTFESLRGE

## SEQ ID NO. 6714

STRAIN 18RS21 frame: 1

GRVMKTITTFENKKVLVLGLARSGEAAARLLAKLGAIVTVNDGKPFDENPTAQSLLLEEGI  
KVVCGSHPLELLDEDFCYMIKNPGIPYNNPMVKKALEKQIPVLTEVELAYLVSESQILIGI  
TGSNGKTTTTTMTIAEVLNAGGQRLLAGNIGFPASEVVQAANDKDTLVMELSSFQLMGVK  
EFRPHIAVITNLMPTHLDYHGSFEDYVAAKWNIONQMSSSDFLVNFNQGISKEKAKTTK  
ATIVPFSTTEKVDGAYVQDKQLFYKGENIMSVDDIGVPGSHNVENALATIIVAKLAGISN  
QVIRETLSNFGGVKHLRQLSLGKVHGISFYNDKSKSTNILATQKALSGFDNTKVILIAGGLD  
RGNEFDELIPDITGLKHMVVLGESASRVKRAAQKAGVTYS DALDVDAVHKAYEVAQQGD  
VILLSPANASWDMYKNFEVRGDEFIDTFESLRGE

## SEQ ID NO. 6715

STRAIN M732 frame: 1

GRVMKTITTFENKKVLVLGLARSGEAAARLLAKLGAIVTVNDGKPFDENPTAQSLLLEEGI  
KVVCGSHPLELLDEDFCYMIKNPGIPYNNPMVKKALEKQIPVLTEVELAYLVSESQILIGI  
TGSNGKTTTTTMTIAEVLNAGGQRLLAGNIGFPASEVVQAADDKDILVMELSSFQLMGVK  
EFRPHIAVITNLMPTHLDYHGSFEDYVAAKWNIONQMSSSDFLVNFNQGISKEKAKTTK  
ATIVPFSTTEKVDGAYVQDKQLFYKGENIMSVDDIGVPGSHNVENALATIIVAKLAGISN  
QVIRETLSNFGGVKHLRQLSLGKVHGISFYNDKSKSTNILATQKALSGFDNTKVILIAGGLD  
RGNEFDELIPDITGLKHMVVLGESASRVKRAAQKAGVTYS DALDVDAVHKAYEVAQQGD  
VILLSPANASWDMYKNFEVRGDEFIDTFESLRGE

## SEQ ID NO. 6716

STRAIN COH1 frame: 1

GRVMKTITTFENKKVLVLGLARSGEAAARLLAKLGAIVTVNDGKPFDENPTAQSLLLEEGI  
KVVCGSHPLELLDEDFCYMIKNPGIPYNNPMVKKALEKQIPVLTEVELAYLVSESQILIGI  
TGSNGKTTTTTMTIAEVLNAGGQRLLAGNIGFPASEVVQAADDKDILVMELSSFQLMGVK  
EFRPHIAVITNLMPTHLDYHGSFEDYVAAKWNIONQMSSSDFLVNFNQGISKEKAKTTK  
ATIVPFSTTEKVDGAYVQDKQLFYKGENIMSVDDIGVPGSHNVENALATIIVAKLAGISN  
QVIRETLSNFGGVKHLRQLSLGKVHGISFYNDKSKSTNILATQKALSGFDNTKVILIAGGLD  
RGNEFDELIPDITGLKHMVVLGESASRVKRAAQKAGVTYS DALDVDAVHKAYEVAQQGD  
VILLSPANASWDMYKNFEVRGDEFIDTFE

## SEQ ID NO. 6717

STRAIN M781 frame: 1

GRVMKTITTFENKKVLVLGLARSGEAAARLLAKLGAIVTVNDGKPFDENPTAQSLLLEEGI  
KVVCGSHPLELLDEDFCYMIKNPGIPYNNPMVKKALEKQIPVLTEVELAYLVSESQILIGI  
TGSNGKTTTTTMTIAEVLNAGGQRLLAGNIGFPASEVVQAADDKDILVMELSSFQLMGVK  
EFRPHIAVITNLMPTHLDYHGSFEDYVAAKWNIONQMSSSDFLVNFNQGISKEKAKTTK  
ATIVPFSTTEKVDGAYVQDKQLFYKGENIMSVDDIGVPGSHNVENALATIIVAKLAGISN  
QVIRETLSNFGGVKHLRQLSLGKVHGISFYNDKSKSTNILATQKALSGFDNTKVILIAGGLD  
RGNEFDELIPDITGLKHMVVLGESASRVKRAAQKAGVTYS DALDVDAVHKAYEVAQQGD  
VILLSPANASWDMYKNFEVRGDEFIDTFESLRGE

## SEQ ID NO. 6718

STRAIN CJB110 frame: 1

GRVMKTITTFENKKVLVLGLARSGEAAARLLAKLGAIVTVNDGKPFDENPTAQSLLLEEGI  
KVVCGSHPLELLDEDFCYMIKNPGIPYNNPMVKKALEKQIPVLTEVELAYLVSESQILIGI  
TGSNGKTTTTTMTIAEVLNAGGQRLLAGNIGFPASEVVQAADDKDILVMELSSFQLMGVK  
EFRPHIAVITNLMPTHLDYHGSFEYVAAKWNIONQMSSSDFLVNFNQGISKEKAKTTK  
ATIVPFSTTEKVDGAYVQDKQLFYKGENIMLVDDIGVPGSHNVENALATIIVAKLAGISN  
QVIRETLSNFGGVKHLRQLSLGKVHGISFYNDKSKSTNILATQKALSGFDNTKVILIAGGLD  
RGNEFDELIPDITGLKHMVVLGESASRVKRAAQKAGVTYS DALDVDAVHKAYEVAQQGD  
VILLSPANASWDMYKNFEVRGDEFIDTFESLRGE

## SEQ ID NO. 6719

STRAIN 1169NT frame: 3

ITTFENKKVLVLGLARSGEAAARLLAKLGAIVTVNDGKPFDENPTAQSLLLEEGIKVVCGS

## SEQUENCE LISTING

HPLELLDEDFCYMIKNPGIPYNNPMVKKALEKQIPVLTEVELAYLVSESQSIGITGSNGK  
 TTTTMMIAEVLNAGGQRLLAGNIGFPASEVVQAADDKDTLVMELSSFQLMGVKEFRPHI  
 AVITNLMPTHLDYHGSFEDYVAAKWNINQMSSSDFVLNFNQGISKEKAKTTKATIVPF  
 STTEKVDGAYVQDKQLFYKGENIMSVDDIGVPGSHNVENALATIIVAKLAGISNQVIRET  
 LSNFSGGVKHLRLQSLGKVHGISFYNDKSKSTNILATQKALSGFDNTKVILIAGGLDRGNEFD  
 ELIPDITGLKHMVVLGESASRVKRAAQKAGVTYSNLDVDRDAVHKAYEVAQQGDVILXSP  
 ANASWDMYKNFEVRGDEFIDTF

## SEQ ID NO. 6720

STRAIN JM9130013 frame: 1

GRVMKTITTFENKKVLVLGLARSGEAAARLLAKLGAIVTVNDGKPFDENPTAQSLLLEEGI  
 KVVCGSHPLELLDEDFCYMIKNPGIPYNNPMVKKALEKQIPVLTEVELAYLVSESQSIGI  
 TGSNGKTTTTMMIAEVLNAGGQRLLAGNIGFPASEVVQAANDKDTLVMELSSFQLMGVK  
 EFRPHIAVITNLMPTHLDYHGSFEDYVAAKWNINQMSSSDFVLNFNQGISKEKAKTTK  
 ATIVPFSTTEKVDGAYVQDKQLFYKGENIMSVDDIGVPGSHNVENALATIIVAKLAGISN  
 QVIRETLSNFSGGVKHLRLQSLGKVHGISFYNDKSKSTNILATQKALSGFDNTKVILIAGGLD  
 RSNEFDELIPDITGLKHMVVLGESASRVKRAAQKAGVTYSNLDVDRDAVHKAYEVAQQGD  
 VILLSPANASWDMYKNFEVRGDEFIDTFESLRGE

## SEQ ID NO. 6721

STRAIN 2603 frame: 1

GRVMKTITTFENKKVLVLGLARSGEAAARLLAKLGAIVTVNDGKPFDENPTAQSLLLEEGI  
 KVVCGSHPLELLDEDFCYMIKNPGIPYNNPMVKKALEKQIPVLTEVELAYLVSESQSIGI  
 TGSNGKTTTTMMIAEVLNAGGQRLLAGNIGFPASEVVQAANDKDTLVMELSSFQLMGVK  
 EFRPHIAVITNLMPTHLDYHGSFEDYVAAKWNINQMSSSDFVLNFNQGISKEKAKTTK  
 ATIVPFSTTEKVDGAYVQDKQLFYKGENIMSVDDIGVPGSHNVENALATIIVAKLAGISN  
 QVIRETLSNFSGGVKHLRLQSLGKVHGISFYNDKSKSTNILATQKALSGFDNTKVILIAGGLD  
 RGNEFDELIPDITGLKHMVVLGESASRVKRAAQKAGVTYSNLDVDRDAVHKAYEVAQQGD  
 VILLSPANASWDMYKNFEVRGDEFIDTFESLRGE

## SEQ ID NO. 6801

STRAIN 2603

ATGGCTAAAGAGGGTAGATGTTCTTGCCCTATAAACAGGGACTTTTTGATACACGAGAG  
 CAAGCGAAACGTGGTGTTATGGCAGGAATGGTGATTAACGTTATCAATGGAGAACGTTAT  
 GATAAACAGGTGAAAAGGTTGCAGACGATACTGAATTAACCTAAAAGGTGAAAACTA  
 AAATATGTTAGTAGAGGTGGATTGAAATTAGAAAAAGCTTTACAAGTTTTTGAAATTTCA  
 GTTGCAGATAAGCTAACTATAGATATTGGCGCCTCTACGGGTGGTTTTACTGATGTTATG  
 CTACAATCAGGAGCGCGTTTAGTTTACGCAGTAGATGTAGGAACAAATCAATTAGTTTGG  
 AAGTTACGTGAGGATCATCGTGTTCTGTTCTATGGAACAAATATAATTTAGGTATGCCCAA  
 AAAGAAGATTTCAAGGAGGGACTGCCTGAATTTGCATCGATAGATGTCTCATTTATCTCT  
 CTTAATTTGATTTTACAGCTCTAAAAGAAATTTTAGTGGATGGTGGACAAGTAGTGGCA  
 TTAATTAACACCAATTTGAAGCAGGTCGTGAGCAAATTTGGTAAAAATGGTATTGTCAA  
 GACAAGTTGGTTTCATGAAAAGGTTTTGACAACAGTGACCAATTTACGAAAGATTATGGA  
 TATACGGTTAAACATCTTGATTTTTCGCCCATTCAGGTGGACATGGAAATATTGAGTTT  
 TTAATGCATTTGCAAAAGTGTCAAGATCCACAAATCTTGCTTGACCAATACAAGAT  
 GTTATAGAAAAAGCACATAAGGAATTTAAGAAAAATGAAGAAGAG

## SEQ ID NO. 6802

STRAIN 090

GCTAAAGAGAGGGTAGATGTTCTTGCCCT  
 ATAAACAGGGACTTTTTGATACACGAGAGCAAGCGAAACGTGGTGTTATG  
 GCAGGAATGGTGATTAACGTTATCAATGGAGAACGTTATGATAAACAGG  
 TGAAAAGGTTGCAGACGATACTGAATTAACCTAAAAGGTGAAAACTAA  
 AATATGTTAGTAGAGGTGGATTGAAATTAGAAAAAGCTTTACAAGTTTTT  
 GAAATTTCAAGTTGCAGATAAGCTAACTATAGATATTGGCGCCTCTACGGG  
 TGGTTTTACTGATGTATGCTACAATCAGGAGCGCGTTTAGTTTACGCAG  
 TAGATGTAGGAACAAATCAATTAGTTTGGAAAGTTACGTCAGGATCATCGT  
 GTTCGTTCTATGGAACAAATATAATTTTAGGTATGCCCAAAAAGAAGATTT  
 CAAGGAGGGACTGCCTGAATTTGCATCGATAGATGTCTCATTTATCTCTC  
 TTAATTTGATTTTACCAGCTCTAAAAGAAATTTTAGTGGATGGTGGACAA  
 GTAGTGGCAATTAATTAACACCAATTTGAAGCAGGTCGTGAGCAAATTTGG  
 TAAAAATGGTATTGTCAAAGACAAGTTGGTTCATGAAAAGGTTTTGACAA  
 CAGTGACCAATTTACGAAAGATTATGGATATACGGTTAAACATCTTGAT  
 TTTTCGCCCATTCAGGTGGACATGGAAATATTGAGTTTTAATGCATTT

## SEQUENCE LISTING

GCAAAAGTGTCAAGATCCACAAAATCTTGTGCTTGACCAAATACAAGATG  
TTATAGAAAAAGCACATAAGGAATTTAAGAAAAATGAAGAAGAG

## SEQ ID NO. 6803

STRAIN A909

GCTAAAGAGAGGGTAGATGTTCTTGCCTA  
TAAACAGGGACTTTTGTATACACGAGAGCAAGCGAAACGTGGTGTATGG  
CAGGAATGGTGATTAACGTTATCAATGGAGAACGTTATGATAAACCAGGT  
GAAAAGGTTGCAGACGATACTGAATTAATACTAAAAGGTGAAAACTAAA  
ATATGTTAGTAGAGGTGGATTGAAATTAGAAAAAGCTTTACAAGTTTTG  
AAATTTCAAGTTGCAGATAAGCTAACTATAGATATTGGCGCCTCTACGGGT  
GGTTTTACTGATGTTATGCTACAATCAGGAGCGCGTTTAGTTTACGCAGT  
AGATGTAGGAACAAATCAATTAGTTTGGAAAGTTACGTCAGGATCATCGTG  
TTCGTTCTATGGAACAATATAATTTTAGGTATGCCCCAAAAGAAGATTTT  
AAGGAGGGACTGCCTGAATTTGCATCGATAGATGTCTCATTTATCTCTCT  
TAATTTGATTTTACCAGCTCTAAAAGAAATTTTAGTGGATGGTGGACAAG  
TAGTGGCATTAAATTAACCACAATTTGAAGCAGGTCGTGAGCAAATGGT  
AAAAATGGTATTGTCAAAGACAAGTTGGTTCATGAAAAGGTTTTGACAAC  
AGTGACCAATTTACGAAAGATTATGGATATACGGTTAAACATCTTGATT  
TTTCGCCCCATTCAAGGTGGACATGGAAATATTGAGTTTTTAATGCATTTG  
CAAAAGTGTCAAGATCCACAAAATCTTGTGCTTGACCAAATACAAGATGT  
TATAGAAAAAGCACATAAGGAATTTAAGAAAAATGAAGAAGAG

## SEQ ID NO. 6804

STRAIN H36B

GCTAAAGAGAGGGTAGATGTTCTTGCCTATAAACAGG  
GACTTTTTGTATACACGAGAGCAAGCGAAACGTGGTGTATGGCAGGAATG  
GTGATTAACGTTATCAATGGAGAACGTTATGATAAACCAGGTGAAAAGGT  
TGCAGACGATACTGAATTAATACTAAAAGGTGAAAACTAAAATATGTTA  
GTAGAGGTGGATTGAAATTAGAAAAAGCTTTACAAGTTTTTGAAATTTCA  
GTTGCAGATAAGCTAACTATAGATATTGGCGCCTCTACGGGTGGTTTTAC  
TGATGTTATGCTACAATCAGGAGCGCGTTTAGTTTACGCAGTAGATGTAG  
GAACAAATCAATTAGTTTGGAAAGTTACGTCAGGATCATCGTGTTCGTTCT  
ATGGAACAATATAATTTTAGGTATGCCCCAAAAGAAGATTTCAAGGAGGG  
ACTGCCTGAATTTGCATCGATAGATGTCTCATTTATCTCTCTTAATTTGA  
TTTTACCAGCTCTAAAAGAAATTTTAGTGGATGGTGGACAAGTAGTGGCA  
TTAATTAACCACAATTTGAAGCAGGTCGTGAGCAAATTTGGTAAAAATGG  
TATTGTCAAAGACAAGTTGGTTCATGAAAAGGTTTTGACAACAGTGACCA  
ATTTACGAAAGATTATGGATATACGGTTAAACATCTTGATTTTTTCGCCC  
ATTCAGGTGGACATGGAAATATTGAGTTTTTAATGCATTTGCAAAAGTG  
TCAAGATCCACAAAATCTTGTGCTTGACCAAATACAAGATGTTATAGAAA  
AAGCACATAAGGAATTTAAGAAAAATGAAGAAGAG

## SEQ ID NO. 6805

STRAIN 18RS21

GCTAAAGAGAGGGTAGATGTTCTTGCCTA  
TAAACAGGGACTTTTGTATACACGAGAGCAAGCGAAACGTGGTGTATGG  
CAGGAATGGTGATTAACGTTATCAATGGAGAACGTTATGATAAACCAGGT  
GAAAAGGTTGCAGACGATACTGAATTAATACTAAAAGGTGAAAACTAAA  
ATATGTTAGTAGAGGTGGATTGAAATTAGAAAAAGCTTTACAAGTTTTTG  
AAATTTCAAGTTGCAGATAAGCTAACTATAGATATTGGCGCCTCTACGGGT  
GGTTTTACTGATGTTATGCTACAATCAGGAGCGCGTTTAGTTTACGCAGT  
AGATGTAGGAACAAATCAATTAGTTTGGAAAGTTACGTCAGGATCATCGTG  
TTCGTTCTATGGAACAATATAATTTTAGGTATGCCCCAAAAGAAGATTTT  
AAGGAGGGACTGCCTGAATTTGCATCGATAGATGTCTCATTTATCTCTCT  
TAATTTGATTTTACCAGCTCTAAAAGAAATTTTAGTGGATGGTGGACAAG  
TAGTGGCATTAAATTAACCACAATTTGAAGCAGGTCGTGAGCAAATTTGGT  
AAAAATGGTATTGTCAAAGACAAGTTGGTTCATGAAAAGGTTTTGACAAC  
AGTGACCAATTTACGAAAGATTATGGATATACGGTTAAACATCTTGATT  
TTTCGCCCCATTCAAGGTGGACATGGAAATATTGAGTTTTTAATGCATTTG  
CAAAAGTGTCAAGATCCACAAAATCTTGTGCTTGACCAAATACAAGATGT  
TATAGAAAAAGCACATAAGGAATTTAAGAAAAATGAAGAAGAG

## SEQ ID NO. 6806



## SEQUENCE LISTING

## STRAIN M732

GCTAAAGAGAGGGTAGATGTTCTTGCCTA  
TAAACAGGGGACTTTTTGATACACGAGAGCAAGCGAAACGTGGTGTATGG  
CAGGACTGGTGATTAACGTTATCAATGGAGAACGTTATGATAAACCAGGC  
GAAAAGGTTGCAGACGATACTGAATTAAGCTAAAGGTGAAAACTAAA  
ATATGTTAGTAGAGGTGGATTGAAATTAGAAAAAGCTTTACAAGTTTTTG  
AAATTTAGTTGCAGATAAGCTAACTATAGATATTGGCGCCTCTACGGGT  
GGTTTTACTGATGTTATGCTACAATCAGGAGCGCGTTAGTTTACGCAGT  
AGATGTAGGAACAAATCAATTAGTTTGAAGTTACGTCAGGATCATCGTG  
TTCGTTCTATGGAACAATATAATTTTAGGTATGCCCAAAAAGAAGATTTT  
AAGGAGGGACTGCCTGAATTTGCATCGATAGATGTCTCATTTATCTCTCT  
TAATTTGATTTTACCAGCTCTAAAAGAAATTTTAGTGATGGTGGACAAG  
TAGTGGCATTAAATTAACCACAATTTGAAGCAGGTCGTGAGCAAATGGT  
AAAAATGGTATTGTCAAAGACAAGTTGGTTCATGAAAAGGTTTTGACAAC  
AGTGACCAATTTACGAAAGATTATGGATATACGGTTAAACATCTTGATT  
TTTCGCCCGTTCAAGGTGGACATGGAAATATTGAGTTTTTAATGCATTTG  
CAAAAGTGTCAAGATCCACAAATCTTGTGCTTGACCAAATACAAGATGT  
TATAGAAAAAGCACATAAGGAATTTAAGAAAAATGAAGAAGAG

## SEQ ID NO. 6807

## STRAIN COH1

GCTAAAGAGAGGGTAGATGTTCTTGCCT  
ATAAACAGGGGACTTTTTGATACACGAGAGCAAGCGAAACGTGGTGTATG  
GCAGGACTGGTGATTAACGTTATCAATGGAGAACGTTATGATAAACCAGG  
CGAAAAGGTTGCAGACGATACTGAATTAAGCTAAAGGTGAAAACTAA  
AATATGTTAGTAGAGGTGGATTGAAATTAGAAAAAGCTTTACAAGTTTTT  
GAAATTTAGTTGCAGATAAGCTAACTATAGATATTGGCGCCTCTACGGG  
TGGTTTTACTGATGTTATGCTACAATCAGGAGCGCGTTAGTTTACGCAG  
TAGATGTAGGAACAAATCAATTAGTTTGAAGTTACGTCAGGATCATCGT  
GTTCGTTCTATGGAACAATATAATTTTAGGTATGCCCAAAAAGAAGATTT  
CAAGGAGGGACTGCCTGAATTTGCATCGATAGATGTCTCATTTATCTCTC  
TTAATTTGATTTTACCAGCTCTAAAAGAAATTTTAGTGATGGTGGACAA  
GTAGTGGCATTAAATTAACCACAATTTGAAGCAGGTCGTGAGCAAATGG  
TAAAATGGTATTGTCAAAGACAAGTTGGTTCATGAAAAGGTTTTGACAA  
CAGTGACCAATTTACGAAAGATTATGGATATACGGTTAAACATCTTGAT  
TTTTCGCCCGTTCAAGGTGGACATGGAAATATTGAGTTTTTAATGCATTT  
GCAAAAGTGTCAAGATCCACAAATCTTGTGCTTGACCAAATACAAGATG  
TTATAGAAAAAGCACATAAGGAATTTAAGAAAAATGAAGAAGAG

## SEQ ID NO. 6808

## STRAIN M781

GCTAAAGAGAGGGTAGATGTTCTTGCCT  
ATAAACAGGGGACTTTTTGATACACGAGAGCAAGCGAAACGTGGTGTATG  
GCAGGACTGGTGATTAACGTTATCAATGGAGAACGTTATGATAAACCAGG  
CGAAAAGGTTGCAGACGATACTGAATTAAGCTAAAGGTGAAAACTAA  
AATATGTTAGTAGAGGTGGATTGAAATTAGAAAAAGCTTTACAAGTTTTT  
GAAATTTAGTTGCAGATAAGCTAACTATAGATATTGGCGCCTCTACGGG  
TGGTTTTACTGATGTTATGCTACAATCAGGAGCGCGTTAGTTTACGCAG  
TAGATGTAGGAACAAATCAATTAGTTTGAAGTTACGTCAGGATCATCGT  
GTTCGTTCTATGGAACAATATAATTTTAGGTATGCCCAAAAAGAAGATTT  
CAAGGAGGGACTGCCTGAATTTGCATCGATAGATGTCTCATTTATCTCTC  
TTAATTTGATTTTACCAGCTCTAAAAGAAATTTTAGTGATGGTGGACAA  
GTAGTGGCATTAAATTAACCACAATTTGAAGCAGGTCGTGAGCAAATGG  
TAAAATGGTATTGTCAAAGACAAGTTGGTTCATGAAAAGGTTTTGACAA  
CAGTGACCAATTTACGAAAGATTATGGATATACGGTTAAACATCTTGAT  
TTTTCGCCCGTTCAAGGTGGACATGGAAATATTGAGTTTTTAATGCATTT  
GCAAAAGTGTCAAGATCCACAAATCTTGTGCTTGACCAAATACAAGATG  
TTATAGAAAAAGCACATAAGGAATTTAAGAAAAATGAAGAAGAG

## SEQ ID NO. 6809

## STRAIN CJB110

GCTAAAGAGAGGGTAGATGTTCTTGCCTA  
TAAACAGGGGACTTTTTGATACACGAGAGCAAGCGAAACGTGGTGTATGG  
CAGGAATGGTGATTAACGTTATCAATGGAGAACGTTATGATAAACCAGGT

## SEQUENCE LISTING

GAAAAGGTTGCAGACGATACTGAATTAATACTAAAAGGTGAAAACTAAA  
 ATATGTTAGTAGAGGTGGATTGAAATTAGAAAAAGCTTTACAAGTTTTTG  
 AAATTTTCAGTTGCAGATAAGCTAACTATAGATATTGGCGCCTCTACGGGT  
 GGTTTTACTGATGTTATGCTACAATCAGGAGCGCGTTTAGTTTACGCAGT  
 AGATGTAGGAACAAATCAATTAGTTTGAAGTTACGTCAAGGATCATCGTG  
 TTCGTTCTATGGAACAATATAATTTTAGGTATGCCAAAAAGAAGATTTC  
 AAGGAGGGACTGCCTGAATTTGCATCGATAGATGTCTCATTTATCTCTCT  
 TAATTTGATTTTACCAGCTCTAAAAGAAATTTTAGTGGATGGTGGACAAG  
 TAGTGGCATTAAATTAACCACAATTTGAAGCAGGTCGTGAGCAAATTGGT  
 AAAAATGGTATTGTCAAAGACAAGTTGGTTCATGAAAAGGTTTTGACAAC  
 AGTGACCAATTTACGAAAGATTATGGATATACGGTTAAACATCTTGATT  
 TTTGCCCCATTCAAGGTGGACATGGAATATTGAGTTTTTAATGCATTTG  
 CAAAAGTGTCAAGATCCACAAAATCTTGTGCTTGACCAAATACAAGATGT  
 TATAGAAAAAGCACATAAGGAATTTAAGAAAAATGAAGAAGAG

## SEQ ID NO. 6810

STRAIN 1169NT

GCTAAAGAGAGGGTAGATGTTCTTGCCTA

TAAACAGGGACTTTTTGATACACGAGAGCAAGCGAAACGTGGTGTATGG  
 CAGGACTGGTGATTAAACGTTATCAATGGAGAACGTTATGATAAACCAGGC  
 GAAAAGGTTGCAGACGATACTGAATTAATACTAAAAGGTGAAAACTAAA  
 ATATGTTAGTAGAGGTGGATTGAAATTAGAAAAAGCTTTACAAGTTTTTG  
 AAATTTTCAGTTGCAGATAAGCTAACTATAGATATTGGCGCCTCTACGGGT  
 GGTTTTACTGATGTTATGCTACAATCAGGAGCGCGTTTAGTTTACGCAGT  
 AGATGTAGGAACAAATCAATTAGTTTGAAGTTACGTCAAGGATCATCGTG  
 TTCGTTCTATGGAACAATATAATTTTAGGTATGCCAAAAAGAAGATTTC  
 AAGGAGGGACTGCCTGAATTTGCATCGATAGATGTCTCATTTATCTCTCT  
 TAATTTGATTTTACCAGCTCTAAAAGAAATTTTAGTGGATGGTGGACAAG  
 TAGTGGCATTAAATTAACCACAATTTGAAGCAGGTCGTGAGCAAATTGGT  
 AAAAATGGTATTGTCAAAGACAAGTTGGTTCATGAAAAGGTTTTGACAAC  
 AGTGACCAATTTACGAAAGATTATGGATATACGGTTAAACATCTTGATT  
 TTTGCCCCATTCAAGGTGGACATGGAATATTGAGTTTTTAATGCATTTG  
 CAAAAGTGTCAAGATCCACAAAATCTTGTGCTTGACCAAATACAAGATGT  
 TATAGAAAAAGCACATAAGGAATTTAAGAAAAATGAAGAAGAG

## SEQ ID NO. 6811

STRAIN JM9130013

GCTAAAGAGAGGGTAGATGTTCTTGCCTA

TAAACAGGGACTTTTTGATACACGAGAGCAAGCGAAACGTGGTGTATGG  
 CAGGAATGGTGATTAAACGTTATCAATGGAGAACGTTATGATAAACCAGGT  
 GAAAAGGTTGCAGACGATACTGAATTAATACTAAAAGGTGAAAACTAAA  
 ATATGTTAGTAGAGGTGGATTGAAATTAGAAAAAGCTTTACAAGTTTTTG  
 AAATTTTCAGTTGCAGATAAGCTAACTATAGATATTGGCGCCTCTACGGGT  
 GGTTTTACTGATGTTATGCTACAATCAGGAGCGCGTTTAGTTTACGCAGT  
 AGATGTAGGAACAAATCAATTAGTTTGAAGTTACGTCAAGGATCATCGTG  
 TTCGTTCTATGGAACAATATAATTTTAGGTATGCCAAAAAGAAGATTTC  
 AAGGAGGGACTGCCTGAATTTGCATCGATAGATGTCTCATTTATCTCTCT  
 TAATTTGATTTTACCAGCTCTAAAAGAAATTTTAGTGGATGGTGGACAAG  
 TAGTGGCATTAAATTAACCACAATTTGAAGCAGGTCGTGAGCAAATTGGT  
 AAAAATGGTATTGTCAAAGACAAGTTGGTTCATGAAAAGGTTTTGACAAC  
 AGTGACCAATTTACGAAAGATTATGGATATACGGTTAAACATCTTGATT  
 TTTGCCCCATTCAAGGTGGACATGGAATATTGAGTTTTTAATGCATTTG  
 CAAAAGTGTCAAGATCCACAAAATCTTGTGCTTGACCAAATACAAGATGT  
 TATAGAAAAAGCACATAAGGAATTTAAGAAAAATGAAGAAGAG

## SEQ ID NO. 6812

STRAIN 2603 frame: 1

MAKERVVDVLAYKQGLFDTREQAKRGVMAGMVINVINGERYDKPGEKVADDTELKLGKELK  
 YVSRGGLKLEKALQVFEISVADKLTIDIGASTGGFTDVMLQSGARLVYAVDVGNTQNLVWK  
 LRQDHRVRSMEQYNFRYAQKEDFKEGLPEFASIDVSVFISLNLILPALKEILVDGGQVVAL  
 IKPQFEAGREQIGKNGIWKDKLVHEKVLTTVTNFTKDYGYTVKHLDFSPIQGGHGNIEFL  
 MHLQKCQDPQNLVLDDIQDVIEKAHKEFKKNEEE

## SEQ ID NO. 6813

## SEQUENCE LISTING

STRAIN 090 frame: 1

AKERVDVLAYKQGLFDTREQAKRGVMAGMVINVINGERYDKPGEKVADDTELKLKGEKLG  
YVSRGGLKLEKALQVFEISVADKLTIDIGASTGGFTDVMLQSGARLVYAVDVG TNQLVWK  
LRQDHRVRSMEQYNFRYAQKEDFKEGLPEFASIDVSFISLNLILPALKEILVDGGQVVAL  
IKPQFEAGREQIGKNGIVKDKLVHEKVLTTVTNFTKDYGYTVKHLDFSPIQGGHGNIEFL  
MHLQKCQDPQNLVLDQIQDVIEKAHKEFKKNEEE

SEQ ID NO. 6814

STRAIN A909 frame: 1

AKERVDVLAYKQGLFDTREQAKRGVMAGMVINVINGERYDKPGEKVADDTELKLKGEKLG  
YVSRGGLKLEKALQVFEISVADKLTIDIGASTGGFTDVMLQSGARLVYAVDVG TNQLVWK  
LRQDHRVRSMEQYNFRYAQKEDFKEGLPEFASIDVSFISLNLILPALKEILVDGGQVVAL  
IKPQFEAGREQIGKNGIVKDKLVHEKVLTTVTNFTKDYGYTVKHLDFSPIQGGHGNIEFL  
MHLQKCQDPQNLVLDQIQDVIEKAHKEFKKNEEE

SEQ ID NO. 6815

STRAIN 18RS21 frame: 1

AKERVDVLAYKQGLFDTREQAKRGVMAGMVINVINGERYDKPGEKVADDTELKLKGEKLG  
YVSRGGLKLEKALQVFEISVADKLTIDIGASTGGFTDVMLQSGARLVYAVDVG TNQLVWK  
LRQDHRVRSMEQYNFRYAQKEDFKEGLPEFASIDVSFISLNLILPALKEILVDGGQVVAL  
IKPQFEAGREQIGKNGIVKDKLVHEKVLTTVTNFTKDYGYTVKHLDFSPIQGGHGNIEFL  
MHLQKCQDPQNLVLDQIQDVIEKAHKEFKKNEEE

SEQ ID NO. 6816

STRAIN M732 frame: 1

AKERVDVLAYKQGLFDTREQAKRGVMAGLVINVINGERYDKPGEKVADDTELKLKGEKLG  
YVSRGGLKLEKALQVFEISVADKLTIDIGASTGGFTDVMLQSGARLVYAVDVG TNQLVWK  
LRQDHRVRSMEQYNFRYAQKEDFKEGLPEFASIDVSFISLNLILPALKEILVDGGQVVAL  
IKPQFEAGREQIGKNGIVKDKLVHEKVLTTVTNFTKDYGYTVKHLDFSPVQGGHGNIEFL  
MHLQKCQDPQNLVLDQIQDVIEKAHKEFKKNEEE

SEQ ID NO. 6817

STRAIN COH1 frame: 1

AKERVDVLAYKQGLFDTREQAKRGVMAGLVINVINGERYDKPGEKVADDTELKLKGEKLG  
YVSRGGLKLEKALQVFEISVADKLTIDIGASTGGFTDVMLQSGARLVYAVDVG TNQLVWK  
LRQDHRVRSMEQYNFRYAQKEDFKEGLPEFASIDVSFISLNLILPALKEILVDGGQVVAL  
IKPQFEAGREQIGKNGIVKDKLVHEKVLTTVTNFTKDYGYTVKHLDFSPVQGGHGNIEFL  
MHLQKCQDPQNLVLDQIQDVIEKAHKEFKKNEEE

SEQ ID NO. 6818

STRAIN M781 frame: 1

AKERVDVLAYKQGLFDTREQAKRGVMAGLVINVINGERYDKPGEKVADDTELKLKGEKLG  
YVSRGGLKLEKALQVFEISVADKLTIDIGASTGGFTDVMLQSGARLVYAVDVG TNQLVWK  
LRQDHRVRSMEQYNFRYAQKEDFKEGLPEFASIDVSFISLNLILPALKEILVDGGQVVAL  
IKPQFEAGREQIGKNGIVKDKLVHEKVLTTVTNFTKDYGYTVKHLDFSPVQGGHGNIEFL  
MHLQKCQDPQNLVLDQIQDVIEKAHKEFKKNEEE

SEQ ID NO. 6819

STRAIN CJB110 frame: 1

AKERVDVLAYKQGLFDTREQAKRGVMAGMVINVINGERYDKPGEKVADDTELKLKGEKLG  
YVSRGGLKLEKALQVFEISVADKLTIDIGASTGGFTDVMLQSGARLVYAVDVG TNQLVWK  
LRQDHRVRSMEQYNFRYAQKEDFKEGLPEFASIDVSFISLNLILPALKEILVDGGQVVAL  
IKPQFEAGREQIGKNGIVKDKLVHEKVLTTVTNFTKDYGYTVKHLDFSPIQGGHGNIEFL  
MHLQKCQDPQNLVLDQIQDVIEKAHKEFKKNEEE

SEQ ID NO. 6820

STRAIN 1169NT frame: 1

AKERVDVLAYKQGLFDTREQAKRGVMAGLVINVINGERYDKPGEKVADDTELKLKGEKLG  
YVSRGGLKLEKALQVFEISVADKLTIDIGASTGGFTDVMLQSGARLVYAVDVG TNQLVWK  
LRQDHRVRSMEQYNFRYAQKEDFKEGLPEFASIDVSFISLNLILPALKEILVDGGQVVAL  
IKPQFEAGREQIGKNGIVKDKLVHEKVLTTVTNFTKDYGYTVKHLDFSPIQGGHGNIEFL  
MHLQKCQDPQNLVLDQIQDVIEKAHKEFKKNEEE

SEQ ID NO. 6821

## SEQUENCE LISTING

STRAIN JM9130013 frame: 1

AKERVDVLAYKQGLFDTREQAKRGVMAGMVINVINGERYDKPGEKVADDTELKLKGEKLK  
YVSRGGLKLEKALQVFEISVADKLTIDIGASTGGFTDVMLQSGARLVYAVDVGTNQLVWK  
LRQDHRVRSMEQYNFRYAQKEDFKEGLPEFASIDVSFISLNLILPALKEILVDGGQVVAL  
IKPQFEAGREQIGKNGIVKDKLVHEKVLTTVTNFTKDYGYTVKHLDFSPIQGGHGNIEFL  
MHLQKCQDPQNLVLDQIQDVIEKAHKEFKKNEEE

SEQ ID NO. 6822

STRAIN H36B frame: 1

AKERVDVLAYKQGLFDTREQAKRGVMAGMVINVINGERYDKPGEKVADDTELKLKGEKLK  
YVSRGGLKLEKALQVFEISVADKLTIDIGASTGGFTDVMLQSGARLVYAVDVGTNQLVWK  
LRQDHRVRSMEQYNFRYAQKEDFKEGLPEFASIDVSFISLNLILPALKEILVDGGQVVAL  
IKPQFEAGREQIGKNGIVKDKLVHEKVLTTVTNFTKDYGYTVKHLDFSPIQGGHGNIEFL  
MHLQKCQDPQNLVLDQIQDVIEKAHKEFKKNEEE

SEQ ID NO. 6901

STRAIN 2603

ATGAATAAAAAGGTACTATTGACATCGACAATGGCAGCTTCGCTATTATCAGTCGCAAGT  
GTTCAAGCACAGAAGACAGATACGACGTGGACAGCACGTACTGTTTCAGAGGTAAAGGCT  
GATTTGGTAAAGCAAGACAATAATCATATATACTGTGAAATATGGTGATACACTAAGC  
GTTATTTGAGAAGCAATGTCAATTGATATGAATGTCTTAGCAAAAATAAATAACATTGCA  
GATATCAATCTTATTATCCTGAGACAACACTGACAGTAACCTACGATCAGAAGAGTCAT  
ACTGCCACTTCAATGAAAATAGAAACACCAGCAACAAATGCTGCTGGTCAAACAACAGCT  
ACTGTGGATTTGAAAACCAATCAAGTTTCTGTTGCAGACCAAAAAGTTTCTCTCAATACA  
ATTTCCGAAGGTATGACACCAGAAGCAGCAACAACGATTGTTTTCGCCAATGAAGACATAT  
TCTTCTGCGCCAGCTTTGAAATCAAAGAAGTATTAGCACAAGAGCAAGCTGTTAGTCAA  
GCAGCAGCTAATGAACAGGTATCACCAGCTCCTGTGAAGTCGATTACTTCAGAAGTTCCA  
GCAGCTAAAGAGGAAGTTAAACCAACTCAGACGTCAGTCAGTCAGTCAACAACAGTATCA  
CCAGCTTCTGTTGCCGCTGAAACACCAGCTCCAGTAGCTAAAGTAGCACCGGTAAAGAACT  
GTAGCAGCCCCTAGAGTGGCAAGTGTTAAAGTAGTCACTCCTAAAGTAGAAACTGGTGCA  
TCACCAGAGCATGTATCAGCTCCAGCAGTTCTGTGACTACGACTTCACCAGCTACAGAC  
AGTAAGTTACAAGCGACTGAAGTTAAGAGCGTTCCGGTAGCACAAAAGCTCCAACAGCA  
ACACCGGTAGCACACAACCAAGCTTCAACAACAAATGCAGTAGCTGCACATCCTGAAAATGCA  
GGGCTCCAACCTCATGTTGCAGCTTATAAAGAAAAAGTAGCGTCAACTTATGGAGTTAAT  
GAATTAGTACATACCGTGCGGGAGATCCAGGTGATCATGGTAAAGGTTTAGCAGTTGAC  
TTTATTGTAGGTACTAATCAAGCACTTGGTAATAAAGTTGCACAGTACTCTACACAAAAT  
ATGGCAGCAATAACATTTATATGTTATCTGGCAACAAAAGTTTACTCAAATACAAAAC  
AGTATTTATGGACCTGCTAATACTTGGAAATGCAATGCCAGATCGTGGTGGCGTTACTGCC  
AACCCTATGACCACGTTACGTATCATTTAACAATAATATAAAAAAGGAAGCTATTTG  
GCTTCTTTTTTATATGCCTTGAATAGACTTTCAAGGTTCTTATATAATTTTTATTA

SEQ ID NO. 6902

STRAIN 090

TGAGACAACACTGACAGTAACCTACGATCAGAAGAGTCATACTGCCACTT  
CAATGAAAATAGAAACACCAGCAACAAATGCTGCTGGTCAAACACCAGCT  
ACTGTGGATTTGAAAACCAATCAAGTTTCTGTTGCAGACCAAAAAGTTTC  
TCTCAATACAATTTCCGAAGGTATGACACCAGAAGCAGCAACAACGATTG  
TTTCGCCAATGAAGACATATTCTTCTGCGCCAGCTTTGAAATCAAAGAA  
GTATTAGCACAAAGAGCAAGCTGTTAGTCAAGCAGCAGCTAATGAACAGGT  
ATCAACAGCTCCTGTGAAGTCGATTACTTCAGAAGTTCCAGCAGCTAAAG  
AGGAAGTTAAACCAACTCAGACGTCAGTCAGTCAGTCAACAACAGTATCA  
CCAGCTTCTGTTGCCGCTGAAACACCAGCTCCAGTAGCTAAAGTAGCACC  
GGTAAGAACTGTAGCAGCCCCTAGAGTGGCAAGTGTTAAAGTAGTCACTC  
CTAAAGTAGAAACTGGTGATCACCAGAGCATGTATCAGCTCCAGCAGTT  
CCTGTGACTACGACTTCAACAGCTACAGACAGTAAGTTACAAGCGACTGA  
AGTTAAGAGCGTTCCGGTAGCACAAAAGCTCCAACAGCAACACCGGTAG  
CACAACCAGCTTCAACAACAAATGCAGTAGCTGCACATCCTGAAAATGCA  
GGGCTCCAACCTCATGTTGCAGCTTATAAAGAAAAAGTAGCGTCAACTTA  
TGGAGTTAATGAATTCAGTACATACCGTGACGGTGATCCAGGTGATCATG  
GTAAAGGTTTAGCAGTCGACTTTATGTAGGTAAAAACCAAGCACTTGGT  
AATGAAGTTGCACAGTACTCTACACAAAATATGGCAGCAATAACATTTT  
ATATGTTATCTGGCAACAAAAGTTTACTCAAATACAAATAGTATTTATG  
GACCTGCTAATACTTGGAAATGCAATGCCAGATCGTGGTGGCGTTACTGCC  
AACCATTATGACCATGTTACGTATCATTTAACAATAATATAAAAAAGG

## SEQUENCE LISTING

AAGCTATTTGGCTTCTTTTTTATATGCCTTGAATAGACTTTCAAGGTTCT  
TATATAATTTTTATTA

## SEQ ID NO. 6903

STRAIN A909

CTGATTTGGTAAAGCAAGACAATAAATCATCATATACTGTGAA  
ATATGGTGATACACTAAGCGTTATTTTCAAGCAATGTCAATTGATATGA  
ATGTCTTAGCAAAAATTAATAACATTGCAGATATCAATCTTATTTATCCT  
GAGACAACACTGaCAGTAACCTTACGATCAGAAGAGTCATACTGCTACTTC  
AATGAAAATAGAAACACCAGCAACAAATGCTGCTGGTCAAACAaCAGcTA  
CTGTGATTTGAAAACCAATCAAGTTTCTGTTGCAGACCAAAAAGTTTCT  
CTCAATACAATTTGGAAGGTATGACACCAGAAGCAGCAACAACGATTGT  
TTCCGCAATGAAGACATATTCTTcTGCGCCAGCTTTGAAATCAAAGAAG  
TATTAqCACAAGGGCaAGCTGTTAGTCAAGCAGCAGCTAATGAACAGGTA  
TCaCAGCTcCTGTGAAGTCGATTACTTCAGAAGTTCCAgCAGCTAAAGA  
GGAAGTTAAACCAaCTCAGACGTCaGTCAgTCAGTCAGTCAACAACAGTATCAC  
CAgCTTCTGTTGCCGCTGAAACACCAGCTCCAgTAGCTAAaGTAGCACCG  
GTAAGAAGCTGTAGCAGCCCCTAGAGTGGCAAGTGTAAAGTAGTCACTCC  
TAAAGTAGAAACTGGTGCATCACCAGAGCATGTATCAGCTCCAGCAGTTC  
CTGTGACTACGACTTCAACAGCTACAGACAGTAAGTTACAAGCGACTGAA  
GTTAAGAGCGTTCGGGTAGCACAAAAAGCTCCAACAGCAACACCGGTAGC  
ACAACCAGCTTCAACAACAAATGCAGTAGCTGCACATCCTGAAAATGCAA  
GGCTCCAACCTCATGTTGCAGCTTATAAAGAAAAAGTAGCGTCACTTAT  
GGAGTTAATGAATTcAGTACATACCGTGCGGGAGATCCAGGTGATCATGG  
TAAAGGTTTAGCAGTTGACTTTTATTGTAgGTAAAAACCAAGCACTTGGTA  
ATGAAGTTGCACAGTACTCTACACAAAATATGGCAGCaAATAACATTTCA  
TATGTTATCTGGCAACAAAAGTTTACTCAAATaCAAATAGTATTTATGG  
ACcTGCTAATACTTGAATGCAATGCCAGATCGTGGTGGCGTTAcTGCCA  
ACCaCTATGACCACGTTACAGTATCATTTAACAAATaATATAAAAAAGGA  
AGCTaTTTGGCTTCTTTTTTATATGCCTTGCATAGACTTTCAAGGTTCTT  
ATATAATTTTTATTA

## SEQ ID NO. 6904

STRAIN H36B

CTGATTTGGTAAAGCAAGACAATAAATCATCATATACTGTGAAATA  
TGGTGATACAcTAAGCGTTATTTTCAAGCAATGTCAATTGATATGAATG  
TCTTAGCAAAAATTAATAACATTGCAGATATCAATCTTATTTATCCTGAG  
ACAACaCTGaCAGTAaCTTACGATCAGAAGAGTCATACTGCTACTTCAAT  
GAAAATAGAAACACCAGCAACAAATGCTGCTGGTCAAACAACAGCTACTG  
TCGATTTGAAAACCAATCAAGTTTCTGTTGCAGACCAAAAAGTTTCTCTC  
AATACAATTTGGAAGGTATGACACCAGAAGCAGCAACAACGATTGTTTC  
GCCAATGAAGACATATTCTTCTGCGCCAGCTTTGAAATCAAAGAAGTAT  
TAGCACAGGGGCAAGCTGTTAGTCAAGCAGCAGCTAATGAACAGGTATCA  
CCAGCTCCTGTGAAGTCGATTACTTCAGAAGTTCCAGCAGCTAAAGAGGA  
AGTTAAACCAACTCAGACGTCAGTCAGTCAGTCAACAACAGTATCACCAG  
CTTcTGTGTCGCTGAAACACCAGCTCCAGTAGcTAAAGTAGCACCGGTA  
AGAAGTGTAGCAGCCCcTAGAGTGGCAAGTGTAAAGTAGTCACTCcTAA  
AGTAGAACTGGTGCATCACCAGAGCATGTATCAGCTCCAGCAGTTCCTG  
TGACTACGACTTCAACAGCTACAGACAGTAAGTTACAAGCGACTGAAGTT  
AAGAGCGTTCCGGTAGCACAAAAGCTCCAACAGCAACACCGGTAGCACA  
ACCAGCTTCAACAACAAATGCAGTAGCTGCACATCCTGAAAATGCAAGGC  
TCCAACCTCATGTTGTCAGCTTATAAAGAAAAAGTAGCGTCAACTTATGGA  
GTTAATGAATTcAGTACATACCGTGCGGGAGATCCAGGTGATCATGGTAA  
AGGTTTAGCAGTTGACTTTATTGTAGGTAAAAACCAAGCACTTGGTAATG  
AAGTTGCACAGTACTCTACACAAAATaTGGCAGCAATAACATTTATAT  
GTTATCTGGCaCAAAAAGTTTACTCAAATACAAATAGTATTTATGGACC  
TGCTAATACCTTGAATGCAATGCCAgATCGTGGTGGCGTTACTGCCAACC  
ACTATGACCACGTTACAGTATCATTTAACAAATAATATAAAAAAGGAAGC  
TATTTGGCTTCTTTTTTATATGCCTTGCATAGACTTTCAAGGTTCTTATA  
TAATTTTTATTA

## SEQ ID NO. 6905

STRAIN 18RS21

CTGATTTGGTAAAGCAAGACAAT

## SEQUENCE LISTING

AAATCATCATATACTGTGAAATATGGTGATACAcTAAGcGTTATTTTCAGA  
 AGCAATGTCAATTGATATGAATGTCTTAGCAAAAaTAAATAACATTGCAG  
 ATATCAATCTTATTTATCcTGAGACAACaCTGaCAGTAACCTACGATCAG  
 AAGAGTCATACTGCCaCTTCAATGAAAATAGAAACACCAGCAaCAAATGC  
 TGCTGGTCAaACAaCAGCTACTGTGGATTGAAAACCAATCAaGTTTCTG  
 TTGCAGACCAAAAAGTTTCTCTCAATACAATTTCGGAAGGTATGACACCA  
 GAAGCAGCAACAACGATTGTTTCGCCAATGAAGACaTATTCTTcTGCGCC  
 AGCTTTGAAaTCAAAAGAAGTATTAGCACaAGAGCAAGCTGTTAGTCAAG  
 CAGCAGCTAATGAACAGGTATCACCAGCTCCTGTGAAGTCGATTACTTCA  
 GAAGTTCAGCAGCTAAAGAGGAAGTTAAACCAACTCAGACGTCAGTCAG  
 TCAGTCAACAACAGTATCACCAGCTTCTGTTGCCGCTGAAACACCAGCTC  
 CAGTAGCTAAAGTAGCACCGGTAAGAACTGTAGCAGCCCCCTAGAGTGGCA  
 AGTGTTAAAGTAGTCACTCCTAAAGTAGAACTGGTGCATCACCAGAGCA  
 TGTATCAGCTCCAGCAGTTCCTGTGACTACGACTTCACCAGCTACAGACA  
 GTAAGTTACAAGCGACTGAAGTTAAGAGCGTTCGGGTAGCACAAAAGCT  
 CCAACAGCAACACCGGTAGCACAAACCAGCTTCAACAACAAATGCAGTAGC  
 TGCACATCCTGAAAATGCAGGGCTCCAACCTCATGTTGCAGCTTATAAAG  
 AAAAGTAGCGTCAACTTATGGAGTTAATGAATTAGTACATACCGTGCG  
 GGAGATCCAGGTATCATGGTAAAGGTTTAGCAGTTGACTTTATGTAGG  
 TACTAATCAAGCACTTGGTAATAAAGTTGCACAGTACTcTACACAAAATA  
 TGGCAGCAAATAACATTTCATATGTTATCTGGCAACAAAAGTTTACTCA  
 AATACAAAAGTATTTATGGACCTGCTAATACTTGAATGCAATGCCAGA  
 TCGTGGTGGCGTTACTGCCAACCACTATGACCAGCTTCACGTATCATTTA  
 ACAAATAATATAAAAAAGGAAGCTATTTGGCTTCTTTTATATGCCTTG  
 AATAGACTTTCAAGGTTCTTATATAATTTTATTA

## SEQ ID NO. 6906

STRAIN COH1

CTGATTT

GGTAAAGCAAGACAATAAATCATCATATACTGTGAAATATGGTGATACAC  
 TAAGCGTTATTTTCAGAAGCAATGTCAATTGATATGAATGTCTTAGCAAAA  
 ATTAATAACATTGCAGATATCAATCTTATTTATCCTGAGACAACACTGAC  
 AGTAACCTACGATCAGAAGAGTCATACTGCCACTTCAATGAAAATAGAAA  
 CACCAGCAACAAATGCTGCTGGTCAAACAACAGcTACTGTGATTGAAA  
 ACCAATCAAGTTTTTGTGTCAGACCAAAAAGTTTcTCTCAATACAATTTT  
 GGAAGGTATGACACCAGaaGCAGCAACAACGATTGTTTCGCCAATGAAGA  
 CaTATTCTTCTGCGCCAGCTTTGAAATCAAAAGAAGTATTAGCACAAAGAG  
 CAAGCTGTTAGTCAAGTAGCAGCTAATGAACAGGTATCACCAGCTCCTGT  
 GAAGTCGATTACTTCAGAAGTTCCAGCAGCTAAAGAGGAAGTTAAACCAA  
 CTCAGACGTCAGTCAGTCAGTTAACACAGTATCACCAGCTTCTGTTGCC  
 GCTGAAACACCAGCTCCAGTAGCTAAAGTAGCACCGGTAAGAACTGTAGC  
 AGCCCCTAGAGTTGGCAAGTGcTAAAGTAGTCACTCcTAAAGTAGAACTG  
 GTGCATCACCAGAGCATGTATCAGCTCCAGCAGTTCTGTGACTACGACT  
 TCACCAGCTACAGACAGTAAGTTACAAGCGACTGAAGTTAAGAGCGTTCC  
 GGTAGCACAAAAGCTCCAACAGCAACACCGGTAGCACAAACCAGCTTCAA  
 CAACAAATGCAGTAGCTGCACATCCTGAAAATGCAGGGCTCCAACCTCAT  
 GTTGCAGCTTATAAAGAAAAAGTAGCGTCAACTTATGGAGTTAATGAATT  
 CAGTACATACCGTGCGGGAGATCCAGGTGATCATGGTAAAGGTTTAGCAG  
 TTGACTTTTATGTAGGTAAAAACCAAGCACTTGGTAATGAAGTTGCACAG  
 TaCTCTACACAAAATATGGCAGCAAATAACATTTTCATATGTTATCTGGCA  
 ACAAAAAGTTTATTCAAATACAAATAGTATTTATGGACCTGCTAATACTT  
 GGAATGCAATGCCAGATCGTGGTGGCGTTACTGCCAACCACTATGACCAC  
 GTTCACGTATCATTTAACAAATAATATAAAAAAGGAAGCTATTTGGCTTC  
 TTTTTTATATGCCTTGAATAGACTTTCAAGGTTCTTATATAATTTTTATT  
 A

## SEQ ID NO. 6907

STRAIN M732

CTGATTTGGTAAAGCAAGACAATAAATCATCATATACTGTGAAATATGGT  
 GATACAnTAAGCGTTATTTTCAGAAGCAATGTCAATTGATATGAATGTCTT  
 AGCAAAAATTAATAACATTGCAGATATCAATCTTATTTATCCTGAGACAA  
 CACTGACAGTAACTTACGATCAGAAGAGTCAcACTGCCACTTCAATGAAA  
 ATAGAAACACCAGCAACAAATGCTGCTGGTCAAACAACAGTACTGTcGA  
 TTTGAAAACCAATCAAGTTTTTGTGTCAGACCAAAAAGTTTCTCTCAATA

## SEQUENCE LISTING

CAATTTGCGGAAGGTATGACACCAGAAGCAGCAACAACGATTGTTTCGCCA  
 ATGAAGACATATTCTTCTGCGCCAGCTTTGAAATCAAAGAAGTATTAGC  
 ACAAGAGCAAGCTGTTAGTCAAGTAGCAGCTAATGAACAGGTATCACCAG  
 CTCCTGTGAAGTCGATTACTTCAGAAGTCCAGCAGCTAAAGAGGAAGTT  
 AAACCAACTCAGACGTCAGTCAGTCAGTTAACAACAGTATCACCAGCTTC  
 TGTTGCCGCTGAAACACCAGCTCCAGTAGCTAAAGTAGCACCAGGTAAGAA  
 CTGTAGCAGCCCCTAGAGTGGCAAGTGCTAAAGTAGTCACTCCTAAAGTA  
 GAAACTGGTGCATCACCAGAGCATGTATCAGCTCCAGCAGTTCTGTGAC  
 TACGACTTCACCAGCTACAGACAGTAAGTTACAAGCGACTGAAGTTAAGA  
 GCGTTCCGGTAGCACAAAAGCTCCAACAGCAaCACCAGTAGCACAAACCA  
 GCTTCAACAACAAATGCAGTAGCTGCACATCCTGAAAATGCAGGGCTCCA  
 ACCTCATGTTGCAGCTTATAAAGAAAAAGTAGCGTCAACTTATGGAGTTA  
 ATGAATTCAGTACATACCGTGCGGGAGATCCAGGTGATCATGGTAAAGGT  
 TTAGCAGTTGACTTTTattgtaggtaaaaaccAAGCACTTGGTAATGAAGT  
 TGCACAGTACTcTACACAAAATATGGCAGCAAATAACATTTTATATGTTA  
 TCTGGCAACAAAAGTTTATTCAAATACAAATAGTATTTATGGACCTGCT  
 AATACTTGGAAATGCAATGCCAGATCGTGGTGGCGTTACTGCCAACCCTA  
 TGACCACGTTACGATATCATTTAACAATAATATAAAAAAGGAAGCTATT  
 TGGCTTCTTTTATATGCCTTGAATAGACTTTCAAGGTTCTTATATAAT  
 TTTTATTA

## SEQ ID NO. 6908

STRAIN M781

CTGATTTGGTAAAGCAAGACAATAAATCATCATATACTGTGAAATATGGT  
 GATACACTAAGCGTTATTTTCAAGCAATGTCAATTGATATGAATGTCTT  
 AGCAAAAATTAATAACATTGCAGATATCAATCTTATTTATCCTGAGACAA  
 CACTGACAGTAACCTACGATCAGAAGAGTCATACTGCCACTTCAATGAAA  
 ATAGAAACACCAGCAACAAATGCTGCTGGTCAAACAACAGCTACTGTCTGA  
 TTTGAAAACCAATCAAGTTTTTGTGTCAGACCAAAAAGTTCTCTCAATA  
 CAATTTGCGAAGGTATGACACCAGAAGCAGCAACAACGATTGTTTCGCCA  
 ATGAAGACATATTCTTCTGCGCCAGCTTTGAAATCAAAGAAGTATTAGC  
 ACAAGAGCAAGCTGTTAGTCAAGTAGCAGCTAATGAACAGGTATCACCAG  
 CTCCTGTGAAGTCGATTACTTCAGAAGTCCAGCAGCTAAAGAGGAAGTT  
 AAACCAACTCAGACGTCAGTCAGTCAGTTAACAACAGTATCACCAGCTTC  
 TGTTGCCGCTGAAACACCAGCTCCAGTAGCTAAAGTAGCACCAGGTAAGAA  
 CTGTAGCAGCCCCTAGAGTGGCAAGTGCTAAAGTAGTCACTCCTAAAGTA  
 GAAACTGGTGCATCACCAGAGCATGTATCAGCTCCAGCAGTTCTGTGAC  
 TACGACTTCACCAGCTACAGACAGTaaGTTACAAGCGACTGAAGTTAAGA  
 GCGTTCCGGTAGCACAAAAGCTCCAACAGCAACACCAGTAGCACAAACCA  
 GCTTCAACAACAAATGCAGTAGCTGCACATCCTGAAAATGCAGGGCTCCA  
 ACCTCATGTTGCAGCTTATAAAGAAAAAGTAGCGTCAACTTATGGAGTTA  
 ATGAATTCAGTACATACCGTGCGGGAGATCCAGGTGATCATGGTAAAGGT  
 TTAGCAGTTGACTTTTATTGTAGGTAAAACCAAGCACTTGGTAATGAAGT  
 TGCACAGTACTCTACACAAAATATGGCAGCAAATAACATTTTATATGTTA  
 TCTGGCAACAAAAGTTTATTCAAATACAAATAGTATTTATGGACCTGCT  
 AATACTTGGAAATGCAATGCCAGATCGTGGTGGCGTTACTGCCAACCCTA  
 TGACCACGTTACGATATCATTTAACAATAATATAAAAAAGGAAGCTATT  
 TGGCTTCTTTTATATGCCTTGAATAGACTTTCAAGGTTCTTATATAAT  
 TTTTATTA

## SEQ ID NO. 6909

STRAIN CJB110

CTGATTTGGTAAAGCAAGACAATAAATCATCATATACTGTGAAA  
 TATGGTGATACACTAAGCGTTATTTTCAAGCAATGTCAATTGATATGAA  
 TGTCTTAGCAAAAATTAATAACATTGCAGATATCAATCTTATTTATCCTG  
 AGACAACACTGACAGTAACCTACGATCAGAAGAGTCATACTGCCACTTCA  
 ATGAAAATAGAAACACCAGCAACAAATGCTGCTGGTCAAACACCAGCTAC  
 TGTGGATTTGAAAACCAATCAAGTTTcTGTGTCAGACCAAAAAGTTTCTC  
 TCAATACAATTTGCGAAGGTATGACACCAGAAGCAGCAACAACGATTGTT  
 TCGCCAATGAAGACATATTCTTCTGCGCCAGCTTTGAAATCAAAGAAGT  
 ATTAGCACAGAGCAAGCTGTTAGTCAAGCAGCAGCTAATGAACAGGTAT  
 CAACAGCTCCTGTGAAGTCGATTACTTCAGAAGTCCAGCAGCTAAAGAG  
 GAAGTTAAACCAACTCAGACGTCAGTCAGTCAGTCAACAACAGTATCACC  
 AgCTTCTGTTGCCGCTGAAACACCAGCTCCAGTAGCTAAAGTAGCACCAG

## SEQUENCE LISTING

TAAGAACTGTAGCAGCCCTAGAGTGGCAAGTGTTAAAGTAGTCACTCCT  
 AAAGTAGAACTGGTGCATCACCAGAGCATGTATCAGCTCCAGCAGTTCC  
 TGTGACTACGACTTCAACAGcTACAGACAGTaAGTTaCAAGCGACTGAAG  
 TTAAGAGCGTTCCGGTAGCACAAAAGCTCCAACAGCAACACCGGTAGCA  
 CAACCAGCTTCAACAACAAATGCAGTAGCTGCACATCCTGAAAATGCAGG  
 GCTCCAACCTCATGTTGTCAGCTTATaAAGAAAAAGTAGCGTCAACTTATG  
 GAGTTAATGAATTCAGTACATaCCGTGCAGGTGATCCAgGTGATCATGGT  
 AAAGGTTTAGCAGTcGACTTTTATGTAgGTAAAAACCAAGCAGCTTGGTAA  
 TGAAGTTGCACAGTACTCTACACAAAATATGGCAGCAAATAACATTTTAT  
 ATGTTATCTGGCAACAAAAGTTTACTCAAATACAAATAGTATTTATGGA  
 CCTGCTAATACTTGAATGCAATGCCAGATCGTGGTGGCGTTACTGCCAA  
 CCATTATGACCATGTTACGTATCATTTAACAAATAATATAAAAAAGGAA  
 GCTATTTGGCTTCTTTTTTATATGCCTTGAATAGACTTTCAAGGTTCTTA  
 TATAATTTTTATTA

## SEQ ID NO. 6910

STRAIN 1169NT

CTGATTTG

GTAAAGCAAGACAATAAATCATCATATACTGTGAAATATGGTGATACACT  
 AAGCGTTATTTAGCAAGCAATGTCAATTGATATGAAAGTCTTAGCAAAAA  
 TTAATAACATTGCAGATATCAATCTTATTTATCCTGAGACAACACTGACA  
 GTAACTTACGATCAGAAAGAGTCATACTGCCACTTCAATGAAAATAGAAAC  
 ACCAGCAACAAATGCTGCTGGTCAAACAACAGCTACTGTGGATTTGAAAA  
 CCAATCAAGTTTCTGTTGTCAGACCAAAAAGTTTCTCTCAATACAATTTTCG  
 GAAGGTATGACACCAGAAGCAgCAACAACGATTGTTTCGCCAATGAAGAC  
 ATATTTCTTCTGCGCCAGCTTTgAAATCAAAGAAGTATTAGCACAAAGAGC  
 AAGCTGTTAGTCAAGCAGCAGCTAATGAACAGGTATCACCAGCTCCTGTG  
 AAGTCGATTACTTCAgAAGTTCCAgCAGCTAAAGAGGAAGTTAGACCAaC  
 TcAGACGTCAGTCAGTCAGTCAACAACAGTATCACCAGCTTCTGTTGCCG  
 CTGAAACACCAGCTCCAGTAGCTAAAGTAGCACCGGTAAAGAACTGTAGCA  
 GCCCCAGCCCCTAGAGTGGCAAGTGCTAAAGTAGTCACTCCTAAAGTAGA  
 AAcTGGTGATCACCAGAGCATGTACCAGCTCCAGCAGTTcCTGTGACTA  
 cGACTTCAACAGCTACaGACaTaAGTTACAAGCGACTGAAGTTAAGAGC  
 GtTCCGGTgGCACAAAAGCTCCAACAGCAACACCGGTaGCACAACAGC  
 TTcAACAAACAATGCAGTAGcTGCACATCCTGAAAATGCAGGACTCCAAC  
 CTCATGTTGCAGCTTATAAAGAAAAAGTAGCGTCAACTTATGGAGTTAAT  
 GAATTCAGTACATaCCGTGCGGGAGATCCAGGTGATCATGGTAAAGGTTT  
 AGCAGTTGACTTTTATTTGTAgGTAAAAACCAAGCACTTGGTAATGAAGTTG  
 CACAGTACTCTACACAAAATATGGCAGCAAATAACATTTTATATGTTATC  
 TGGCAACAAAAGTTTACTCAAATACAAATAGTATTTATGGACCTGTCTAA  
 TACTTGGAAATGCAATGCCAGATCGTGGTGGCGTTACTGCCAACCACTATG  
 ACCAGTTACGTATCATTTAACAAATAATATAAAAAAGGAAGCTATTGTG  
 GCTTCTTTTTTATATGCCTTGAATAGACTTTCAAGGtTCTTATATAATTT  
 TTATTA

## SEQ ID NO. 6911

STRAIN JM9130013

CTGATTTGGTAAAGCAAGACAATAAATCATCATATACT

GTGAAATATGGTGATACACTAAGCGTTATTTAGCAAGCAATGTCAATTGA  
 TATGAATGTCTTAGCAAAAATAAATAACATTGCAGATATCAATCTTATTT  
 ATCCTGAGACAACACTGACAGTAACTTACGATCAGAAGAGTCATACTGCC  
 ACTTCAATGAAAATAGAAAACACCAGCAACAAATGCTGCTGGTCAAACAAC  
 AGCTACTGTGGATTTGAAAACCAATCAAGTTTCTGTTGTCAGACCAAAAAG  
 TTTCTCTCAATACAATTTCCGAAGGTATGACACCAGAAGCAGCAACAACG  
 ATTGTTTCGCCAATGAAGACATATTCTTCTGCGCCAGCTTTGAAATCAAA  
 AGAAGTATTAGCACAAAGCAAGCTGTTAGTCAAGCAGCAGCTAATGAAC  
 AGGTATCACCAGCTCCTGTGAAGTCGATTACTTCAGAAGTTCCAGCAGCT  
 AAAGAGGAAGTTAAACCAACTCAGACGTCACTCAGTCAGTCAACAACAGT  
 ATCACCAGcTCTGTTGCCGCTGAAACACCAGCTCCAGTAGCTAAAGTAG  
 CACCGGTAAGAAGCTGTAGCAGCCCCTAgAGTGGCAAGTGTTAAAGTAGTC  
 ACTCCTAAAGTAGAAAAGCTGGTGCATCACCAGAGCATGTATCAGCTCCAGC  
 AGTTCTGTGACTACGACTTACCAGCTACAGaCAGTAAGTTACAAGCGA  
 cTGAAGTTAAGAGCGTTCCGGTAGCACAAAAGCTCCAACAGCAACACCG  
 GTAGCaAACACAGCTTCAACAACAAATGCAGTAGCTGCACATCCTGAAAA



## SEQUENCE LISTING

TGCAGGGCTCCAACCTCATGTTGCAGCTTATAAAGAAAAAGTAGCGTCAA  
 CTTATGGAGTTAATGAATTCAGTACATACCGTGCGGGAGATCCAGGTGAT  
 CATGGTAAAGTTTAGCAGTTGACTTTATTGTAGGTACTAATCAAGCACT  
 TGGTAATAAAGTTGCACAGTACTCTACACAAAATATGGCAGCAAATAACA  
 TTTCATATGTTATCTGGCAACAAAAGTTTACTCAAATACAAACAGTATT  
 TATGGACCTGCTAATCTTGAATGCAATGCCAGATCGTGGTGGCGTTAC  
 TGCCAACCACTATGACCACGTTACGTTATCATTTAACAAATAATATAAAA  
 AAGGAAGCTATTTGGCTTCTTTTATATGCCTTGAATAGACTTTCAAGG  
 TTCTTATATAATTTTTATTA

## SEQ ID NO. 6912

STRAIN 2603 frame: 1

MNKKVLLTSTMAASLLSVASVQAQETDTTWTARTVSEVKADLVKQDNKSSYTVKYGDTLS  
 VISEAMSIDMNVLAKINNIADINLIYPETTLTVTYDQKSHATSMKIETPATNAAGQTTA  
 TVDLKTNQVSVADQKVLNTISEGMTPEAATTIVSPMKTYSSAPALKSKEVLAQEQAQVSQ  
 AAANEQVSPAPVKSITSEVPAAKEEVKPTQTSVSQSTTVSPASVAAETPAPVAKVAPVRT  
 VAAPRVASVKVVT PKVETGASPEHVSAPAVPVTTTSPATDSKLQATEVKSVPVAQKAPTA  
 TPVAQPASTTNAAHPENAGLQPHVAAYKEKVASTYGVNEFSTYRAGDPGDHGKGLAVD  
 FIVGTNQAALGNKVAQYSTQNMAANNISYVIWQQKFYSNTNSIYGPAANTWNAMPDRGGVTA  
 NHYDHSVHVSFNK.YKKGSYLASFLYALNRLSRFLYNFY

## SEQ ID NO. 6913

STRAIN 090 frame: 2

ETTLTVTYDQKSHATSMKIETPATNAAGQTPATVDLKTQVSVADQKVLNTISEGMTPE  
 EAATTIVSPMKTYSSAPALKSKEVLAQEQAQVSQAAANEQVSTAPVKSITSEVPAAKEEVK  
 PTQTSVSQSTTVSPASVAAETPAPVAKVAPVRTVAAPRVASVKVVT PKVETGASPEHVS  
 PAVPVTTTSTATDSKLQATEVKSVPVAQKAPTA TPVAQPASTTNAAHPENAGLQPHVA  
 AYKEKVASTYGVNEFSTYRAGDPGDHGKGLAVDFIVGKNQALGNEVAQYSTQNMAANNIS  
 YVIWQQKFYSNTNSIYGPAANTWNAMPDRGGVTANHYDHSVHVSFNK.YKKGSYLASFLYAL  
 NRLSRFLYNFY

## SEQ ID NO. 6914

STRAIN A909 frame: 3

DLVKQDNKSSYTVKYGDTLSVISEAMSIDMNVLAKINNIADINLIYPETTLTVTYDQKSH  
 TATSMKIETPATNAAGQTTATVDLKTQVSVADQKVLNTISEGMTPEAATTIVSPMKTY  
 SSAPALKSKEVLAQQAQVSQAAANEQVSPAPVKSITSEVPAAKEEVKPTQTSVSQSTTVS  
 PASVAAETPAPVAKVAPVRTVAAPRVASVKVVT PKVETGASPEHVSAPAVPVTTTSTATD  
 SKLQATEVKSVPVAQKAPTA TPVAQPASTTNAAHPENARLQPHVAAYKEKVASTYGVN  
 EFSTYRAGDPGDHGKGLAVDFIVGKNQALGNEVAQYSTQNMAANNISYVIWQQKFYSNTN  
 SIYGPAANTWNAMPDRGGVTANHYDHSVHVSFNK.YKKGSYLASFLYALHRLSRFLYNFY

## SEQ ID NO. 6915

STRAIN H36B frame: 3

DLVKQDNKSSYTVKYGDTLSVISEAMSIDMNVLAKINNIADINLIYPETTLTVTYDQKSH  
 TATSMKIETPATNAAGQTTATVDLKTQVSVADQKVLNTISEGMTPEAATTIVSPMKTY  
 SSAPALKSKEVLAQQAQVSQAAANEQVSPAPVKSITSEVPAAKEEVKPTQTSVSQSTTVS  
 PASVAAETPAPVAKVAPVRTVAAPRVASVKVVT PKVETGASPEHVSAPAVPVTTTSTATD  
 SKLQATEVKSVPVAQKAPTA TPVAQPASTTNAAHPENARLQPHVAAYKEKVASTYGVN  
 EFSTYRAGDPGDHGKGLAVDFIVGKNQALGNEVAQYSTQNMAANNISYVIWQQKFYSNTN  
 SIYGPAANTWNAMPDRGGVTANHYDHSVHVSFNK.YKKGSYLASFLYALHRLSRFLYNFY

## SEQ ID NO. 6916

STRAIN 18RS21 frame: 3

DLVKQDNKSSYTVKYGDTLSVISEAMSIDMNVLAKINNIADINLIYPETTLTVTYDQKSH  
 TATSMKIETPATNAAGQTTATVDLKTQVSVADQKVLNTISEGMTPEAATTIVSPMKTY  
 SSAPALKSKEVLAQEQAQVSQAAANEQVSPAPVKSITSEVPAAKEEVKPTQTSVSQSTTVS  
 PASVAAETPAPVAKVAPVRTVAAPRVASVKVVT PKVETGASPEHVSAPAVPVTTTSPATD  
 SKLQATEVKSVPVAQKAPTA TPVAQPASTTNAAHPENAGLQPHVAAYKEKVASTYGVN  
 EFSTYRAGDPGDHGKGLAVDFIVGTNQAALGNKVAQYSTQNMAANNISYVIWQQKFYSNTN  
 SIYGPAANTWNAMPDRGGVTANHYDHSVHVSFNK.YKKGSYLASFLYALNRLSRFLYNFY

## SEQ ID NO. 6917

STRAIN M732 frame: 3

DLVKQDNKSSYTVKYGDTXSVISEAMSIDMNVLAKINNIADINLIYPETTLTVTYDQKSH

## SEQUENCE LISTING

TATSMKIETPATNAAGQTTATVDLKTNOVFVADQKVS LNTISEGMTPEAATTIVSPMKTY  
 SSAPALKSKEVLAQEQAQVSQVAANEQVSPAPVKSITSEVPAAKEEVKPTQTSVSQSLTTVS  
 PASVAAETPAPVAKVAPVRTVAAPRVASAKVVT PKVETGASPEHVSAPAVPVTTTSPATD  
 SKLQATEVKSV PVAQKAPTATPVAQPASTTNAVAHHPENAGLQPHVAAYKEKVASTYGVN  
 EFSTYRAGDPGDHGKGLAVDFIVGKNQALGNEVAQYSTQNMAANNISYVIWQQKFYSNTN  
 SIYGPANTWNAMPDRGGVTANHYDHVHVSFNK. YKKGSYLASFLYALNRLSRFLYNFY

## SEQ ID NO. 6918

STRAIN COH1 frame: 3

DLVKQDNKSSYTVKYGDTLSVISEAMSIDMNV LAKINNIADINLIYPETTLTVTYDQKSH  
 TATSMKIETPATNAAGQTTATVDLKTNOVFVADQKVS LNTISEGMTPEAATTIVSPMKTY  
 SSAPALKSKEVLAQEQAQVSQVAANEQVSPAPVKSITSEVPAAKEEVKPTQTSVSQSLTTVS  
 PASVAAETPAPVAKVAPVRTVAAPRVASAKVVT PKVETGASPEHVSAPAVPVTTTSPATD  
 SKLQATEVKSV PVAQKAPTATPVAQPASTTNAVAHHPENAGLQPHVAAYKEKVASTYGVN  
 EFSTYRAGDPGDHGKGLAVDFIVGKNQALGNEVAQYSTQNMAANNISYVIWQQKFYSNTN  
 SIYGPANTWNAMPDRGGVTANHYDHVHVSFNK. YKKGSYLASFLYALNRLSRFLYNFY

## SEQ ID NO. 6919

STRAIN M781 frame: 3

DLVKQDNKSSYTVKYGDTLSVISEAMSIDMNV LAKINNIADINLIYPETTLTVTYDQKSH  
 TATSMKIETPATNAAGQTTATVDLKTNOVFVADQKVS LNTISEGMTPEAATTIVSPMKTY  
 SSAPALKSKEVLAQEQAQVSQVAANEQVSPAPVKSITSEVPAAKEEVKPTQTSVSQSLTTVS  
 PASVAAETPAPVAKVAPVRTVAAPRVASAKVVT PKVETGASPEHVSAPAVPVTTTSPATD  
 SKLQATEVKSV PVAQKAPTATPVAQPASTTNAVAHHPENAGLQPHVAAYKEKVASTYGVN  
 EFSTYRAGDPGDHGKGLAVDFIVGKNQALGNEVAQYSTQNMAANNISYVIWQQKFYSNTN  
 SIYGPANTWNAMPDRGGVTANHYDHVHVSFNK. YKKGSYLASFLYALNRLSRFLYNFY

## SEQ ID NO. 6920

STRAIN CJB110 frame: 3

DLVKQDNKSSYTVKYGDTLSVISEAMSIDMNV LAKINNIADINLIYPETTLTVTYDQKSH  
 TATSMKIETPATNAAGQTTATVDLKTNOVSVADQKVS LNTISEGMTPEAATTIVSPMKTY  
 SSAPALKSKEVLAQEQAQVSQAAANEQVSTAPVKSITSEVPAAKEEVKPTQTSVSQSTTVS  
 PASVAAETPAPVAKVAPVRTVAAPRVASAKVVT PKVETGASPEHVSAPAVPVTTTSTATD  
 SKLQATEVKSV PVAQKAPTATPVAQPASTTNAVAHHPENAGLQPHVAAYKEKVASTYGVN  
 EFSTYRAGDPGDHGKGLAVDFIVGKNQALGNEVAQYSTQNMAANNISYVIWQQKFYSNTN  
 SIYGPANTWNAMPDRGGVTANHYDHVHVSFNK. YKKGSYLASFLYALNRLSRFLYNFY

## SEQ ID NO. 6921

STRAIN 1169NT frame: 3

DLVKQDNKSSYTVKYGDTLSVISEAMSIDMNV LAKINNIADINLIYPETTLTVTYDQKSH  
 TATSMKIETPATNAAGQTTATVDLKTNOVSVADQKVS LNTISEGMTPEAATTIVSPMKTY  
 SSAPALKSKEVLAQEQAQVSQAAANEQVSPAPVKSITSEVPAAKEEVKPTQTSVSQSTTVS  
 PASVAAETPAPVAKVAPVRTVAAPRVASAKVVT PKVETGASPEHVSAPAVPVTTTSTA  
 TDNKLQATEVKSV PVAQKAPTATPVAQPASTTNAVAHHPENAGLQPHVAAYKEKVASTYG  
 VNEFSTYRAGDPGDHGKGLAVDFIVGKNQALGNEVAQYSTQNMAANNISYVIWQQKFYSN  
 TNSIYGPANTWNAMPDRGGVTANHYDHVHVSFNK. YKKGSYLASFLYALNRLSRFLYNFY

## SEQ ID NO. 6922

STRAIN JM9130013 frame: 3

DLVKQDNKSSYTVKYGDTLSVISEAMSIDMNV LAKINNIADINLIYPETTLTVTYDQKSH  
 TATSMKIETPATNAAGQTTATVDLKTNOVSVADQKVS LNTISEGMTPEAATTIVSPMKTY  
 SSAPALKSKEVLAQEQAQVSQAAANEQVSPAPVKSITSEVPAAKEEVKPTQTSVSQSTTVS  
 PASVAAETPAPVAKVAPVRTVAAPRVASAKVVT PKVETGASPEHVSAPAVPVTTTSPATD  
 SKLQATEVKSV PVAQKAPTATPVAQPASTTNAVAHHPENAGLQPHVAAYKEKVASTYGVN  
 EFSTYRAGDPGDHGKGLAVDFIVGKNQALGNEVAQYSTQNMAANNISYVIWQQKFYSNTN  
 SIYGPANTWNAMPDRGGVTANHYDHVHVSFNK. YKKGSYLASFLYALNRLSRFLYNFY

## SEQ ID. NO. 7001

STRAIN 2603

ATGGGAGGGAAATGAATCAAGAAGTCTTACTACAAATGATGAGAGCCACTATTCCTC  
 GTGATAGACCTTGCTTGAGGCATTTTATATTACCAAGCAGAGCATTTTGATGAGGAGT  
 GGGATAGTCTTATTCATCAGTTTATGACCAATAGGCAAGAAATAAATAAGTCTGTTCAG  
 TACTTCACTTTGAGACAGATGTTTCAGCTTTTGTCCAGGCTAGTCCTTATGATACTGCTC  
 ATGATCTATTGACCTATACACAAGTTTTCGGCCAAAGTGGTCTTCAAAAAGTAGATAAAC

## SEQUENCE LISTING

TATCGCCGCTCTGAAAAAACTTGGTGATAGAAGTGGCCTTGTTCATCTGGCCACTCGTT  
TTCAATTATTGGATTCCAATGGACACTACCAAACCATATCGCCGGATTCACTCTTACAAA  
AGAGTAGGGGAGCTAATTTGGTCAATGTGTATCGTGTGGCTAATAATTTAGCGGATCGTA  
TTAGTCGAGATATTGAACAGTTTCTCTTAACCTACGAGCCTGAGCTTGAAACTAGAGCTG  
ATGAAACTGTTCTAGAAAATGAAGAACTGTTGATGAGCACAAAAACAAGTGTTCATCAAG  
CAATATCTTTTTCTAGAGAAGGGCTCTCTGGTTATTGCTAGTTTGGATGTAGATTGTCTC  
AAGTAGATGTTCAAATAGGAAAAACCAGTCATCTGCCAGCTTATGAAGAGTTATCCTTAC  
GACGTAAATTTGAGATTCTAACATATTTTGACCAAATTCGAAATGAACGTTCCAAAGTCC  
CAAGTTTTAGACGAGGTGATTTTGACACAGAGATGGAATGACACCAGTCTTTGATGGCG  
AGGAATTACTTACTTATCTCGAAGCTGATGGCAGTCCCTATGAGCTGAAACGAACGCTGA  
CTACAGTCGAAGAAAAGGAATTAGAAAAAATTGGACAAGCCATTAGGATAGAAAATCAAG  
AAAAATTGACTCAGCTAGGGATTGATTTATCTCAGTTTGACCCAGACCGAGTCGGTATTT  
TATTGGATGCAGCAGGTGTTTTCTGTTTAAAAAATGCAGACCTTGCTTTACTAGGTGGTT  
ATCCCAAAGCCTCGGTAACTCAACTAGCCCTTGCGACAGAACTACTCCAAATGGGACTAA  
GTCATGAAAAGGTTGAATTTTTCTTTGGTAGCCAGCTTCCATTGAAGAGCTGCGACAAG  
TTGCCCTACGCCCTTTTATACCAAGAACTCAGCAGAGAAGATGCGGAGCAATTTGAAAAAG  
ATAAAGGTAATCAGCCAGATTTAACTCTCAGAGATTGAAAAGCAAGCTAGAGAAAGCTG  
AGGGAAAAGAAGTAGTTGATGAAGAAATTCGCGGAAAATCCACTGGTTCAGAGAGTATTGG  
ACACTTATCCTCTGGGGTCATGGTTTCTATAAGGGACAGGACTTTGAGGTGATGTCGG  
TCAGCGATGCTCGATTGAACGGTTTGATTTCGGATTGAGTTAGTCAATGACTTTTTCGGATA  
TCATTGAACAAAATCCAGTTCTTTATGTGAGGACCTGGGAAGAAGTTCAGTCAGGCACCTC  
ATCAGCCAAAGGCAGAACCAACAACAGAGTTAGAAGAAGCGGACCAAGAATTAAACCTAT  
TCTCATTTCTGGAAGAGGAGCCAGTTGAGAGTATTGGACTATTGGAACAGATGATTGAG  
AAAATGGTCATAACGATACTGATCTTGAAGAAACAGATAATCAAATTCCTGAAGAGGAAG  
TCGTCGAAACAATTCAGAGATTCCAGTAACCGGACTTTTATTTTCCAGAAGATTGACCG  
ACTTTTATCCTAAGACTGCTAGAGATAAGGTTGAGACAAACATTGTGGCCATTGTTTTGG  
TAAAAAATCTAGAAGTAGAGCACCAGCAATGCTTCACCAAGTGAACAAGAACTCCTTGCCA  
AGTAGTAGGCTGGGGTGGACTAGCCAAATGAATTTTTGATGACTATAATCCAAAATTTT  
CTAAGGAACGAGAAGAACTGAAGAGCCTAGTCACAGATAAAGAGTATTTCGGATATGAAAC  
AGTCCTCCTGACAGCCTATTACACAGACCCATCCCTGATCCGTCAGATGTGGGATAAGT  
TGGAAGAGATGGCTTTACAGGTGGCAAAATCCTAGATCCTTCCATGGGAACAGGGAATT  
TCTTTGCGCTATGCCAAAACACTTAAGAGAAAAGAGTGAGTTGTATGGCGTAGAGTTAG  
ATACTATTACAGGAGCTATTGCCAAACACCTTCATCCCAATAGTCATATTGAAATTAAGG  
GATTTGAGACGGTGGCTTTTAAACGACAATAGTTTTGATTGGTGATTTCAAATGTGCCCT  
TTGCCAATATACGAATTGCGGATAATAGGTACGATAGGCCTTACATGATTGATGACTACT  
TTGTCAAAAAGTCACTTGATTTGCTTCATGATGGTGGACAAGTAGCGATTATCTCTTCCA  
CAGGAAGTATGGATAAGCGAACAGAAAACATCTTACAAGATATTGCTGAGACAACCTGAAT  
TTCTTGGTGGGGTTCGACTGCTGACTCTGCCTTTAAGGCCATTGCAGGAACGAGTGTCA  
CAACGGATATGTTATTCTTCCAGAAACACTTAGACAAGGGATATGTGGCAGACGATTTAG  
CCTTTTCAGGTTCCATTGCTATGACAAGGATAGTCGCATTGGCTCAATCCTTATTTTG  
ATGGAGAATACAATAGCCAGGTGCTAGGAACCTACGAGGTGAGGAATTTTAACGGAGGAA  
CACTTTCTGTTAAGGGGACTAGTGATGACTTGATTGCAAGTGTGAAACAGCTCTAAATC  
ACGTTAAGGCCCAAGAGAGATTGATAGAAATGAGGTGATCATTAAACCCAGATGTGTTGA  
CCAAACAAGTCAATGATACCTCCATTCCAGCTGAAATGAGGGAAAATCTAGGTGAGTACA  
GTTTTGGTTATCAGGGGTCTACAGTTTACTATCGAGATAACAAAGGCATTGAGTCGGAA  
CCAAGACGGAAGAAATCAGTTACTATGTCGATGAAGAGGGCAACTTCAAAGCATGGGACA  
CCAAACATTCTCAAAGCAGATTGATCGCTTTAATGCCTTAGAAGTACTGATAACACTG  
CTCTGGATGCTATGTGACCGATGATGCAGCCAAACGTGGTCAGTTTAAGGGGTATTATA  
AAAAGACAGTTTTCTATGAAGCTCCATTGTCTTATAAAGAAGTGGCACGTATCAAAGGAA  
TGGTCGATATTGCAATGCCTACCAAGAAGTTATTGCCATTCAACGCTATTATGACTATG  
ATAAGGAGACCTTAAACACTTGTAGGCAAACTCAATCGTACCTATGATAGCTTTGTCA  
AACACTATGGGTATTTGAATAGTGTGTGAACCGCAATCTTTTGATAGTGATGATAAGT  
ATTCGCTTCTTGTAGTTTGGAAAGTGAAGTCTGGATCCAAGTGGAAAGTCTGTTATCT  
ATACTAAATCCCTTGCCCTTTGAGAAGGCTCTAGTGCCTCCTGAAAAGAGGTTAAAAAGG  
TGCACTACTGCCCTTGATGCCTTAAATTCGAGCTTGCGTGACGGACGAGGTGTTGATTTG  
CTTATATGATGCTATCTATCAGGTTGAATCGCAGATGACCTTGATTGAGGAGTTAGGCG  
ACCTCATTATGCTGATCCTGAGAGTATTTGAATGGAGAATTGACCTATGTTTCTCGCC  
AAGACTTTCTTTCAGGGGATGTCGTCACTAAGTTAGAAGTGGTAGATCTATTGTCAAAC  
AAGACAATCAGGACTTTAACTGGTCACATTATGCGGGACTTCTAGAAGCTATCAAACCAG  
CCCGTATTACTTTGGCAGACATTGATTATCGAATCGGTTACAGCTGGATTCTCTGGCTG  
TTTATGGAAAATTTGCCCAAGAAACCTTTATGGGGAAAGCCTATGAAGTGTGACAGCAAG  
AAGTAGCGACAGTCTAGAAGTCAGTCCCATTTGACGGGGTTATCACTTACCAATCTAAGT  
TTGCCATACCTATTCCAACGCAACGGATAGGAGTTTAGGTGTCCCTGCTTCACGCTATG  
ATAGTGGTCGAAAATCTTTGAAAATCTCCTGAATCCAATCAACCAACCATCACAAAAC

## SEQUENCE LISTING

AAGTTGTCGAAGGGGATAAGAAAAAGAAATGTGACGGATGTAGAGAAAACAACGGTCCTGC  
 GTGCCAAGGAAACACACCTACAAGAACTCTTCAAGGTTTTGTAGCAAAGTATCCAGAAG  
 TCCAACAAATGATTGAAGACACCTATAATAGGCTCTACAATCGTACGGTATCAAAGTCCT  
 ATGATGGTAGTCATTTAACCATTGATGGACTTGCTCAGAATATCTCCTTACGTCCTCACC  
 AAAAGAAATGCCATTCAACGAATTGTCGAGGAAAAACGTGCTCTACTAGCTCATGAAGTTG  
 GTTCAGGTAACACCTTACCATGCTTGGGGCAGGATTCAAACCTGAAAGAACTCGGAATGG  
 TACATAAACCACTTTATGTGGTGCCGTCTAGTCTGACTGCTCAGTTTGGTCAAGAAATCA  
 TGAAATTTTTCCCTACCAAGAAAGTCTATGTGACTACTAAGAAAGACTTTGCCAAAGCCA  
 AACGCAAGCAGTTTGTGTCCCCTATTATTACAGGGGACTATGATGCCATTGTCTATTGGGG  
 ATTCACAATTTGAGAAGATACCGATGAGTCGTGAAAAACAGGTCACCTATATCAATGACA  
 AACTTGAGCAACTCCGAGAAATCAAGCTAGGAAGTGACAGTGATTACACGGTGAAAGAAAG  
 CGGAACGTTTCGATTAAAGGGATTAGAACCAGGTTGGAAGAACTCCAAAACTAGAGCGAG  
 ATACCTTTATTGAGTTTGAAAACCTTGGAATTGATTTCTTTTTGTGGATGAGGCTCATC  
 AACTCAAGAATATCCGTCCAATCACTGGACTTGGGAATGTAGCTGGAATCACCAACACAA  
 CTTCTAAAAAGAACGTGGATATGGAGATGAAGGTGAGACAAGTACAGGCAGAGCATGGAG  
 ATAGAAATGTCGTTTTTGCACAGGAACACCAGTTTCTAACTCTATTAGTGAACCTTTCA  
 CCATGATGGATTACATTTCAACCTGATGTCTTGAACGATACCTGGTATCAAATTTTGACT  
 CCTGGGTTGGGGCTTTTGGGAATATCGAAAACTCCATGGAATAGCCCGACAGGAGATA  
 AGTACCAACCCCAAGAAACGGTTCAAGAAATTTGTCAACCTTCTGAACTCATGCCAATCT  
 ACAAGGAACTGCCGATATTAGACCTCAGACATGCTTGATTACCAGTACCGGAAGCTA  
 AGATTATTGCGGTGGAAAGCGAGTTAACGCAAGCTCAGAAATACTATTGGAAGAGCTGG  
 TAAAGCCTTCAGACGCTATCAAGTCAGTGTGTTGATCCAAGTAGAGATAACATGCTTA  
 AAATCACAGGAGAAGCCAGAAAACTAGCTATTGATATGCGGTTGATTGACCCCTACTTACT  
 CCTTATCGGATAATCAGAAAAATCCTTCAAGTAGTCGATAATGTCGAGCGGATTTACCGTG  
 ATGGAGCTGGAGACAAGCCACTCAGATGATTTTCTCAGATATTGGAACCCCTAAAAGTA  
 AGGAAGAGGGTTTGTGTCTACAATGAACCTTAAGGACTTGTGTTGTCGATCGAGGGATAC  
 CAAAGAGAAATTTGCCCTTTGTCCATGATGCCAATCTGATGAGAAGAAAACTCTCTGT  
 CACGCAAGGTCAATAGTGGAGAAGTACGGATTCTCATGGCTTCTACGAAAAAGGGGAA  
 CAGGATTAAACGTCCTTCTCGCATGAAAGCTGTCCACTATTAGACGTTCCCTGGAGGC  
 CCTCAGACATTGTCCAGCGAAATGGACGACTAATTCGACAAGGAACATGCACCAGGAGG  
 TAGATATTATCACTATATTACTAAAGGGAGCTTTGACAATTACCTCTGGCAGACGCAGG  
 AGAATAAGCTAAAGTATATCAACCCAGATAATGACCTCAAAGATCCTGTGAGATCAGCTG  
 AAGACATTGATGAACAAACCATGACCGCTCAGACTTTAAGGCATTGGCAACTGGGAACC  
 CTTATCTCAAACCTCAAATGGAGTTGGAAAAATGAACTGACAGTTTTAGAGAATCAAAAAC  
 GAGCCTTTAATCGCTCCAAAGACGAGTATCGCCATACCATTTCTTATAGCGAGAAGCACC  
 TCCCTATTATGGAAAAACGGTTGAGTCAATATGATAAAGATATTGCCCAATCTTTGGCAA  
 CCAAGTCGCAAGATTTTGTCTCATGCGATTGACAATCAAGCAATGGATAATCGTGTGAAG  
 CTGGGGACTATCTGCGAAAACTCATTACCTATAACCGCTCAGAGACCAAGGAAGTCAGGA  
 CACTTGCCAGCTTTAGAGGATTTGATTTAAAAATGACTACACGAGGTGCTAGTGAGCCCT  
 TACCAGAAACCATTTCTTTAATGATTGTAGGTGATAACCAAGTATACCTGTGCGCCTTGATT  
 TGAATCAGACGTGGGAACCATTCACGGATTAGTAATGCCATTGACCATATTATAGATG  
 ACCAAGAAAAAGACGCAAGAGCTGGTAAAGGATTTAAAGATAAAGCTACGAGTAGCCAAAG  
 TAGAAGTTGATAAAGTCTTTCCAAAGGAAGAGGACTATCAGCTTGTAAGGCTAAGTATG  
 ATGTTTTAGCTCCCTTGTTGAAAAAGAGCAGAGATTGAAGAGATAGATGCAGCTTTGG  
 CCAAGTTTAGTGAAGATACAACACCCCAAAGAAAGCAACAAATAGCACTCGAGATA

SEQ ID. NO. 7002

STRAIN H36B

GGAGGGAAATGAATCAAGAACTTACTACAAATGAT  
 GAGAGCCACTATTCTCGTGATAGAGCCTTGCTTGAGGCATTTTTATATT  
 ACCAAGCAGAGCATTTTATGATGAGGAGTGGGATAGTCTTATTCATCAGTTT  
 ATGACCAATAGGCAAGAAATAAATAAGTCTGTTCAAGTACTTCACTTTGA  
 GACAGATGTTTCAGCTTTTGTCCAGGCTAGTCTTATGATACTGCTCATG  
 ATCTATTGACCTATACACAAGTTTTCGGCCAAAGTGGTCTTCAAAAACCTA  
 GATAAACTATCGCCGCTGAAAAAACTTGGTGATAGAAGTGGCCTTGTT  
 CAATCTGGCCACTCGTTTTCAATTATTGGATTCCAATGGACACTACCAAA  
 CCATATCGCCGATTCACTCTTACAAAAGAGTAGGGGAGCTAATTTGGTCT  
 AATGTGTATCGTGTGGCTAATAATTTAGCGGATCGTATTAGTCGAGATAT  
 TGAACAGTTTCTCTTAACCTACGAGCCTGAGCTTGAAACTAGAGCTGATG  
 AAACGTGTTCTAGAAAATGAAGAACTGTTGATGAGCACAAAACAAGTGT  
 CATCAAGCAATATCTTTTCGAGAAGAGGGCTCTCTGGTTATTGCTAGTTT  
 GGATGTAGATTTGTCTCAACTAGATGTTCAAATAGGAAAAACAGTCATC  
 TGCCAGCTTATGAAGAGTTATCCTTACGACGTAAATTTGAGATTCTAACA  
 TATTTTGACCAAATTCGAAATGAACGTTCCAAAGTCCCAAGTTTGTAGACG

## SEQUENCE LISTING

AGGTGATTTTGACACAGAGATGGAAATGACACCAGTCTTTGATGGCGAGG  
AATTACTTACTTATCTCGAAGCTGATGGCAGTCCCTATGAGCTGAAACGA  
ACGCTGACTACAGTCTGAAGAAAAGGAATTAGAAAAAATTGGACAAGCCAT  
TAGGATAGAAAAATCAAGAAAAATTGACTCAGCTAsGkATTGrTTTATCTC  
AGTTTGACCCAGACCGAGTCCGTTATTTATTGkATGCAGCAGGTTCGtyyT  
CGTTTAWAAATGCAGACCTTGCTTCACTAGGTGGTTATCCCAAAGCCTC  
GGTAACTCAACTAGCCCTTGCGACAGAACTACTCCAAATGGGACTAAGTC  
ATGAAAAGGTTGAATTTTTCTTTGGTAGCCAGCTTTCATTGAAGAGCTG  
CGACAAGTTGCCCTACGCCTTTTTACACCAAGAACTCAGCAGAGAAGATGC  
GGAGCAATTTGAAAAAGATAAAGGTAATCAGCCAGATTTAACTCTCAGAG  
ATTGAAAAAGCAAGCTAGAGAAAGCTGAGGGAAAAGAAGTAGTTGATGAA  
GAATTCGCGGAAAATCCACTGGTTCAGAGAGTATTGGACACTTATCCTCT  
GGGTCATTGGTTTCTTATAAGGGACAGGACTTTGAGGTCATGTCGGTCA  
GCGATGCTCGATGAACGGTTTGATTGCGATTGAGTTAGTCAATGACTTT  
TCGGATATCATTGAACAAAATCCAGTTCTTTATGTGAGGACCTGGGAAGA  
AGTCAGTCAGGCACTTCATCAGCCAAAGGCAGAACCAAAACAGAGTTAG  
AAGAGCGGACCAAGAAATTAAACCTATTCTCATTCTGGAAGAGGAGCTA  
GTTTCAAGATATTGGACTATTGGAACAGATGATTCAGAAAATGGTCATAA  
CGATACTGATCTGAAGAAACAGATAATCAAATTCCTGAAGAGGAAGTCG  
TCGAAACAATTCAGAGATTCCAGTAACGGACTTTATTTTCCAGAAGAT  
TTGACGGACTTTTATCCTAAGACTGCTAGAGATAAGGTTGAGACAAACAT  
TGTGGCCATTTCGTTTGGTAAAAAATCTAGAAGTAGAGCACCGCAATGCTT  
CACCAAGTGAACAAGAACTCCTTGCCAAGTATGTAGGCTGGGGTGGACTA  
GCCAATGAATTTTTTTGATGACTATAATCCAAATTTCTAAGGAACGAGA  
AGAAGTGAAGAGCCTAGTCACAGATAAAGAGTATTCGGATATGAAACAGT  
CCTCCCTGACAGCCTATTACACAGACCCATCCCTGATCCGTGAGATGTGG  
GATAAGTTGGAAGAGATGGCTTTACAGGTGGCAAATCCTAGATCCTTC  
CATGGGAACAGGGAATTTCTTTGCGGCTATGCCAAAACACTTAAGAGAAA  
AGAGTGAGTTGTATGGCGTAGAGTTAGATACTATTACAGGAGCTATTGCC  
AAACACCTTCATCCCAATAGTCATATTGAAATTAAGGGATTGAGACGGT  
GGCTTTTAACGACAATAGTTTTGATTGGTGATTCAAATGTGCCCTTTG  
CCAATATACGAATTGCGGATAATAGGTACGATAGGCTTACATGATTTCAT  
GACTACTTTGTCAAAAAGTCACTTGATTGCTTCATGATGGTGGACAAGT  
AGCGATTATCTCTCCACAGGAACATATGGATAAGCGAACAGAAAACATCT  
TACAAGATATTCTGTAGACAACCTGAATTTCTTGGTGGGGTTCGACTGCCT  
GACTCTGCCTTTAAGGCCATTGCAGGAACGAGTGTCAACCGGATATGTT  
ATTCTTCAGAAAACCTTAGACAAGGGATATGTGGCAGACGATTTAGCCT  
TTTCAGGTTCCATTTCGCTATGACAAGGATAGTCGCATTTGGCTCAATCCT  
TATTTTGATGGAGAATACAATAGCCAGGTGCTAGGAACCTACGAGGTGAG  
GAATTTTAACGGAGGAACACTTTCTGTTAAGGGGACTAGTGATGACTTGA  
TTGCAAGTGTTGAAACAGCTCTAAATCACGTTAAGGCCCCAAGAGAGATT  
GATAGAAATGAGGTCTCATTTAACCAGATGTGTTGACCAAAACAGTCAA  
TGATACCTCCATTCCAGCTGAAATGAGGGAAAATCTAGGTCAGTACAGTT  
TTGTTTATCAGGGGTCTACAGTTTACTATCGAGATAACAAAGGCATTCTGA  
GTCGGAACCAAGACGGAAGAAATCAGTTACTATGTGATGAAGAG

SEQ ID. NO. 7003

STRAIN 18RS21

GnAGGGAAAATGAATCAAGAAGTCTTACTACAAATGATGAGA  
GCCACTATTCCCTCGTGATAGAGCCTTGCTTGAGGCATTTTATATTACCA  
AGCAGAGCATTTTGATGAGGAGTGGGATAGTCTTATTCATCAGTTTATGA  
CCAATAGGCAAGAAATAAATAAGTCTGTTCAAGTACTTCACTTTGAGACA  
GATGTTTCAGCTTTTGTCCAGGCTAGTCCTTATGATACTGCTCATGATCT  
ATTGACCTATACACAAGTTTTCGGCCAAAGTGGTCTTCAAAAAGTAGATA  
AACTATCGCCGTCTGAAAAAACTTGGTGATAGAAGTGGCCTTGTTCAAT  
CTGGCCACTCGTTTTTCAATTATTGGATTCCAATGGACACTACCAAAACCAT  
ATCGCCGGATTCACTCTTACaAAAGAGTAGGGGAGCTAATTTGGTCAATG  
TGTATCGTGTGGCTAATAATTTAGCGGATCGTATTAGTCGAGATATTGAA  
CAGTTTCTCTTAACTTACGAGCCTGAGCTTGAAACTAGAGCTGATGAAAC  
TGTTCTAGAAAATGAAGAACTGTTGATGAGCACAAAACAGTGTTTCATC  
AAGCAATATCTTTTCGAGAAGAGGGCTCTCTGGTTATTGCTAGTTTGGAT  
GTAGATTTGTCTCAACTAGATGTTCAAATAGGAAAAACAGTCATCTGCC  
AGCTTATGAAGAGTTATCCTTACGACGTAAATTTGAGATTCTAACATATT  
TTGACCAATTCGAAATGAACGTTCCAAAGTCCCAAGTTTGTAGACGAGGT

## SEQUENCE LISTING

GATTTTGACACAGAGATGGAAATGACACCAGTCTTTGATGGCGAGGAATT  
 ACTTACTTATCTCGAAGCTGATGGCAGTCCCTATGAGCTGAAACGAACGC  
 TGACTACAGTcGAAGAAAAGGAATTAGAAAAAATTGGACAAGCCATTAGG  
 ATAGAAAATCAAGAAAAATTGACTCAGCTAGGGATTGATTTATCTCAGTT  
 TGACCCAGACCGAGTCGGTATTTTATTGGATGCAGCAGGTCGTTTTTCGTT  
 TAAAAAATGCAGACCTTGCTTTACTAGGTGGTTATCCCAAAGCCTCGGTA  
 ACTCAACTAGCCCTTGCGACAGAACTACTCCAAATGGGACTAAGTCATGA  
 AAAGGTTGAATTTTTCTTTGGTAGCCAGCTTCCATTGAAGAGCTGCGAC  
 AAGTTGCCACGCCTTTTACACCAAGAACTCAGCAGAGAAGATGCGGAG  
 CAATTTGAAAAAGATAAAGGTAATCAGCCAGATTAACTCTCAGAGATTG  
 GAAAAGCAAGCTAGAGAAAAGCTGAGGGAAAAGAAGTAGTTGATGAAGAAT  
 TCGCGGAAAATCCACTGGTTCAGAGAGTATTGGACACTTATCCTCTGGGG  
 TCATTGGTTTCTTATAAGGGACAGGACTTTGAGGTCATGTCGGTCAGCGA  
 TGCTCGATTGAACGGTTTGATTTCGGATTGAGTTAGTCAATGACTTTTCGg  
 ATATCATTGAACAAAATCCAGTTCtTTAtGTGAGGACCTGGGAAGAAGTC  
 AGTCAGGCACCTTCATCAGCCAAAGGCAGAACCAACAGAGTTAGAAGA  
 AGCGGACCAAGAATTAACCTATTCTCATTCTGGAAGAGGAGCCAGTTC  
 AGAGTATTGGACTATTGGAACCAGaTGATTGAGAAAATGGTCATAACGAT  
 ACTGATCTTGAAGAAACAGATAATCAAATTCCTGAAGAGGAAGTCGTCGA  
 AACAATTCAGAGATTCCAGTAACGGACTTTTATTTTCCAGAAGATTGGA  
 CGGACTTTTATCCTAAGACTGCTAGAGATAAGGTTGAGACAAACATTGTG  
 GCCATTTCGTTTGGTAAAAAATCTAGAAGTAGAGCACCGCAATGCTTCACC  
 AAGTGAACAAGAACTCCTTGCCAAGTATGTAGGCTGGGGTGGACTAGCCA  
 ATGAATTTTTTGATGACTATAATCCAAAATTTCTAAGGaACGAGAAGAA  
 CTGAAGAGCCTAGTCACAGATAAAGAGTATTTCGGATATGAACAGTCCTC  
 CCTGACAGCCTATTACACAGACCCATCCCTGATCCGTGAGATGTGGGATA  
 AGTTGGAAAGAGATGGCTTTACAGGTGGCAAAATCCTAGATCCTTCCATG  
 GGAACAGGGAAATTTCTTTGCGGCTATGCCAAAACACTTAAGAGAAAAGAG  
 TGAGTTGTATGGCGTAGAGTTAGATACTATTACAGGAGCTATTGCCAAAC  
 ACCTTCATCCCAATAGTCATATTGAAATTAAGGGATTGAGACGGTGGCT  
 TTTAACGACAATAGTTTTGATTTGGTGATTTCAAATGTGCCCTTTGCCAA  
 TATACGAATTGCGGATAATAGGTACGATAGGCCTTACATGATTCATGACT  
 ACTTTGTCAAAAAGTCACTTGATTGTCTTCATGATGGTGGACAAGTAGCG  
 ATTATCTCTTCCACAGGAACATATGATAAGCGAACAGAAAACATCTTACA  
 AGATATTTCGTGAGACAACTGAATTTCTTGGTGGGGTTCGACTGCCTGACT  
 CTGCCCTTAAGGCCATTGCAGGAACGAGTGTCAACCGGATATGTTATTC  
 TTCCAGAAACACTTAGACAAGGGATATGTGGCAGACGATTTAGCCTTTTC  
 AGGTTCCATTTCGCTATGACAAGGATAGTCGCATTGGCTCAATCCTTATT  
 TTGATGGAGAATACAATAGCCAGGTGCTAGGAACCTACGAGGTCAGGAAT  
 TTTAACGGAGGAACACTTTCTGTTAAGGGGACTAGTGATGACTTGATTGC  
 AAGTGTGAAACAGCTCTAAATCACGTTAAGGCCCAAGAGAGATTGATA  
 GAAATGAGGTCATTAACCCAGATGTGTTGACCAACAAGTCAATGAT  
 ACCTCCATTCCAGCTGAAATGAGGGAAAATCTAGGTCAGTACAGTTTGG  
 TTATCAGGGGTCTACAGTTTACTATCGAGATAACAAAGGCATTTCGAGTCG  
 GAACCAAGACGGAAGAAATCAGTTACTATGTGATGAAGAG

## SEQ ID. NO. 7004

STRAIN H36B frame: 1

GGKMNQEVLLQMMRATIPDRALLEAFLLYYQAEHFDEEWDLSLIHQFMTNQRQINKSVQVL  
 HFETDVSFAVQASPYDTAHDLLTYTQVFGQSLQKLDKLSPEKNLVIEVALFNLATRFQ  
 LLDSNGHYQTISPDSLLQKSRGANLVNVYRVANNLADRI SRDIEQFLLTYPETELETRADE  
 TVLENEETVDEHKT SVHQAI SFREEGSLVIASLDVLDLSQLDVQIGKTS HLPAYEELS LRR  
 KFEILTYFDQIRNERSKVP SFRGDFDTEMEMT PVFDGEELLTYLEADGSPYELKRTLTT  
 VEEKELEKIGQAIRIENQEKLTQLXIXLSQFDPDRVGILLXAAGRXLXNADLASLGGYP  
 KASVTQLALATELLQMLGSHEKVEFFFGSQLSIEELRQVAYAF LHQELSREDAEQFEKDK  
 GNQPD LTLRDWKS KLEKAEKVEVDEEFAENPLVQRVLDTYPLGSLVSYKGQDFEVMVS  
 DARLNLRIELVND FSDIIEQNPLYVRTWEEVSQALHQPKAEPQTELEEDQELN LFS  
 FLEEELVQSIGLLEPDSENGHNDTDLEETDNQIPEEEVVETIPEIPVTDYFFPEDLTDF  
 YPKTARDKVETNIVAIRLVKNLEVEHRNASPSEQELLAKYVGWGGLANEFDDYNPKFSK  
 EREELKSLVTDKEYSDMKQSSLTAYYTDPSLI RQMWDKLERDGF TGGKILDPSMGTGNFF  
 AAMPKHLREKSELYGVELDTITGAIAKHLHPNSHIEIKGFETVAFNDNSFDLVISNVPFA  
 NIRIADNRYDRPYMIHDYFVKKSLDLLHDGGQVAIISSTGMTDKRTENILQDIRETTEFL  
 GGVRLPDSAFKAIAGTSVTTDMLFFQKHLDKGYVADDLAFSGSIRYDKDSRIWLNPFYFDG  
 EYNSQVLGTYEVRNFNGGTL SVKGTSDDL IASVETALNHVKAPREIDRNEVIINPDVLT K

## SEQUENCE LISTING

QVNDTSIPAEMRENLGQYSFGYQGSTVYYRDNKGIRVGTKTEEISYYVDEE

## SEQ ID. NO. 7005

STRAIN 18RS21 frame: 1

XGKMNQEVLLQMMRATIPDRALLEAFLLYYQAEHFDEEWDSLHQFMTNRQEIINKSVQVL  
 HFETDVSFAFVQASPYDTAHDLLTYTQVFGQSGLOKLDKLSPEKNLVIEVALFNLATRFQ  
 LLDSNGHYQTISPDSLLQKSRGANLVNRYRVANNLADRI SRDIEQFLTYEPELETRADE  
 TVLENEETVDEHKTSVHQAI SFREEGSLVIASLDVDSLQLDVQIGKTSHPAYEELSRR  
 KFEILTYFDQIRNERSKVPSFRRGDFDTEMEMTPVFDGEELLTYLEADGSPYELKRTLT  
 VEEKELEKIGQAI RIENQEKLTLQGLDLSQFDPDRVGI LLDAAGRFR LKNADLALLGGYP  
 KASVTQLALATELLQMGLSHEKVEFFFGSLSIEELRQVAYAF LHQELSREDAEQFEKDK  
 GNQPDLTLDWKSLEKAEGKEVVDEEFAENPLVQRVLD TYPLGSLVSYKGQDFEVM SVS  
 DARLNLIRIELVND FSDIEQN PVLVYRTWEEVSQALHQPKAEPQTELEEADQELN LFS  
 FLEEEPVQSIGLLEPDDSENGHNDTLEETDNQIPEEEVVETIPEIPVTD FYFFPEDLTDF  
 YPKTARDKVETNIVAIRLVKNLEVEHRNASPSEQELLAKYVVGWGLANEFFDDYNPKFSK  
 EREELKSLVTDKEYSDMKQSSLTAYYTDPSLIRQMWDKLERDGTGGKILDPSMG TG NFF  
 AAMPKHLREKSELYGVELDTITGAI AKHLHPNSHIEIKGFETVAFNDNSFDLVISNVPFA  
 NIRIADNRYDRPYMIHDYFVKKSLDLLHDGGQVAIISSTGTMDKRTENILQDIRETTEFL  
 GGVRLPDSAFKAIAGTSVTTDMLFFQKHLDKGYVADDLAFSGSIRYDKDSRIWLN PYFDG  
 EYNSQVLGTYEVRNFNGGTL SVKGTSDDLIASVETALNHVKAPREIDRNEVIINPDVLT K  
 QVNDTSIPAEMRENLGQYSFGYQGSTVYYRDNKGIRVGTKTEEISYYVDEE

## SEQ ID. NO. 7006

STRAIN 2603 frame: 1

XGKMNQEVLLQMMRATIPDRALLEAFLLYYQAEHFDEEWDSLHQFMTNRQEIINKSVQVL  
 HFETDVSFAFVQASPYDTAHDLLTYTQVFGQSGLOKLDKLSPEKNLVIEVALFNLATRFQ  
 LLDSNGHYQTISPDSLLQKSRGANLVNRYRVANNLADRI SRDIEQFLTYEPELETRADE  
 TVLENEETVDEHKTSVHQAI SFREEGSLVIASLDVDSLQLDVQIGKTSHPAYEELSRR  
 KFEILTYFDQIRNERSKVPSFRRGDFDTEMEMTPVFDGEELLTYLEADGSPYELKRTLT  
 VEEKELEKIGQAI RIENQEKLTLQGLDLSQFDPDRVGI LLDAAGRFR LKNADLALLGGYP  
 KASVTQLALATELLQMGLSHEKVEFFFGSLSIEELRQVAYAF LHQELSREDAEQFEKDK  
 GNQPDLTLDWKSLEKAEGKEVVDEEFAENPLVQRVLD TYPLGSLVSYKGQDFEVM SVS  
 DARLNLIRIELVND FSDIEQN PVLVYRTWEEVSQALHQPKAEPQTELEEADQELN LFS  
 FLEEEPVQSIGLLEPDDSENGHNDTLEETDNQIPEEEVVETIPEIPVTD FYFFPEDLTDF  
 YPKTARDKVETNIVAIRLVKNLEVEHRNASPSEQELLAKYVVGWGLANEFFDDYNPKFSK  
 EREELKSLVTDKEYSDMKQSSLTAYYTDPSLIRQMWDKLERDGTGGKILDPSMG TG NFF  
 AAMPKHLREKSELYGVELDTITGAI AKHLHPNSHIEIKGFETVAFNDNSFDLVISNVPFA  
 NIRIADNRYDRPYMIHDYFVKKSLDLLHDGGQVAIISSTGTMDKRTENILQDIRETTEFL  
 GGVRLPDSAFKAIAGTSVTTDMLFFQKHLDKGYVADDLAFSGSIRYDKDSRIWLN PYFDG  
 EYNSQVLGTYEVRNFNGGTL SVKGTSDDLIASVETALNHVKAPREIDRNEVIINPDVLT K  
 QVNDTSIPAEMRENLGQYSFGYQGSTVYYRDNKGIRVGTKTEEISYYVDEE

## SEQ ID NO. 7101

STRAIN 2603

ATGAAAAAGAAAATTATTTTGAAAAGTAGTGTTCTTGTTTAGTCGCTGGGACTTCTATT  
 ATGTTCTCAAGCGTGTTCCGCGACCAAGTCGGTGTCAGTATAGGCGTCAATGACTTT  
 CATGCTGCACTTGACAATACTGGAACAGCAAATATGCCTGATGGAAAAGTTGCTAATGCT  
 GGTACTGCTGCTCAATTAGATGCTTATATGGATGACGCTCAAAAAGATTCAAACAAACT  
 AACCCTAATGGTGAAAGCATTAGGGTTCAAGCAGGCGATATGGTTGGAGCAAGTCCAGCC  
 AACTCTGGGCTTCTTCAAGATGAACCAACTGTCAAAAATTTAATGCAATGAATGTTGAG  
 TATGGCACATTGGCTAACCATGAATTTGATGAAGGTTGGCAGAATATAATCGTATCGTT  
 ACTGGTAAAGCCCCTGCTCCAGATTCTAATATTAATAATATACGAAATCATACCCACAT  
 GAAGCTGCAAAACAAGAAATTGTAGTGGCAAATGTTATTGATAAAGTTAACAACAAATT  
 CCTTACAATTGGAAGCCTTACGCTATTAATAATATTCCTGTAAATAACAAAAGTGTGAAC  
 GTTGGCTTTATCGGGATTGTCAACAAAGACATCCCAAACCTGTCTTACGTAAAAATTAT  
 GAACAATATGAATTTTATGATGAAGCTGAAACAATCGTTAAATACGCCAAAGAATTACAA  
 GCTAAAAATGTCAAAGCTATTGTAGTTCTCGCACATGTACCTGCAACAAGTAAAAATGAT  
 ATTGCTGAAGGTGAAGCAGCAGAAATGATGAAAAAGTCAATCAACTCTTCCCTGAAAT  
 AGCGTAGATATTGTCTTTGCTGGACACAATCATCAATATACAAATGGTCTTGTGGTAAA  
 ACTCGTATTGTACAAGCGCTCTCTCAAGGAAAAGCCTATGCTGATGTACGTGGTGTCTTA  
 GATACTGATACACAAGATTTCATTGAGACCCCTTCAGCTAAAGTAATTGCAGTTGCTCCT  
 GGTAAAAAACAAGTAGTGGCGATATTCAAGCCATTGTTGACCAAGCTAATACTATCGTT  
 AAACAAGTAACAGAAGCTAAAATTGGTACTGCCGAGGTAAGTGTGATGATTACGCGTTCT  
 GTTGATCAAGATAATGTTAGTCCGGTAGGCAGCCTCATCACAGAGGCTCAACTAGCAATT

## SEQUENCE LISTING

GCTCGAAAAAGCTGGCCAGATATCGATTTTGCCATGACAAATAATGGTGGCATTCTGTGCT  
 GACTTACTCATCAAACAGATGGAACAATCACCTGGGGAGCTGCACAAGCAGTTCAACCT  
 TTTGGTAATATCTTACAAGTCGTGAAATTACTGGTAGAGATCTTTATAAAGCACTCAAC  
 GAACAATACGACCAAAAAACAAATTTCTTCTTCAAATAGCTGGTCTGCGATACACTTAC  
 ACAGATAATAAAGAGGGCGGGGAAGAAACACCATTTAAAGTTGTAAAAGCTTATAAATCA  
 AATGGTGAGGAAATCAATCCTGATGCAAAATACAAATTAGTTATCAATGACTTTTTTATTC  
 GGTGGTGGTGGTGGCTTTGCAAGCTTCAGAAATGCCAAACTTCTAGGAGCCATTAACCCC  
 GATACAGAGGTATTTATGGCCTATATCACTGATTTAGAAAAAGCTGGTAAAAAGTGAGC  
 GTTCCAAATAATAAACCTAAAATCTATGTCACTATGAAGATGGTTAATGAAACTATTACA  
 CAAAATGATGGTACACATAGCATTATTAAGAACTTTATTTAGATCGACAAGGAAATATT  
 GTAGCACAAAGAGATTGTATCAGACACTTTAAACCAAAACAAATCAAAATCTACAAAAATC  
 AACCTGTAACTACAATTACAAAAACAATTACACCAATTTACAGCTATTAACCCCTATG  
 AGAAATTATGGCAAACCATCAAACCTCACTACTGTAAATCAAAACAATTACCAAAAAACA  
 AACTCTGAATATGGACAATCATTCTTATGTCTGTCTTTGGTGGTGGACTTATAGGAATT  
 GCTTTAAATACAAAGAAAAACATATGAAA

## SEQ ID NO. 7102

STRAIN 090

AAGTCGGTGTCCAAGTTATAGGCGTCAATGACTTTTCATGGTGCACCTTGAC  
 AATACTGGAAACAGCAAATATGCCTGACGGAAAAGTTACTAATGCTGGCAC  
 TGCTGCTCAATTAGATGCTTATATGGATGATGCTCAAAAAGATTTCAAAC  
 AAATAACCCCTAATGGTGAAAGCATTAGAGTTCAAGCTGGTGGTATGGTT  
 GGAGCAAGTCCAGCTAATCAGGGCTTCTTCAAGATGAACCAACCGTTAA  
 AACATTTAATGCAATGAATGTTGAGTATGGCACATTAGGTAACCATGAAT  
 TTGATGAAGGTTTGGCAGAATACAATCGTATCGTTACTGGAAAGGCCCT  
 GCTCCAGATTCTAATATAAATAATATTACGAAATCATACCCACACGAAGC  
 TGCAAAACAAGAAATTGTAGTGGCAAACGTTATTGATAAAGTTAACAAAC  
 AAATCCCTTACAATTGGAAACCTTACGCTATTAAAAATATTCTCTGTAAAT  
 AACAAAAGTGTGAACGTTGGCTTTATCGGAATCGTTACCAAGACATCCC  
 AAACCTTGTCTTACGTAAAAATTATGAACAATATGAATTTTATAGATGAAG  
 CTGAAACAATCGTTAAATACGCCAAAGAATTACAAGCTAAAAATGTCAAG  
 GCTATTGTAGTCCCTGCTCATGTACCTGCAACAAGCAAGGATGATATTGC  
 TGAAGGTGAAGCAGCAAAATGATGAAAAAGTCAATCAACTCTCCCTG  
 AAAATAGCGTAGATATTGTCTTTGCTGGACACAATCATCAATATACAAAT  
 GGTCTTGTGGTAAAACTCGCATTGTACAAGCGCTCTCTCAAGGAAAAGC  
 CTATGCTGACGTACGTGGTGTCTTAGATACTGATACACAAGATTTTCATTG  
 AAACCCCTTCAGCTAAAGTAGTTGCAGTTGCTCCTGGTAAAAAACAGGT  
 AGTGCCGATATTCAAGCCATTGTTGACCAAGCTAATACTATCGTTAAACA  
 AGTAACAGAAGCTAAAAATTGGTACTGCCGAGGTAAGTGGCATGATTACGC  
 GTTCTGTGTTGATCAAGATAATGTTAGTCCAGTAGGCAGCCTCATCACAGAG  
 GCTCAACTAGCAATTGCTCGAAAAAGCTGGCCAGATATCGATTTTGCCAT  
 GACAAATAATGGTGGCATTCTGTGCTGACTTACTCATCAAACAGATGGAA  
 CAATCACCTGGGGGAGCTGCACAAGCAGTTCAACCTTTTGGTAATATCTTA  
 CAAGTCGTGAAATTACTGGTAGAGATCTTTATAAAGCACTCAACGAACA  
 ATACGACCAAAAAACAAATTTCTTCTTCAAATAGCTGGTCTGCGATACA  
 CTTACACAGATAATAAAGAGGGCGGAGAAGAAACACCATTTAAAGTTGTA  
 AAAGCTTATAAATCAAATGGTGAAGAAATCAATCCTGATGCAAAATACAA  
 ATTAGTTATCAATGACTTTTTATTTCGGTGGTGGTGGTGGCTTTGCAAGCT  
 TCAGAAATGCCAAACTTCTAGGAGCCATTAATCCCGATACAGAGGTATTT  
 ATGGCCTATATCACTGATTTAGAAAAAGCTGGTAAAAAGTGAGCGTTCC  
 AAATAATAAACCTAAAATCTATGTCACTATGAAGATGGTTAATGAACTA  
 TTACACAAAATGATGGTACACATAGCATTATTAAGAACTTTATTTAGAT  
 CGACAAGGAAATATTGTAGCACAGAGATTGTATCAGACACTTTAAACCA  
 AACAAAATCAAATCTACAAAATCAACCCTGTAACCTACAATTACAAAA  
 AACAAATTACACCAATTTACAGCTATTAACCCCTATGAGAAATTATGGCAA  
 CCATCAAACCTCACTACTGTAAAATCAAAACAA

## SEQ ID NO. 7103

STRAIN A909

GCGTCAATGACTTTTCATGGTGCaCTTGACAATACTGGAACAGCAAATATG  
 CCTGACGGAAAAGTTACTAATGCTGGCACTGCTGCTCAATTAGATGCTTA  
 TATGGATGATGCTCAAAAAGATTTCAAACAAACTAACCTAATGGTGAAA  
 GCATTAGAGTTCAAGCTGGTGGTATGTTGGAGCAAGTCCAGCTAACTCA  
 GGGCTTCTTCAAGATGAACCAACCGTTAAACATTTAATGCAATGAATGT



## SEQUENCE LISTING

TGAGTATGGCACATTAGGTAACCATGAATTTGATGAAGGTTTGGCAGAAT  
ACAAATCGTATCGTTACTGGAAAGGCCCTGCTCCaGaTTCTAATATAAAT  
AATATTACGAAATCATACCCACACGAAGCTGCAAAACAAGAAATGTAGT  
GGCAAACGTTATTGATAAAGTTAACAAACAAATCCCTTACAATTGGAAAC  
CTTACACTATTAAAAATATTCTGTAAATAACAAAAGTGTGAACGTTGGC  
TTTATCGGAATCGTTACCAAAGACATCCCAAACCTTGTCTTACGTAAAAA  
TTATGAACAATATGAATTTTGTAGTGAAGCTGAAACAATCGTTAAATACG  
CCAAAGAATTACAAGCTAAAAATGTCAAGGCTATTGTAGTCCTTGTCTCAT  
GTACCTGCAACAAGCAAGGATGATATTGCTGAAGGTGAAGCAGCAGAAAT  
GATGAAAAAAGTCAATCAACTCTTCCCTGAAAAATAGCGTAGATATTGTCT  
TTGCTGGACACAATCATCAATATACAAATGGTCTTGTGGTAAACTCGT  
ATTGTACAAGCGCTCTCTCAAGGAAAAGCCTATGCTGATGTACGTGGTGT  
CCTAGATACTGATACACAAGATTTCAATTGAAACCCCTTCAGCTAAAGTAA  
TTGCGAGTTGCTCTGTTAAAAAACAGGTAGTGCCGATATTCAAGCCATT  
GTTGACCAAGCTAATACTATCGTTAAACAAGTAACAGAAGCTAAATTTGG  
TACTGCCGAGGTAAGTGGCATGATTACGCGTTCTGTTGATCAAGATAATG  
TTAGTCCGGTAGGCAGCCTCATCACAGAGGCTCAACTAGCAATTGCTCGA  
AAAAGCTGGCCAGATATCGATTTTGCCATGACAAATAATGGTGGCATTG  
TGCTGACTTACTCATCAAACCAGATGGAACAATCACTGGGGAGCTGCAC  
AAGCAGTTCAACCTTTTGGTAATATCTTACAAGTCGTGAAATTTACTGGT  
AGAGATCTTTATAAAGCACTCAACGAACAATACGACCAAAAACAAATTT  
CTTCCCTTCAAATAGCTGGTCTGCGATACACTTACACAGATAATAAGAGG  
GCGGGGAAGAAACACCATTTAAAGTTGTAAGGCTTATAAATCAAATGGT  
GAGGAATCAATCCCTGATGCAAAATACAAATTAGTTATCAATGACTTTT  
ATTGCGTGGTGGTATGGCTTTGCAAGCTTCAGAAATGCCAACTTCTAG  
GAGCCATTAATCCCGATACAGAGGTATTTATGGCTATATCACTGATTTA  
GAAAAGCTGGTAAAAAAGTGAGCGTTCCAAATAATAAACCTAAATCTA  
TGCTACTATGAAGATGGTTAATGAACTATTACACAAATGATGGTACAT  
ATAGCATTATTAAGAACTTTATTTAGATCGACAAGGAAATATTGTAGCA  
CAAGAGATTGTATCAGACACTTTAAACCAAACAAATCAAATCTACAAA  
AATCAACCTGTAACTACAATTACAAAAAACAAATACACCAATTTACAG  
CTATTAACCTATGAGAAATTATGGCAAACCATCAAACCTCCACTACTGTA  
AAATCAAAACAA

## SEQ ID NO. 7104

## STRAIN H36B

CCAAGTCGGTGCTCAAGTTATAGGCGTCAATGACTTTCATGGTGCCTTG  
ACAATACTGGAACAGCAAATATGCCTGACGGAAGTTACTAATGCTGGC  
ACTGCTGCTCAATTAGATGCTTATATGGATGATGCTCAAAAAGATTTCAA  
ACAACTAACCCTAATGGTGAAAGCATTAGAGTTCAAGCTGGTGATATGG  
TTGGAGCAAGTCCAGCTAACTCAGGGCTTCTTCAAGATGAACCAACCGTT  
AAAACATTTAATGCAATGAATGTTGAGTATGGCACATTAGGTAACCATGA  
ATTTGATGAAGGTTTGGCAGAATACAATCGTATCGTTACTGGAAGGCC  
CTGCTCCAGATTCTAATATAAATAATATTACGAAATCATACCCACACGAA  
GCTGCAAAACAAGAAATGTAGTGGCAAACGTTATTGATAAAGTTAACAA  
ACAAATCCCTTACAATTGGAACCTTACACTATTAAAAATATTCTGTAA  
ATAACAAAAGTGTGAACGTTGGCTTTATCGGAATCGTTACCAAAGACATC  
CCAAACCTTGTCTTACGTAAAAATTATGAACAATATGAATTTTGTAGTGA  
AGCTGAAACAATCGTTAAATACGCCAAAGAATTACAAGCTAAAAATGTCA  
AGGCTATTGTAGTCCTTGTCTCATGTACCTGCAACAAGCAAGGATGATATT  
GCTGAAGGTGAAGCAGCAGAAATGATGAAAAAAGTCAATCAACTCTTCCC  
TGAAAATAGCGTAGATATTGTCTTTGCTGGACACAATCATCAATATACAA  
ATGGTCTTGTGGTAAACTCGTATTGTACAAGCGCTCTCTCAAGGAAAA  
GCCTATGCTGATGTACGTGGTGTCTTAGATACTGATACACAAGATTTCAAT  
TGAAACCCCTTCAGCTAAAGTAATTGCAGTTGCTCCTGGTAAAAAACAG  
GTAGTGCCGATATTCAAGCCATTGTTGACCAAGCTAATACTATCGTTAAA  
CAAGTAACAGAAGCTAAAAATTGGTACTGCCGAGGTAAGTGGCATGATTAC  
GCGTTCTGTTGATCAAGATAATGTTAGTCCGGTAGGCAGCCTCATCACAG  
AGGCTCAACTAGCAATTGCTCGAAAAAGCTGGCCAGATATCGATTTTGCC  
ATGACAAATAATGGTGGCATTCGTGCTGACTTACTCATCAAACAGATGG  
AACAAATCACCTGGGGAGCTGCACAAGCAGTTCAACCTTTTGGTAATATCT  
TACAAGTCGTGAAATTTACTGGTAGAGATCTTTATAAAGCACTCAACGAA  
CAATACGACCAAAAACAAATTTCTTCCCTCAAATAGCTGGTCTGCGATA  
CACTTACACAGATAATAAAGAGGGCGGGGAAGAAACACCATTTAAAGTTG

TAAAAGCTTATAAATCAAATGGTGAGGAAATCAATCCTGATGCAAAATAC  
AAATTAGTTATCAATGACTTTTTATTCCGGTGGTGGTGATGGCTTTGCAAG  
CTTCAGAAATGCCAACTCTTAGGAGCCATTAATCCCGATACAGAGGTAT  
TTATGGCCATATACACTGATTTAGAAAAAGCTGGTAAAAAAGTGAGCGTT  
CCAAATAATAAACTAAAATCTATGTCACTATGAAGATGGTTAATGAAAC  
TATTACACAAAATGATGGTACATATAGCATTATTAAGAACTTTATTTAG  
ATCGACAAGGAAATATTGTAGCACAAGAGATTGTATCAGACACTTTAAAC  
CAAAACAAAATCAAATCTACAAAATCAACCCGTGAATACTACAATTACAA  
AAAAACAATTACCAACTTACAGCTATTAAACCTATGAGAAATTATGGCA  
AACCATCAAATCCACTACTGTAAATCAAA

GACCAAGTCGGTGTCCAAGTTATAGGCGTCAATGACTTTC  
ATGGTGCACTTGACAATACTGGAACAGCAAATATGCCTGACGGAAAAGTT  
AnTAATGCTGGCACTGCTGCTCAATTAGATGCTTATATGGATGATGCTCA  
AAAAGATTTCAAAACAACTAACCTTAATGGTGAAAGCATAGAGTCAAG  
CTCGTGATATGTTGGAGCAAGTCCAGCTAACTCAGGGCTTCTTCAAGAT  
GAACCAACCGTTAAAACATTTAATGCAATGAATGTTGAGTATGGCACATT  
AGGTAACCATGAATTTGATGAAGGTTTGGCAGAAATACAATCGTATCGTTA  
CTGGAAAGGCCCTGCTCCAGATTCTAATAATAAATATACGAAATCA  
TACCCACAGCAAGGCTGCAAAACAGAAATTTGTAAGTGGCAACGCTTATTGA  
TAAAGTTAACAAACAAATCCCTTACAATTGGAAACCTTACACTATTAAAA  
ATATTCTGTAAATAACAAAAGTGTGAACGTTGGCTTTATCGGAATCGTT  
ACCAAAGACATCCCAAACCTTGTCTTACGTAATAAATTATGAACAATATGA  
ATTTTGTAGATGAAGCTGAACCAATCGTTAAATACGCAAAAGAATTACAAG  
CTAAAAATGTCAAGGCTATTTGATGCTCTGCTCATGTACCTGCAACAAGC  
AAGGATGATATTGCTGAAGGTGAAGCAGCAGAAATGATGAAAAAAGTCAA  
TCAACTCTTCCCTGAAAATAGCGTAGATATTGTCTTTGCTGGACACAATC  
ATCAATATACAAATGGTCTTGTGGTAAAACCTCGTATTGTACAAGCGCTC  
TCTCAAGGAAAACCTATGCTGATGTACGTGGTGCTCTGACTACTGCTATC  
ACAAGATTTCATGCAACCCCTTCAGCTAAGTAAATAGCATGTGCTGCTG  
GTAAAAAACAGGTAGTGCCGATATTCAAGCCATTGTTGACCAAGCTAAT  
ACTATCGTTAAACAGTAAACAGAGCTAAAATTGGTACTGCCGAGGTAAG  
TGGCATGATTACGCGTTCTGTTGATCAAGATAATGTTAGTCCGGTAGGCA  
GCCTCATCACAGAGGCTCAACTAGCAATTGCTGAAAAAGCTGGCCAGAT  
ATCGATTTTGCCATGACAAATAATGGTGGCATTCTGTGCTGACTTACTCAT  
CAAACCAGATGGAACAATCACCTGGGGAGCTGCACAAGCAGTTCAACCTT  
TTGGTAAATATCTTACAAGTCGTGAAATTACTGGTAGAGATCTTTATAAA  
GCACTCAACGAACAATACGACCAAAAAACAAATTTCTTCTTCAAATAGC  
TGGTCTGCGATACACTTACACAGATAATAAAGAGGCGGGGAAGAACAC  
CATTTAAAGTTGTAAAGCTTATAAAATCAAATGGTGAGGAAATCAATCCT  
GATGCAAAATACAAATTAGTTATCAATGACTTTTTATTTCGGTGGTGGTGA  
TGGCTTTTGCAAGCTTCAGAAATGCCAAACTTCTAGGAGCCATTATCCCG  
ATACAGAGGTATTTATGGCCTATATCACTGATTTAGAAAAAGCTGGTAAA  
AAAGTGACGGTTCCAATAATAAACCTAAAATCTATGTCACTATGAAGAT  
GGTTAATGAAACTATTACAAAAATGATGGTACATATAGCATTTATTAAGA  
AACTTTATTTAGATCGACAAGGAAATATTGTAGCACAAGAGATTGTATCA  
GACACTTTAAACCAAAACAAATCAAATCTACAAAAATCAACCCTGTAAC  
TACAATTACAAAAACAATAATACCAATTTACAGCTATTAACCCCTATGA  
GAAATTATGGCAAAACCATCAAACCTCACTACTGTAAAATCAAAA

ACCAAGTCGGTGTCCAAGTTATAGGCGTCAATGACTTTCATGGTGCACCTT  
GACAATACTGGAACAGCAAATATGCCTGACGAAAAGTTACTAATGCTGG  
CACTGCTGCTCAATTAGATGCTTATATGGATGATGCTCAAAAAGATTTC  
AACCAACTAACCTAATTGGTGAAGCATAGAGTTCAAGCTGGTGATATG  
GTTGGAGCAAGTCCAGCTAATCAGGGCTTCTTCAAGATGAACCAACCGT  
TAAACATTTAATGCAATGAATGTTGAGTATGGCACATTAGGTAACCATG  
AATTTGATGAAGGTTTGGCAGAATACAATCGTATCGTTACTGGAAGGCC  
CCTGCTCCAGATTCTAATATAATAATATTACGAAATCATACCCACACGA  
AGCTGCAAAACAGAAGATTGTAGTGGCAACGTTATTGATAAAGTTAA  
ACAAATCCCTTACAATTGGAACCTTACACTATTAATAATTTCTGTGA

## SEQUENCE LISTING

AATAACAAAAGTGTGAACGTTGGCTTTATCGGAATCGTTACCAAAGACAT  
CCCAACCTTGTCTTACGTAAAAATTATGAACAATATGAATTTTAGATG  
AAGCTGAAACAATCGTTAAATACGCCAAAGAATTACAAGCTAAAAATGTC  
AAGGCTATTGTAGTCCTTGGCTCATGTACCTGCAACAAGCAAGGATGATAT  
TGCTGAAGGTGAAGCAGCAGAAATGATGAAAAAGTCAATCAACTCTTCC  
CTGAAAATAGCGTAGATATTGTCTTTGCTGGACACAATCATCAATATACA  
AATGGTCTTGTGGTAAACTCGTATTGTACAAGCGCTCTCTCAAGGAAA  
AGCCTATGCTGATGTACGTGGTGTCTTAGATACTGATACACAAGATTTCA  
TTGAAACCCCTTCAGCTAAAGTAATTGCAGTTGCTCCTGGTAAAAAACA  
GGTAGTGCCGATATTCAAGCCATTGTTGACCAAGCTAATACTATCGTTAA  
ACAAGTAACAGAAGCTAAAAATTGGTACTGCCGAGGTAAGTGGCATGATTA  
CGCGTTCTGTTGATCAAGATAATGTTAGTCCGGTAGGCAGCCTCATCACA  
GAGGCTCAACTAGCAATTGCTCGAAAAAGCTGGCCAGATATCGATTTTGC  
CATGACAAATAATGGTGGCATTCTGTGCTGACTTACTCATCAAACAGATG  
GAACAATCACCTGGGGAGCTGCACAAGCAGTTCAACCTTTTGGTAATATC  
TTACAAGTCGTGCAAAATTACTGGTAGAGATCTTTATAAAGCACTCAACGA  
ACAATACGACCAAAAACAAAATTTCTTCCTTCAAATAGCTGGTCTGCGAT  
ACACTTACACAGATAATAAAGAGGGCGGGGAAGAAACACCATTTAAAGTT  
GTAAAAGCTTATAAATCAAATGGTGAGGAAATCAATCCTGATGCAAAATA  
CAAATTAGTTATCAATGACTTTTTATTTCGGTGGTGGTGGTGGCTTTGCAA  
GCTTCAGAAATGCCAAACTTCTAGGAGCCATTAATCCCGATACAGAGGTA  
TTTATGGCCTATATCACTGATTTAGAAAAAGCTGGTAAAAAAGTGAGCAT  
TCCAAATAATAAACCTAAAATCTATGTCACTATGAAGATGGTTAATGAAA  
CTATTACACAAAATGATGGTACATATAGCATTATTAAGAACTTTATTTA  
GATCGACAAGGAATATTTAGTGCACAAGAGATTGTATCAGACACTTTAAA  
CCAAACAAAATCAAATCTACAAAATCAACCCTGTAACATAAATTCACA  
AAAAACAATTACACCAATTTACAGCTATTAACCCTATGAGAAATTATGGC  
AAACCATCAAACCTCCACTACTGTAAAATCAAACAA

## SEQ ID NO. 7107

## STRAIN COH1

ACCAAGTCGGTGTCCAAGTTATAGGCGTCAATGACTTTCATGGTGCACCT  
GACAATACTGGAACGCAAAATATGCCTGACGGAAGTTACTAATGCTGG  
CACTGCTGCTCAATTAGATGCTTATATGGATGATGCTCAAAAAGATTTCA  
AACAACTAACCCCTAATGGTGAAAGCATTAGAGTTCAAGCTGGTGATATG  
GTTGGAGCAAGTCCAGCTAACTCAGGCTTCTTCAAGATGAACCAACCGT  
TAAACATTTAATGCAATGAATGTTGAGTATGGCACATTAGGTAACCATG  
AATTTGATGAAGGTTTGGCAGAATACAATCGTATCGTTACTGGAAGGCC  
CCTGCTCCAGATTCTAATATAAATAATATTACGAAATCATACCCACACGA  
AGCTGCAAAACAAGAAATTGTAGTGGCAAACGTTATTGATAAAGTTAACA  
AACAAATCCCTTACAATTGGAAACCTTACACTATTAATAATATTCTGTGA  
AATAACAAAAGTGTGAACGTTGGCTTTATCGGAATCGTTACCAAAGACAT  
CCCAACCTTGTCTTACGTAAAAATTATGAACAATATGAATTTTTAGATG  
AAGCTGAAACAATCGTTAAATACGCCAAAGAATTACAAGCTAAAAATGTC  
AAGGCTATTGTAGTCCTTGGCTCATGTACCTGCAACAAGCAAGGATGATAT  
TGCTGAAGGTGAAGCAGCAGAAATGATGAAAAAGTCAATCAACTCTTCC  
CTGAAAATAGCGTAGATATTGTCTTTGCTGGACACAATCATCAATATACA  
AATGGTCTTGTGGTAAACTCGTATTGTACAAGCGCTCTCTCAAGGAAA  
AGCCTATGCTGATGTACGTGGTGTCTTAGATACTGATACACAAGATTTCA  
TTGAAACCCCTTCAGCTAAAGTAATTGCAGTTGCTCCTGGTAAAAAACA  
GGTAGTGCCGATATTCAAGCCATTGTTGACCAAGCTAATACTATCGTTAA  
ACAAGTAACAGAAGCTAAAATTGGTACTGCCGAGGTAAGTGGCATGATTA  
CGCGTTCTGTTGATCAAGATAATGTTAGTCCGGTAGGCAGCCTCATCACA  
GAGGCTCAACTAGCAATTGCTCGAAAAAGCTGGCCAGATATCGATTTTGC  
CATGACAAATAATGGTGGCATTCTGTGCTGACTTACTCATCAAACAGATG  
GAACAATCACCTGGGGAGCTGCACAAGCAGTTCAACCTTTTGGTAATATC  
TTACAAGTCGTGCAAAATTACTGGTAGAGATCTTTATAAAGCACTCAACGA  
ACAATACGACCAAAAACAAAATTTCTTCCTTCAAATAGCTGGTCTGCGAT  
ACACTTACACAGATAATAAAGAGGGCGGGGAAGAAACACCATTTAAAGTT  
GTAAAAGCTTATAAATCAAATGGTGAGGAAATCAATCCTGATGCAAAATA  
CAAATTAGTTATCAATGACTTTTTATTTCGGTGGTGGTGGTGGCTTTGCAA  
GCTTCAGAAATGCCAAACTTCTAGGAGCCATTAATCCCGATACAGAGGTA  
TTTATGGCCTATATCACTGATTTAGAAAAAGCTGGTAAAAAAGTGAGCAT  
TCCAAATAATAAACCTAAAATCTATGTCACTATGAAGATGGTTAATGAAA

## SEQUENCE LISTING

CTATTACACAAAATGATGGTACATATAGCATTATTAAGAACTTTATTTA  
GATCGACAAGGAAATATTGTAGCACAAGAGATTGTATCAGACACTTTAAA  
CCAAACAAAATCAAATCTACAAAATCAACCCTGTAACCTACAATTCACA  
AAAAACAATTACACCAATTTACAGCTATTAACCCCTATGAGAAATTATGGC  
AAACCATCAAACCTCACTACTGTAAAATCAAA

## SEQ ID NO. 7108

STRAIN M781

CAAGTCGGTGTCCAAGTTATAGGCGTCAATGACTTTTCATGGTGCACTTGA  
CAATACTGGAACAGCAAATATGCCTGACGGAAGTTACTAATGCTGGCA  
CTGCTGCTCAATTAGATGCTTATATGGATGATGCTCAAAAAGATTTCAA  
CAAATAACCCCTAATGGTGAAAGCATTAGAGTTCAAGCTGGTGATATGGT  
TGGAGCAAGTCCAGCTAACTCAGGGCTTCTTCAAGATGAACCAACCGTTA  
AAACATTTAATGCAATGAATGTTGAGTATGGCACATTAGGTAACCATGAA  
TTTGATGAAGGTTTGGCAGAATACAATCGTATCGTTACTGGAAAGGCCCC  
TGCTCCAGATTCTAATAATAAATAATTACGAAATCATACCCACACGAAG  
CTGCAAAACAAGAAATTGTAGTGGCAAACGTTATTGATAAAGTTAACAAA  
CAATCCCTTACAAATTGGAACCTTACACTATTAATAATATTCCTGTAAA  
TAACAAAAGTGTGAACGTTGGCTTTATCGGAATCGTTACCAAAGACATCC  
CAAACCTTGTCTTACGTAAAAATTTATGAACAATATGAATTTTATGATGAA  
GCTGAAACAATCGTTAAATACGCCAAAGAATTACAAGCTAAAAATGTCAA  
GGCTATTGTAGTCCCTTGCTCATGTACCTGCAACAGCAAGGATGATATTG  
CTGAAGGTGAAGCAGCAGAAATGATGAAAAAGTCAATCAACTCTTCCT  
GAAAAATAGCGTAGATATTGTCTTTGCTGGACACAATCATCAATATACAAA  
TGGTCTTGTGGTAAAACTCGTATTGTACAAGCGCTCTCTCAAGGAAAAG  
CCTATGCTGATGTACGTGGTGTCTTAGATACTGATACACAAGATTTCAAT  
GAAACCCCTTCAGCTAAAGTAATTGCAGTTGCTCCTGGTAAAAAACAGG  
TAGTGCCGATATTCAGCCATTGTTGACCAAGCTAATACTATCGTTAAAC  
AAGTAACAGAAGCTAAAAATTGGTACTGCCGAGGTAAGTGGCATGATTACG  
CGTTCTGTTGATCAAGATAATGTTAGTCCGGTAGGCAGCCTCATCACAGA  
GGCTCAACTAGCAATTGCTCGAAAAAGCTGGCCAGATATCGATTTTGCCA  
TGACAAATAATGGTGGCATTCTGCTGACTTACTCATCAAACAGATGGA  
ACAATCACCTGGGGAGCTGCACAAGCAGTTCAACCTTTTGGTAATATCTT  
ACAAGTCGTGCAAAATTACTGGTAGAGATCTTTATAAAGCACTCAACGAAC  
AATACGACCAAAAACAAAATTTCTTCCTTCAAATAGCTGGTCTGCGATAC  
ACTTACACAGATAATAAAGAGGGCGGGGAAGAAACACCATTTAAAGTTGT  
AAAAGCTTATAAATCAAATGGTGAGGAAATCAATCCTGATGCAAAATACA  
AATTAGTTATCAATGACTTTTTATTTCGGTGGTGGTGATGGCTTTGCAAGC  
TTCAGAAATGCCAACTTCTAGGAGCCATTAATCCCGATACAGAGTATT  
TATGGCTATATCACTGATTTAGAAAAAGCTGGTAAAAAAGTGAGCATTC  
CAAATAATAAACCTAAAATCTATGTCACTATGAAGATGGTTAATGAACT  
ATTACACAAAATGATGGTACATATAGCATTATTAAGAACTTTATTAGA  
TCGACAGGAAATATTGTAGCACAGAGATTGTATCAGACACTTTAAACC  
AAACAAAATCAAATCTACAAAATCAACCCTGTAACCTACAATTCACAAA  
AAACAATTACACCAATTTACAGCTATTAACCCCTATGAGAAATTATGGCAA  
ACCATCAAACCTCACTACTGTAAAATCAAA

## SEQ ID NO. 7109

STRAIN CJB110

GACCAAGTCGGTGTCCAAGTTATAGGCGTCAATGACTTTTCATGGTGC  
ACTTGACAATACTGGAACAGCAAATATGCCTGACGGAAGTTACTAATG  
CTGGCACTGCTGCTCAATTAGATGCTTATATGGATGATGCTCAAAAAGAT  
TTCAAACAACTAACCCTAATGGTGAAAGCATTAGAGTTCAAGCTGGTGA  
TATGGTTGGAGCAAGTCCAGCTAACTCAGGGCTTCTTCAAGATGAACCAA  
CCGTTAAACATTTAATGCAATGAATGTTGAGTATGGCACATTAGGTAAC  
CATGAATTTGATGAAGGTTTGGCAGAATACAATCGTATCGTTACTGGAAA  
GGCCCCCTGCTCCAGATTCTAATATAAATAATATTACGAAATCATACCCAC  
ACGAAGCTGCAAAACAAGAAATTGTAGTGGCAAACGTTATTGATAAAGTT  
AACAAACAAATCCCTTACAATTGGAACCTTACGCTATTAATAATATTC  
TGTAATAAACAAAGTGTGAACGTTGGCTTTATCGGAATCGTTACCAAAG  
ACATCCCAACCTTGTCTTACGTAAAAATTATGAACAATATGAATTTT  
GATGAAGCTGAAACAATCGTTAAATACGCCAAAGAATTACAAGCTAAAA  
TGTCAAGGTATTGTAGTCCTTGCTCATGTACCTGCAACAGCAAGGATG  
ATATTGCTGAAGGTGAAGCAGCAGAAATGATGAAAAAGTCAATCAACTC

## SEQUENCE LISTING

TTCCCTGAAAATAGCGTAGATATTGTCTTTGCTGGACACAATCATCAATA  
TACAAATGGTCTTTGTTGGTAAACTCGCATTGTACAAGCGCTCTCTCAAG  
GAAAAGCCTATGCTGACGTACGTGGTGTCTAGATACTGATACACAAGAT  
TTCATTGAAACCCCTTCAGCTAAAGTAGTTGCAGTTGCTCCTGGTAAAAA  
AACAGGTAGTGCCGATATTCAAGCCATTGTTGACCAAGCTAATACTATCG  
TTAAACAAGTAACAGGAAGCTAAAATTGGTACTGCCGAGGTAAAGTGGCATG  
ATTACGCGTTCTGTTGATCAAGATAATGTTAGTCCAGTAGGCAGCCTCAT  
CACAGAGGCTCAACTAGCAATTGCTCGAAAAAGCTGGCCAGATATCGATT  
TTGCCATGACAAATAATGGTGGCATTCTGTGCTGACTTACTCATCAAACCA  
GATGGAACAATCACCTGGGGAGCTGCACAAGCAGTTCAACCTTTTGGTAA  
TATCTTACAAGTCGTGAAAATTACTGGTAGAGATCTTTATAAAGCACTCA  
ACGAACAATACGACCAAAAAACAAAATTTCTTCTTCAAATAGCTGGTCTG  
CGATACACTTACACAGATAATAAAGAGGGCGGAGAAGAAACACCATTAA  
AGTTGTAAAAGCTTATAAATCAAATGGTGAAGAAATCAATCCTGATGCAA  
AATACAAATTAGTTTCAATGACTTTTATTTCGGTGGTGGTGGTGGCTTT  
GCAAGCTTCAGAAATGCCAAACTTCTAGGAGCCATTAAATCCCGATACAGA  
GGTATTTATGGCCTATATCACTGATTTAGAAAAAGCTGGTAAAAAAGTGA  
GCGTTCCAAATAATAAACCTAAAATCTATGTCACTATGAAGATGGTTAAT  
GAAACTATTACACAAAATGATGGTACACATAGCATTATTAAGAACTTTA  
TTTAGATCGACAAGGAAAATATTGTAGCACAGAGATTGTATCAGACACTT  
TAAACCAAAACAAAATCAAATCTACAAAAATCAACCTGTAACTACAATT  
CACAAAAACAATTACCAATTTACAGCTATTAACCTATGAGAAATTA  
TGGCAAACCATCAAACCTCACTACTGTAAAATCA

## SEQ ID NO. 7110

STRAIN 1169NT

CAAGTCGGTGTCCAAGTTATAGGCGTCAATGACTTTCATGGTGCACCTTGA  
CAATACTGGAACAGCAAATATGCCCTGATGGAAGTTGCTAATGCTGGTA  
CTGCTGCTCAATTAGATGCTTATATGGATGACGCTCAAAAAGATTTCAA  
CAAATAACCTAATGGTGAAAGCATTAGGGTTCAAGCAGGCGATATGGT  
TGGAGCAAGTCCAGCCAACCTCTGGGCTTCTTCAAGATGAACCAACTGTCA  
AAAATTTAATGCAATGAATGTTGAGTATGGCACATTGGGTAACCATGAA  
TTTGATGAAGGGTTGGCAGAATATAATCGTATCGTTACTGGTAAAGCCCC  
TGCTCCAGATTCTAATATTAAATAATTACGAAATCATACCCACATGAAG  
CTGCAAAACAAGAAATGTAGTGGCAAAATGTTATTGATAAAGTTAACAAA  
CAAATTCCTTACAATTGGAAGCCTTACGCTATTAAAAATATTCTGTAAA  
TAACAAAAGTGTGAACGTTGGCTTTATCGGGATTGTCAACAAAGACATCC  
CAAACCTTGTCTTACGTAAAAATTATGAACAATATGAATTTTGTAGTGAA  
GCTGAAACAATCGTTAAATACGCCAAAGAATTACAAGCTAAAAATGTCAA  
AGCTATTGTAGTCTCTCGCACATGTACCTGCAACAAGTAAAAATGATATTG  
CTGAAGGTGAAGCAGCAGAAATGATGAAAAAGTCAATCAACTCTTCCCT  
GAAAAATAGCGTAGATATTGTCTTTGCTGGACACAATCATCAATATACAAA  
TGGTCTTGGTTGGTAAAACTCGTATTGTACAAGCGCTCTCTCAAGGAAAAG  
CCTATGCTGATGTACGTGGTGTCTTAGATACTGATACACAAGATTTCAAT  
GAGACCCCTTCAGCTAAAGTAATTGCAGTTGCTCCTGGTAAAAAACAGG  
TAGTGCCGATATTCAAGCCATTGTTGACCAAGCTAATACTATCGTTAAAC  
AAGTAACAGAAGCTAAAATTGGTACTGCCGAGGTAAAGTGTATGATTACG  
CGTTCTGTTGATCAAGATAATGTTAGTCCGGTAGGCAGCCTCATCACAGA  
GGCTCAACTAGCAATTGCTCGAAAAAGCTGGCCAGATATCGATTTTGCCA  
TGACAAATAATGGTGGCATTCTGTGCTGACTTACTCATCAACAGATGGA  
ACAATCACCTGGGGAGCTGCACAAGCAGTTCAACCTTTTGGTAATATCTT  
ACAAGTCGTGAAAATTACTGGTAGAGATCTTTATAAAGCACTCAACGAAC  
AATACGACCAAAAAACAAAATTTCTTCTTCAAATAGCTGGTCTGCGATAC  
ACTTACACAGATAATAAAGAGGGCGGGAAGAAACACCATTAAAGTTGT  
AAAAGCTTATAAATCAAATGGTGAGGAAATCAATCCTGATGCAAAATACA  
AATTAGTTATCAATGACTTTTATTTCGGTGGTGGTGGTGGTGGCTTTGCAAGC  
TTCAGAAATGCCAAACTTCTAGGAGCCATTAAACCCCGATACAGAGGTATT  
TATGGCCTATATCACTGATTTAGAAAAAGCTGGTAAAAAAGTGAGCGTTC  
CAAATAATAAACCTAAAATCTATGTCACTATGAAGATGGTTAATGAACT  
ATTACACAAAATGATGGTACACATAGCATTATTAAGAACTTTATTTAGA  
TCGACAAGGAAATATTGTAGCACAGAGATTGTATCAGACACTTTAAACC  
AAACAAAATCAAATCTACAAAAATCAACCTGTAACTACAATTACAAA  
AAACAATTACACCAATTTACAGCTATTAACCTATGAGAAATTATGGCAA  
ACCATCAAACCTCACTACTGTAAAATCAA

## SEQUENCE LISTING

## SEQ ID NO. 7111

STRAIN JM9130013

CGGTGTCCAAGTTATAGGCGTCAATGACTTTTCATGGTGCCTTGACAATA  
 CTGGAACAGCAAATATGCCTGACGGAAAAGTTACTAATGCTGGCACTGCT  
 GCTCAATTAGATGCTTATATGGATGATGCTCAAAAAGATTTCAAACAAAC  
 TAACCCTAATGGTGAAAGCATTAGAGTTCAAGCTGGTGATATGGTTGGAG  
 CAAGTCCAGCTAACTCAGGGCTTCTTCAAGATGAACCAACCGTTAAACA  
 TTTAATGCAATGAATGTTGAGTATGGCACATTAGGTAACCATGAATTGA  
 TGAAGGTTTGGCAGAATACAATCGTATCGTTACTGGAAAGGCCCTGCTC  
 CAGATTCTAATATAAATAATATTACGAAATCATACCCACACGAAGCTGCA  
 AAACAAGAAATTGTAGTGGCAAACGTTATTGATAAAGTTAACAAACAAAT  
 CCCTTACAATTGGAACCTTACACTATTAAAAATATTCCTGTAAATAACA  
 AAAGTGTGAACGTTGGCTTTATCGGAATCGTTACCAAAGACATCCCAAAC  
 CTTGTCTTACGTAAAAATTATGAACAATATGAATTTTTAGATGAAGCTGA  
 AACAATCGTTAAATACGCCAAAGAATTACAAGCTAAAAATGTCAAGGCTA  
 TTGTAGTCTTGCTCATGTACCTGCAACAAGCAAGGATGATATTGCTGAA  
 GGTGAAGCAGCAGAAATGATGAAAAAAGTCAATCAACTCTCCCTGAAAA  
 TAGCGTAGATATTGCTCTTGCTGGACACAATCATCAATATACAAATGGTC  
 TTGTTGGTAAAACTCGTATTGTACAAGCGCTCTCTCAAGGAAAAGCCTAT  
 GCTGATGTACGTGGTGTCTTAGATACTGATACACAAGATTTTCATTGAAAC  
 CCCTTCAGCTAAAGTAATTGCAGTTGCTCCTGGTAAAAAACAGGTAGTG  
 CCGATATTCAGCCATTGTTGACCAAGCTAATACTATCGTTAAACAGTA  
 ACAGAAGCTAAAAATTGGTACTGCCGAGGTAAGTGGCATGATTACGCGTTC  
 TGTGTGATCAAGATAATGTTAGTCCGGTAGGCAGCCTCATCACAGAGGCTC  
 AACTAGCAATTGCTCGAAAAAGCTGGCCAGATATCGATTTTGCCATGACA  
 AATAATGGTGGCATTCTGTGCTGACTTACTCATCAAACAGATGGAACAAT  
 CACCTGGGGAGCTGCACAAGCAGTTCAACCTTTTGGTAATATCTTACAAG  
 TCGTCGAAATTACTGGTAGAGATCTTTATAAAGCACTCAACGAACAATAC  
 GACCAAAAACAAAATTTCTCCTTCAAATAGCTGGTCTGCGATACACTTA  
 CACAGATAATAAAGAGGGCGGGGAAGAAACACCATTTAAAGTTGTAAAAG  
 CTTATAAATCAAATGGTGAGGAAATCAATCCTGATGCAAAATACAAATTA  
 GTTATCAATGACTTTTTATTTCGGTGGTGGTGATGGCTTTGCAAGCTTCAG  
 AAATGCCAAACTTCTAGGAGCCATTAATCCCATAACAGAGGTATTATGG  
 CCTATATCACTGATTTAGAAAAAGCTGGTAAAAAGTGAGCGTTCCAAAT  
 AATAAACCTAAATCTATGTCACTATGAAGATGGTTAATGAACTATTAC  
 ACAAAATGATGGTACATATAGCATTATTGAGAACTTTATTAGATCGAC  
 AAGGAAATATTGTAGCACAGAGATTGTATCAGACACTTTAAACCAAACA  
 AAATCAAATCTACAAATCAAAATCAACCCTGTAACCTACAATTACAAAAACA  
 ATTACACCAATTTACAGCTATTAACCCTATGAGAAATTATGGCAAACCAT  
 CAACTCCACTACTGTAAAATCAAAA

## SEQ ID NO. 7112

STRAIN 2603 frame: 1

MKKKIILKSSVLGLVAGTSIMFSSVFADQVGVQVIGVNDHFGALDNTGTANMPDGKVANA  
 GTAAQLDAYMDDAQKDFKQTNPNGESIRVQAGDMVGASPANSGLLQDEPTVKNFNAMNVE  
 YGTLGNHEFDEGLAEYNRIVTGKAPAPDSNINNITKSYPHAAKQEIIVVANVIDKVNKQI  
 PYNWKPYAIKNI PVNNKSVNVGFIGIVTKDIPNLVLRKNYEQYEFLEDAETIVKYAKELQ  
 AKNVKAIIVVLAHVLPATSKNDIAEGEAAEMMKVNQLFPENSVDIVFAGHNHQYTNGLVGK  
 TRIVQALSQKAYADVGRVLDTDQDFIETPSAKVIAVAPGKKTGSADIQAIVDQANTIV  
 KQVTEAKIGTAEVSVMITRSVDQDNVSPVGLSLITEAQLAIARKSWPDIDFAMTNNGGIRA  
 DLLIKPDGTTITGAAQAVQPFGNILQVVEITGRDLYKALNEQYDQKQNFLLQIAGLRYTY  
 TDNKEGGEETPFKVVKAYKSNKEEINPDAKYKLVINDFLFGGGDGFASFRNAKLLGAINP  
 DTEVFMAITDLEKAGKKVSVPNKPKIYVTMKNVNETITQNDGTHSIIKKLYLDRQNGI  
 VAQEIIVSDTLNQTKSKSTKINPVTIHKQLHQFTAINPMRNYGKPSNSTTVKSKQLPKT  
 NSEYGQSFLMSVFGVGLIGIALNTHKKHMK

## SEQ ID NO. 7113

STRAIN 090 frame: 3

VGQVIGVNDHFGALDNTGTANMPDGKVTNAGTAAQLDAYMDDAQKDFKQTNPNGESIRV  
 QAGDMVGASPANSGLLQDEPTVKTFNAMNVEYGTGTLGNHEFDEGLAEYNRIVTGKAPAPDS  
 NINNITKSYPHAAKQEIIVVANVIDKVNKQIPYNWKPYAIKNI PVNNKSVNVGFIGIVTK  
 DIPNLVLRKNYEQYEFLEDAETIVKYAKELQAKNVKAIIVVLAHVLPATSKDDIAEGEAAEM  
 MKKNVQLFPENSVDIVFAGHNHQYTNGLVGKTRIVQALSQKAYADVGRVLDTDQDFIE

## SEQUENCE LISTING

TPSAKVVAVAPGKKTGSADIQAIVDQANTIVKQVTEAKIGTAEVSGMITRSVDQDNVSPV  
 GSLITEAQLAIARKSWPDIDFAMTNNGGIRADLLIKPDGTITWGAAQAVQPFGNILQVVE  
 ITGRDLYKALNEQYDQKQNFLLQIAGLRYTYTDNKEGGEETPFKVVKAYKSNNGEENPDA  
 KYKLVINDFLFGGGDGFASFRNAKLLGAINPDTEVFMAIYTDLEKAGKKVSVPNKPKIY  
 VTMKMVNETITQNDGTYSIIKKLYLDRQGNIVAQEIVSDTLNQTkskstkINPVTTHKK  
 QLHQFTAIPMRNYGKPSNSTTVKSKQ

## SEQ ID NO. 7114

STRAIN A909 frame: 3

VNDFHGALDNTGTANMPDGKVTNAGTAAQLDAYMDDAQKDFKQTNPNGESIRVQAGDMVG  
 ASPANSGLLQDEPTVKTFFNAMNVEYGTGLGNHEFDEGLAEYNRIVTGKAPAPDSNINNITK  
 SYPHEAAKQEIIVVANVIDKVNKQIPYNWKPYTIKNI PVNNKSVNVGFIGIVTKDIPNLVL  
 RKNYEQYEFLEAETIVKYAKELQAKNVKAIIVLAHV PATSKDDIAEGEAAEMMKVNQL  
 FPENSVDIVFAGHNNHQYTNGLVGKTRIVQALSQGKAYADVRGVLDTDQDFIETPSAKVI  
 AVAPGKKTGSADIQAIVDQANTIVKQVTEAKIGTAEVSGMITRSVDQDNVSPVGS LITEA  
 QLAIAARKSWPDIDFAMTNNGGIRADLLIKPDGTITWGAAQAVQPFGNILQVVEITGRDLY  
 KALNEQYDQKQNFLLQIAGLRYTYTDNKEGGEETPFKVVKAYKSNNGEENPD AKYKLVIN  
 DFLFGGGDGFASFRNAKLLGAINPDTEVFMAIYTDLEKAGKKVSVPNKPKIYVTMKMVN  
 ETITQNDGTYSIIKKLYLDRQGNIVAQEIVSDTLNQTkskstkINPVTTHKKQLHQFTA  
 INPMRNYGKPSNSTTVKSKQ

## SEQ ID NO. 7115

STRAIN H36B frame: 2

QVGVQVIGVNDVDFHGALDNTGTANMPDGKVTNAGTAAQLDAYMDDAQKDFKQTNPNGESIR  
 VQAGDMVGAS PANSGLLQDEPTVKTFFNAMNVEYGTGLGNHEFDEGLAEYNRIVTGKAPAPD  
 SNINNITKSYPHEAAKQEIIVVANVIDKVNKQIPYNWKPYTIKNI PVNNKSVNVGFIGIVT  
 KDIPNLVLRKNYEQYEFLEAETIVKYAKELQAKNVKAIIVLAHV PATSKDDIAEGEAAE  
 MMKKVNQLFPENSVDIVFAGHNNHQYTNGLVGKTRIVQALSQGKAYADVRGVLDTDQDFI  
 ETPSAKVIAVAPGKKTGSADIQAIVDQANTIVKQVTEAKIGTAEVSGMITRSVDQDNVSP  
 VGS LITEAQLAIARKSWPDIDFAMTNNGGIRADLLIKPDGTITWGAAQAVQPFGNILQV  
 EITGRDLYKALNEQYDQKQNFLLQIAGLRYTYTDNKEGGEETPFKVVKAYKSNNGEENPD  
 AKYKLVINDFLFGGGDGFASFRNAKLLGAINPDTEVFMAIYTDLEKAGKKVSVPNKPKI  
 YVTMKMVNETITQNDGTYSIIKKLYLDRQGNIVAQEIVSDTLNQTkskstkINPVTTHKK  
 QLHQFTAIPMRNYGKPSNSTTVKSK

## SEQ ID NO. 7116

STRAIN 18RS21 frame: 1

DQVGVQVIGVNDVDFHGALDNTGTANMPDGKVTNAGTAAQLDAYMDDAQKDFKQTNPNGESI  
 RVQAGDMVGAS PANSGLLQDEPTVKTFFNAMNVEYGTGLGNHEFDEGLAEYNRIVTGKAPAP  
 DSNINNITKSYPHEAAKQEIIVVANVIDKVNKQIPYNWKPYTIKNI PVNNKSVNVGFIGIV  
 TKDIPNLVLRKNYEQYEFLEAETIVKYAKELQAKNVKAIIVLAHV PATSKDDIAEGEAA  
 EMMKKVNQLFPENSVDIVFAGHNNHQYTNGLVGKTRIVQALSQGKAYADVRGVLDTDQDFI  
 IETPSAKVIAVAPGKKTGSADIQAIVDQANTIVKQVTEAKIGTAEVSGMITRSVDQDNVSP  
 PVGS LITEAQLAIARKSWPDIDFAMTNNGGIRADLLIKPDGTITWGAAQAVQPFGNILQV  
 VEITGRDLYKALNEQYDQKQNFLLQIAGLRYTYTDNKEGGEETPFKVVKAYKSNNGEENPD  
 DAKYKLVINDFLFGGGDGFASFRNAKLLGAINPDTEVFMAIYTDLEKAGKKVSVPNKPKI  
 IYVTMKMVNETITQNDGTYSIIKKLYLDRQGNIVAQEIVSDTLNQTkskstkINPVTTHH  
 KKQLHQFTAIPMRNYGKPSNSTTVKSK

## SEQ ID NO. 7117

STRAIN M732 frame: 3

QVGVQVIGVNDVDFHGALDNTGTANMPDGKVTNAGTAAQLDAYMDDAQKDFKQTNPNGESIR  
 VQAGDMVGAS PANSGLLQDEPTVKTFFNAMNVEYGTGLGNHEFDEGLAEYNRIVTGKAPAPD  
 SNINNITKSYPHEAAKQEIIVVANVIDKVNKQIPYNWKPYTIKNI PVNNKSVNVGFIGIVT  
 KDIPNLVLRKNYEQYEFLEAETIVKYAKELQAKNVKAIIVLAHV PATSKDDIAEGEAAE  
 MMKKVNQLFPENSVDIVFAGHNNHQYTNGLVGKTRIVQALSQGKAYADVRGVLDTDQDFI  
 ETPSAKVIAVAPGKKTGSADIQAIVDQANTIVKQVTEAKIGTAEVSGMITRSVDQDNVSP  
 VGS LITEAQLAIARKSWPDIDFAMTNNGGIRADLLIKPDGTITWGAAQAVQPFGNILQV  
 EITGRDLYKALNEQYDQKQNFLLQIAGLRYTYTDNKEGGEETPFKVVKAYKSNNGEENPD  
 AKYKLVINDFLFGGGDGFASFRNAKLLGAINPDTEVFMAIYTDLEKAGKKVSVPNKPKI  
 YVTMKMVNETITQNDGTYSIIKKLYLDRQGNIVAQEIVSDTLNQTkskstkINPVTTHH  
 KKQLHQFTAIPMRNYGKPSNSTTVKSKQ

## SEQ ID NO. 7118

## SEQUENCE LISTING

STRAIN COH1 frame: 3

QVGQVIGVND F HGALDNTGTANMPDGKVTNAGTAAQLDAYMDDAQKDFKQTNPNGESIR  
 VQAGDMVGAS PANSGLLQDEPTVKT FNAMNVEYGT LGNHEFDEGLAEYNRIVTGKAPAPD  
 SNINNITKSY PHEAAKQEI VVANVIDKVNKQIPYNWKPYTIKNI PVNNSVNVGFIGIVT  
 KDIPNLVLRKNYEQYEF LDEAETIVKYAKELQAKNVKAI VVLAHV PATSKDDIAEGEAAE  
 MMKKVNQLFPENSVDIVFAGHNHQYTNGLVGKTRIVQALSQ GKAYADVRGVLD TDTQDFI  
 ETPSAKVIAVAPGKKTGSADIQAIVDQANTIVKQVTEAKIGTAEVSGMITRSVDQDNVSP  
 VGSLITEAQLAIARKSWPDIDFAMTNNGGIRADLLIKPDGTITWGAAQAVQPFGNILQVV  
 EITGRDLYKALNEQYDQKQNFLLQIAGLRYTYTDNKEGGEETPFKVVKAYKSNGEEINPD  
 AKYKLVINDFLFGGGDGFASFRNAKLLGAINPDTEVF MAYITDLEKAGKKVSI PNNKPKI  
 YVTMKNVNETITQNDGTYSIIKKLYLDRQGNIVAQEIVSDTLNQTKSKSTKINPVTTIHK  
 KQLHQFTAINPMRNYGKPSNSTTVKS

SEQ ID NO. 7119

STRAIN M781 frame: 1

QVGQVIGVND F HGALDNTGTANMPDGKVTNAGTAAQLDAYMDDAQKDFKQTNPNGESIR  
 VQAGDMVGAS PANSGLLQDEPTVKT FNAMNVEYGT LGNHEFDEGLAEYNRIVTGKAPAPD  
 SNINNITKSY PHEAAKQEI VVANVIDKVNKQIPYNWKPYTIKNI PVNNSVNVGFIGIVT  
 KDIPNLVLRKNYEQYEF LDEAETIVKYAKELQAKNVKAI VVLAHV PATSKDDIAEGEAAE  
 MMKKVNQLFPENSVDIVFAGHNHQYTNGLVGKTRIVQALSQ GKAYADVRGVLD TDTQDFI  
 ETPSAKVIAVAPGKKTGSADIQAIVDQANTIVKQVTEAKIGTAEVSGMITRSVDQDNVSP  
 VGSLITEAQLAIARKSWPDIDFAMTNNGGIRADLLIKPDGTITWGAAQAVQPFGNILQVV  
 EITGRDLYKALNEQYDQKQNFLLQIAGLRYTYTDNKEGGEETPFKVVKAYKSNGEEINPD  
 AKYKLVINDFLFGGGDGFASFRNAKLLGAINPDTEVF MAYITDLEKAGKKVSI PNNKPKI  
 YVTMKNVNETITQNDGTYSIIKKLYLDRQGNIVAQEIVSDTLNQTKSKSTKINPVTTIHK  
 KQLHQFTAINPMRNYGKPSNSTTVKS

SEQ ID NO. 7120

STRAIN CJB110 frame: 1

DQVGQVIGVND F HGALDNTGTANMPDGKVTNAGTAAQLDAYMDDAQKDFKQTNPNGESI  
 RVQAGDMVGAS PANSGLLQDEPTVKT FNAMNVEYGT LGNHEFDEGLAEYNRIVTGKAPAP  
 DSNINNITKSY PHEAAKQEI VVANVIDKVNKQIPYNWKPYAIKNI PVNNSVNVGFIGIVT  
 TKDIPNLVLRKNYEQYEF LDEAETIVKYAKELQAKNVKAI VVLAHV PATSKDDIAEGEAAE  
 EMMKKVNQLFPENSVDIVFAGHNHQYTNGLVGKTRIVQALSQ GKAYADVRGVLD TDTQDFI  
 IETPSAKVIAVAPGKKTGSADIQAIVDQANTIVKQVTEAKIGTAEVSGMITRSVDQDNVS  
 PVGSLITEAQLAIARKSWPDIDFAMTNNGGIRADLLIKPDGTITWGAAQAVQPFGNILQV  
 VEITGRDLYKALNEQYDQKQNFLLQIAGLRYTYTDNKEGGEETPFKVVKAYKSNGEEINP  
 DAKYKLVINDFLFGGGDGFASFRNAKLLGAINPDTEVF MAYITDLEKAGKKVSV PNNKPKI  
 IYVTMKNVNETITQNDGTHSIIKKLYLDRQGNIVAQEIVSDTLNQTKSKSTKINPVTTIHK  
 KKQLHQFTAINPMRNYGKPSNSTTVKS

SEQ ID NO. 7121

STRAIN 1169NT frame: 1

QVGQVIGVND F HGALDNTGTANMPDGKVANAGTAAQLDAYMDDAQKDFKQTNPNGESIR  
 VQAGDMVGAS PANSGLLQDEPTVKT FNAMNVEYGT LGNHEFDEGLAEYNRIVTGKAPAPD  
 SNINNITKSY PHEAAKQEI VVANVIDKVNKQIPYNWKPYAIKNI PVNNSVNVGFIGIVT  
 KDIPNLVLRKNYEQYEF LDEAETIVKYAKELQAKNVKAI VVLAHV PATSKNDIAEGEAAE  
 MMKKVNQLFPENSVDIVFAGHNHQYTNGLVGKTRIVQALSQ GKAYADVRGVLD TDTQDFI  
 ETPSAKVIAVAPGKKTGSADIQAIVDQANTIVKQVTEAKIGTAEVSVMITRSVDQDNVSP  
 VGSLITEAQLAIARKSWPDIDFAMTNNGGIRADLLIKPDGTITWGAAQAVQPFGNILQVV  
 EITGRDLYKALNEQYDQKQNFLLQIAGLRYTYTDNKEGGEETPFKVVKAYKSNGEEINPD  
 AKYKLVINDFLFGGGDGFASFRNAKLLGAINPDTEVF MAYITDLEKAGKKVSV PNNKPKI  
 YVTMKNVNETITQNDGTHSIIKKLYLDRQGNIVAQEIVSDTLNQTKSKSTKINPVTTIHK  
 KQLHQFTAINPMRNYGKPSNSTTVKS

SEQ ID NO. 7122

STRAIN JM9130013 frame: 2

GVQVIGVND F HGALDNTGTANMPDGKVTNAGTAAQLDAYMDDAQKDFKQTNPNGESIRVQ  
 AGDMVGAS PANSGLLQDEPTVKT FNAMNVEYGT LGNHEFDEGLAEYNRIVTGKAPAPDSN  
 INNITKSY PHEAAKQEI VVANVIDKVNKQIPYNWKPYTIKNI PVNNSVNVGFIGIVTKD  
 IPNLVLRKNYEQYEF LDEAETIVKYAKELQAKNVKAI VVLAHV PATSKDDIAEGEAAEMM  
 KKNVQLFPENSVDIVFAGHNHQYTNGLVGKTRIVQALSQ GKAYADVRGVLD TDTQDFIET  
 PSAKVIAPGKKTGSADIQAIVDQANTIVKQVTEAKIGTAEVSGMITRSVDQDNVSPVG  
 SLITEAQLAIARKSWPDIDFAMTNNGGIRADLLIKPDGTITWGAAQAVQPFGNILQVVEI



## SEQUENCE LISTING

TGRDLYKALNEQYDQKQNFLLQIAGLRYTYTDNKEGGEETPFKVVKAYKSNNGEENPDAK  
YKLVINDFLFGGDDGFASFRNAKLLGAINPDTEVFMAIYTDLEKAGKKVSVNNPKPIYV  
TMKMVNETITQNDGTYSIIKLYLDRQGNIVAQEIVSDTLNQTKSKSTKINPVTTIHKKQ  
LHQFTAINPMRNYGKPSNSTTVKSK

SEQ ID NO. 7201

STRAIN 2603

ATGAATAAACGCGTAAAAATCGTTGCAACACTTGGTCCTGCGGTTGAATTCCTGGTG  
GTAAGAAGTTTGGTGAGTCTGGTACTGGGGTGAAAGCCTTGACGTAGAAGCTTCAGCAG  
AAAAAATTGCTCAATTGATTAAGAAGGTGCTAACGTTTTCCGTTTCAACTTCTCACATG  
GAGATCATGCTGAGCAAGGAGCTCGTATGGCTACTGTTTCGTAAAGCAGAAGAGATTGCAG  
GACAAAAAGTTGGCTTCCTCCTTGATACTAAAGGACCTGAAATTCGTACAGAACTTTTTG  
AAGATGGTGACAGATTTCCATTTCATATACAACAGGTACAAAAATACGTGTTGCTACTAAGC  
AAGGTATCAAAATCAACTCCAGAAGTGATTGCATTGAATGTTGCTGGTGACTTGACATCT  
TTGATGACGTTGAAGTTGGTAAGCAAATCCTTGTGATGATGGTAAACTAGGTCTTACTG  
TGTTTGCAAAAGATAAAGACACTCGTGAATTTGAAGTAGTTGTTGAGAATGATGGCCTTA  
TTGGTAAACAAAAAGGTGTAAACATCCCTTATACTAAAATTCCTTCCCAGCACTTGACG  
AACGCGATAATGCTGATATCCGTTTTGGACTTGAGCAAGGACTTAACCTTTATTGCTATCT  
CATTTGTACGTACTGTAAAGATGTTAATGAAGTTCGTGCTATTTGTGAAGAACTGGsm  
ATGGACACGTTAAGTTGTTTTGCTAAAATGAAAAATCAACAAGGTATCGATAATATTGATG  
AGATTATCGAAGCAGCAGATGGTATTATGATTGCTCGTGGTGATATGGGTATCGAAGTTC  
CATTTGAAATGGTTCAGTTTACCAAAAAATGATCATTACTAAAGTTAATGCAGCTGGTA  
AAGCAGTTATTACAGCAACAAATATGCTTgAAACAATGACTGATAAACCACGTGCGACTC  
GTTCAGAAGTATCTGATGCTTCTCAATGCTGTTATTGATGGTACTGATGCTACAATGCTTT  
CAGGTGAGTCAGCTAATGGTAAATACCCAGTTGAGTCAGTTCGTACAATGGCTACTATTG  
ATAAAAATGCTCAACATTACTCAATGAGTATGGTCGCTTAGACTCATCTGCATTCCAC  
GTAATAACAAACTGATGTTATTGCACTCTGCGGTTAAAGATGCAACACACTCAATGGATA  
TCAAACTTGTTGTAACAATTACTGAAACAGGTAATACAGCTCGTGCCATTTCTAAATTCC  
GTCCAGATGCAGACATTTTGGCTGTTACATTTGATGAAAAAGTACAACGTTTCAATGATGA  
TTAACTGGGGTGTTATCCCTGTCCTTGACAGACAAACCAGCATCTACAGATGATATGTTTG  
AGGTTGCAGAACGTGTAGCACTTGAAGCAGGATTTGTGAATCAGGCGATAATATCGTTA  
TCGTTGCAGGTGTTCTGTAGGTACAGGTGGAACAAACAATGCGTGTTCTGACTGTGA  
AA

SEQ ID NO. 7202

STRAIN 090

AATAAACGCGTAAAAATCGTTGCAACACT  
TGGTCCTGCGGTAGAATTCGCTGGTGGAAGAAGTTTGGTGAGTCTGGAT  
ACTGGGGTGAAAGCCTTGACGTAGAAGCTTCAGCAGAAAAAATTGCTCAA  
TTGATTAAAGAAGGTGCTAACGTTTTCCGTTTCAACTTCTCACATGGAGA  
TCATGCTGAGCAAGGAGCTCGTATGGCTACTGTTTCGTAAAGCAGAAGAGA  
TTGCAGGACAAAAAGTTGGCTTCCTCCTTGATACTAAAGGACCTGAAAT  
CGTACAGAACTTTTTGAAGATGGTTTCAGATTTCCATTATACAAACAGG  
TACAGAAATACGTGTTGCTACTAAGCAAGGTATCAAATCAACTCCAGAAG  
TGATTGCATTGAATGTTGCTGGTGACTTGACATCTTGTGATGACGTTGAA  
GTTGGTAAGCAAATCCTTGTGATGATGGTAAACTAGGTCTTACTGTGTT  
TGCAAAAGATAAAGACACTCgTGAATTTGAAGTAGTTGTTGAGAATGATG  
GCCTTATTGGTAAACAAAAAGGTGTAACATCCCTTATACTAaAATTCCT  
TTCCCAgCACTTGACAGAACGCGATAATGCTGATATCCGTTTTGGACTTGA  
GCAAGGACTTAACCTTTATTGCTATCTCATTGTGACTACTGCTAAAGATG  
TTAATGAAGTTCGTGCTATTTGTGAAGAACTGGCAATGGACATGTTAAG  
TTGTTTGCTAAAATTGAAAAATCAACAAGGTATCGATAATATTGATGAGAT  
TATCGAAGCAGCAGATGGTATTATGATTGCTCGTGGTGATATGGGTATCG  
AAGTTCCATTGAAATGGTTCAGTTTACCAAAAAATGATCATTACTAAA  
GTTAATGCAGCTGGTAAAGCAGTTATTACAGCAACAAATATGCTTGAAC  
AATGACTGATAAACCACGTGCGACTCGTTCAGAAGTATCTGATGCTTCA  
ATGCTGTTATTGATGGTACTGATGCTACAATGCTTTCAGGTGAGTCAGCT  
AATGGTAAATACCCAGTTGAGTCAGTTCGTACAATGGCTACTATTGATAA  
AAATGCTCAACATTACTCAATGAGTATGGTCGCTTAGACTCATCTGCAT  
TCCCACGTAATAACAAACTGATGTTATTGCACTCTGCGGTTAAAGATGCA  
ACACACTCAATGGATATCAAATCTGTTGTGACAATTACTGAAACAGGTAA  
TACAGCTCGTGCCATTTCTAAATTCGTCAGATGCAGACATTTTGGCTG  
TTACATTTGATGAAAAAGTACAACGTTTCAATGATGATTAACGGGGTGTT  
ATCCCTGTCCTTGACAGACAAACCAGCATCTACAGATGATATGTTTGAGGT

## SEQUENCE LISTING

TGCAGAACGTGTAGCACTTGAAGCAGGACTTGTGAATCAGGCGATAATA  
TCGTTATCGTTGCAGGTGTTCTGTAGGTACAGGTGGAAC TAACACAATG  
CGTGTTCGTACTGTTAAA

## SEQ ID NO. 7203

STRAIN A909

AATAAACGCGTAAAAATCGTTGCAACACTTGGTC  
CTGCGGTTGAATTCCTGGTGGTAAGAGTTTGGTGAGTCTGGATACTGG  
GGTGAAAGCCTTGACGTAGAGCTTCAGCAGAAAAAATGCTCAATTGAT  
TAAAGAAGGTGCTAACGTTTTCCGTTCAACTTCTCACATGGAGATCATG  
CTGAGCAAGGAGCTCGTATGGCTACTGTTCTGTAAGCAGAAGAGATTGCA  
GGACAAAAAGTTGGCTTCCTCCTTGATACTAAAGGACCTGAAATTCGTAC  
AGAATTTTTGAAGATGGTGAGATTTCATTTCATATACAACAGGTACAA  
AATTACGTGTTGCTACTAAGCAAGGTATCAAATCAACTCCAGAAGTGATT  
GCATTGAATGTTGCTGGTGGACTTGACATCTTTGATGACGTTGAAGTTGG  
TAAGCAATCCTTGTGATGATGGTAACTAGGTCTTACTGTGTTTGCAA  
AAGATAAAGACACTCGTGAATTTGAAGTAGTTGTTGAGAATGATGGCCTT  
ATTGGTAAACAAAAAGGTGTAAACATCCCTTATACTAAAAATTCCTTTCCC  
AGCACTTGCAAGCGGATAATGCTGATATCCGTTTTGGACTTGAGCAAG  
GACTTAACCTTTATTGCTATCTCATTGTGACTGCTAAAGATGTTAAT  
GAAGTTCGTGCTATTTGTGAAGAACTGGCAATGGACACGTTAAGTTGTT  
TGCTAAAAATGAAAATCAACAAGGTATCGATAATATTGATGAGATTATCG  
AAGCAGCAGATGGTATTATGATTGCTCGTGGTGATATGGGTATCGAAGTT  
CCATTTGAAATGGTTCCAGTTTACCAAAAAATGATCATTACTAAAGTTAA  
TGCAGCTGGTAAAGCAGTTATTACAGCAACAAATATGCTTGAAACAATGA  
CTGATAAACCGCTGCGACTCGTTGAGAATATCTGATGCTTCAATGCT  
GTTATTGATGGTACTGATGTACAATGCTTTCAGGTGAGTCAGCTAATGG  
TAAATACCCAGTTGAGTCAGTTTCGTACAATGGCTACTATTGATAAAAAATG  
CTCAACATTACTCAATGAGTATGGTCGCTTAGACTCATCTGCATTCCCA  
CGTAAPAACAAAATGATGTTATTGCATCTGCGGTTAAAGATGCAACACA  
CTCAATGGATATCAAACTTGTGTAACAATTAAGTAAACAGGTAAATACAG  
CTCGTGCCATTTCTAAATCCCGTCCAGATGCAGACATTTTGGCTGTTACA  
TTTGATGAAAAAGTACAACGTTTATTGATGATTAAGTGGGTGTTATCCC  
TGTCCTTGACAGACAAACAGCATCTACAGATGATATGTTTGAGGTGTCAG  
AACGTGTAGCACTTGAAGCAGGATTTGTTGAATCAGGCGATAATATCGTT  
ATCGTTGCAGGTGTTCTGTAGGTACAGGTGGAAC TAACACAATGCGTGT  
TCGTACTGTTAAA

## SEQ ID NO. 7204

STRAIN H36B

AATAAACGCGTAAAAATCGTTGCAAC  
ACTTGGTCTGCGGTTGAATTCCTGGTGGTAAGAGTTTGGTGAGTCTG  
GATACTGGGGTGAAAGCCTTGACGTAGAGCTTCAGCAGAAAAAATGCT  
CAATTGATTAAAGAAGGTGCTAACGTTTTCCGTTCAACTTCTCACATGG  
AGATCATGCTGAGCAAGGAGCTCGTATGGCTACTGTTCTGTAAGCAGAAG  
AGATTGCAGGACAAAAAGTTGGCTTCCTCCTTGATACTAAAGGACCTGAA  
ATTCTGTACAGAACTTTTTGAAGATGGTGAGATTTCATTTCATATACAAC  
AGGTACAAAATTACGTGTTGCTACTAAGCAAGGTATCAAATCAACTCCAG  
AAGTGATTGCATTGAATGTTGCTGGTGGACTTGACATCTTTGATGACGTT  
GAAGTTGGTAAGCAAATCCTTGTGATGATGGTAACTAGGTCTTACTGT  
GTTTGCAAAGATAAAGACACTCGTGAATTTGAAGTAGTTGTTGAGAATG  
ATGGCCTTATTGGTAAACAAAAAGGTGTAAACATCCCTTATACTAAAAAT  
CCTTTCCAGCACTTGCAAGCGGATAATGCTGATATCCGTTTTGGACT  
TGAGCAAGGACTTAACCTTATTGCTATCTCATTGTGACTGCTAAAG  
ATGTTAATGAAGTTCGTGCTATTTGTGAAGAACTGGCAATGGACACGTT  
AAGTTGTTGCTAAAAATGAAAATCAACAAGGTATCGATAATATTGATGA  
GATTATCGAAGCAGCAGATGGTATTATGATTGCTCGTGGTGATATGGGTA  
TCGAAGTTCATTTGAATGGTCCAGTTTACCAAAAAATGATCATTACT  
AAAGTTAATGCAGCTGTTAAAGCAGTTATTACAGCAACAAATATGCTTGA  
ACAATGACTGATAAACCGCTGCGACTCGTTGAGAATATCTGATGTCT  
TCAATGCTGTTATTGATGGTACTGATGCTACAATGCTTTCAGGTGAGTCA  
GCTAATGGTAAATACCCAGTTGAGTCAGTTTCGTACAATGGCTACTATTGA  
TAAAAATGCTCAACATTACTCAATGAGTATGGTCGCTTAGACTCATCTG  
CATTCCCAGTAATAACAAAATGATGTTATTGCATCTGCGGTTAAAGAT

## SEQUENCE LISTING

GCAACACACTCAATGGATATCAAACCTTGTGTGAACAATTACTGaAACAGG  
TAATACAGCTCGTGCCATTTCTAAATTCCGTCCAGATGCAGACATTTTGG  
CTGTTACATTTGATGAAAAAGTACAACGTTTCATTGATGATTAACATGGGGT  
GTTATCCCTGTCTTGCAGACAAACCAGCATCTACAGATGATATGTTTGA  
GGTTGCAGAACGTTAGCACTTGAAGCAGGATTTGTTGAATCAGGCGATA  
ATATCGTTATCGTTGCAGGTGTTCTGTAGGTACAGGTGGAACATAACACA  
ATGCGTGTTTCGTACTGTTAAA

## SEQ ID NO. 7205

STRAIN 18RS21

AATAAACCGGTAAAAATCGTTGCAAC

ACTTGGTCCTGCGGTTGAATTCCTGGTGGTAAGAAGTTTGGTGAGTCTG  
GATACTGGGGTGAAAGCCTTGACGTAGAAAGCTTCAGCAGAAAAAATTGCT  
CAATTGATTAAAGAAGGTGCTAACGTTTTCCGTTTCACTTCTCACATGG  
AGATCATGCTGAGCAAGGAGCTCGTATGGCTACTGTTTCGTAAAGCAGAAG  
AGATTGCAGGACAAAAAGTTGGCTTCCTCCTTGATACTAAAGGACCTGAA  
ATTTCGTACAGAATTTTTGAAGATGGTGCAGATTTCCATTTCATATACAAC  
AGGTACAAAATTACGTGTTGCTACTAAGCAAGGTATCAAATCAACTCCAG  
AAGTGATTGCATTGAATGTTGCTGGTGGACTTGACATCTTTGATGACGTT  
GAAGTTGGTAAGCAAATCCTTGTGATGATGGTAACTAGGTCTTACTGT  
GTTTGCAAAAGATAAAGACACTCGTGAATTTGAAGTAGTTGTTGAGAATG  
ATGGCCTTATTGGTAAACAAAAAGGTGTAAACATCCCTTATACTAAAATT  
CCTTTCCAGCACTTGCAAGACGCGATAATGCTGATATCCGTTTTGGACT  
TGAGCAAGGACTTAACCTTTATTGCTATCTCATTTGTACGTACTGCTAAAG  
ATGTTAATGAAGTTCGTGCTATTTGTGAAGAACTGGCAATGGACACGTT  
AAGTTGTTTGCTAAAATTGAAAATCAACAAGGTATCGATAATATTGATGA  
GATTATCGAAGCAGCAGATGGTATTATGATTGCTCGTGGTGATATGGGTA  
TCGAAGTTCCATTTGAAATGGTTCAGTTTACCAAAAAATGATCATTACT  
AAAGTTAATGCAGCTGGTAAAGCAGTTATTACAGCAACAAATATGCTTGA  
AACAAATGACTGATAAACACGTCGACTCGTTTCAGAGTATCTGATGTCT  
TCAATGCTGTTATTGATGGTACTGATGCTACAATGCTTTCAGGTGAGTCA  
GCTAATGGTAAATACCCAGTTGAGTCAGTTCGTACAATGGCTACTATTGA  
TAAAAATGCTCAAAACATTAATCAATGAGTATGGTCGCTTAGACTCATCTG  
CATTTCCACGTAATAACAAAATGATGTTATTGCATCTGCGGTTAAAGAT  
GCAACCACTCAATGGATATCAAACCTGTTGTAACAATTACTGAAACAGG  
TAATACAGCTCGTGCCATTTCTAAATTCCTCCAGATGCAGACATTTTGG  
CTGTTACATTTGATGAAAAAGTACAACGTTTCATTGATGATTAACATGGGGT  
GTTATCCCTGTCTTGCAGACAAACCAGCATCTACAGATGATATGTTTGA  
GGTTGCAGAACGTGTAGCACTTGAAGCAGGATTTGTTGAATCAGGCGATA  
ATATCGTTATCGTTGCAGGTGTTCTGTAGGTACAGGTGGAACATAACACA  
ATGCGTGTTTCGTACTGTTAAA

## SEQ ID NO. 7206

STRAIN M732

AATAAACCGGTAAAAATCGTTGCAAC

ACTTGGTCCTGCGGTAGAATTCCTGGTGGTAAGAAGTTTGGTGAGTCTG  
GATACTGGGGTGAAAGCCTTGACGTAGAAAGCTTCAGCAGAAAAAATTGCT  
CAATTGATTAAAGAAGGTGCTAACGTTTTCCGTTTCACTTCTCACATGG  
AGATCATGCTGAGCAAGGAGCTCGTATGGCTACTGTTTCGTAAAGCAGAAG  
AGATTGCAGGACAAAAAGTTGGCTTCCTCCTTGATACTAAAGGACCTGAA  
ATTTCGTACAGAATTTTTGAAGATGGTGCAGATTTCCATTTCATATACAAC  
AGGTACAAAATTACGTGTTGCTACTAAGCAAGGTATCAAATCAACTCCAG  
AAGTGATTGCATTGAATGTTGCTGGTGGACTTGACATCTTTGATGACGTT  
GAAGTTGGTAAGCAAATCCTTGTGATGATGGTAACTAGGTCTTACTGT  
GTTTGCAAAAGATAAAGACACTCGTGAATTTGAAGTAGTTGTTGAGAATG  
ATGGCCTTATTGGTAAACAAAAAGGTGTAAACATCCCTTATACTAAAATT  
CCTTTCCAGCACTTGCAAGACGCGATAATGCTGATATCCGTTTTGGACT  
TGAGCAAGGACTTAACCTTTATTGCTATCTCATTTGTACGTACTGCTAAAG  
ATGTTAATGAAGTTCGTGCTATTTGTGAAGAACTGGCAATGGACACGTT  
AAGTTGTTTGCTAAAATTGAAAATCAACAAGGTATCGATAATATTGATGA  
GATTATCGAAGCAGATGGTATTATGATTGCTCGTGGTGATATGGGTA  
TCGAAGTTCCATTTGAAATGGTTCAGTTTACCAAAAAATGATCATTACT  
AAAGTTAATGCAGCTGGTAAAGCAGTTATTACAGCAACAAATATGCTTGA  
AACAAATGACTGATAAACACGTCGACTCGTTTCAGAGTATCTGATGTCT

## SEQUENCE LISTING

TCAATGCTGTTATTGATGGTACTGATGCTACAATGCTTTCAGGTGAGTCA  
 GCTAATGGTAAATACCCAGTTGAGTCAGTTCGTACAATGGCTACTATTGA  
 TAAAAATGCTCAAACATTACTCAATGAGTATGGTCGCTTAGACTCATCTG  
 CATTCCACGTAATAACAAACTGATGTTATTGCATCTGCGGTTAAAGAT  
 GCAACACACTCAATGGATATCAAACCTGTTGTAACAATTACTGAAACAGG  
 TAATACAGCTCGTGCCATTTCTAAATCCGTCCAGATGCAGACATTTTGG  
 CTGTTACATTTGATGAAAAAGTACAACGTTTATTGATGATTAACCTGGGGT  
 GTTATCCCTGTCTTGCAGACAAACCAGCATCTACAGATGATATGTTTGA  
 GGTTGCAGAACGTGTAGCACTTGAAGCAGGACTTGTGTAATCAGGCGATA  
 ATATCGTTATCGTTGCAGGTGTTCTGTAGGTACAGGTGGAACATAACACA  
 ATGCGTGTTCGTACTGTTAAA

## SEQ ID NO. 7207

STRAIN COH1

AATAAACGCGTAAAAATCGTTGCAAC  
 ACTTGGTCCTGCGGTAGAATTCCGTGGTGGTAAGAAGTTTGGTGAGTCTG  
 GATACTGGGGTGAAAGCCTTGACGTAGAAGCTTCAGCAGAAAAAATTGCT  
 CAATTGATTAAAGAAGGTGCTAACGTTTCCGTTTCAACTTCTCACATGG  
 AGATCATGCTGAGCAAGGAGCTCGTATGGCTACTGTTTCGTAAAGCAGAAG  
 AGATTGCAGGACAAAAAGTTGGCTTCTCCTTGATACTAAAGGACCTGAA  
 ATTCGTACAGAACTTTTGAAGATGGTGCAGATTTCCATTTCATATACAAC  
 AGGTACAAAATTACGTGTTGCTACTAAGCAAGGTATCAAATCAACTCCAG  
 AAGTGATTGCATTGAATGTTGCTGGTGGACTTGACATCTTTGATGACGTT  
 GAAGTTGGTAAGCAAATCCTTGTGATGATGGTAACTAGGTCTTACTGT  
 GTTTGCAAAAGATAAAGACACTCGTGAATTTGAAGTAGTTGTTGAGAATG  
 ATGGCCTTATGGTAAACAAAAAGGTGTAAACATCCCTTATACTAAAATT  
 CCTTTCCAGCACTTGCAGAACGCGATAATGCTGATATCCGTTTGGACT  
 TGAGCAAGGACTTAACTTTATTGCTATCTCATTGTACGTACTGCTAAAG  
 ATGTTAATGAAGTTCGTGCTATTTGTGAAGAACTGGCAATGGACACGTT  
 AAGTTGTTTGCTAAAATTGAAAATCAACAAGGTATCGATAATATTGATGA  
 GATTATCGAAGCAGCAGATGGTATTATGATTGCTCGTGGTGATATGGGTA  
 TCGAAGTTCATTGAAATGGTTCAGTTTACCAAAAATGATCATTACT  
 AAAGTTAATGCAGCTGGTAAAGCAGTTATTACAGCAACAAATATGCTTGA  
 AACAACTGACTGATAAACCCAGTGCAGTTCGTTCAGaAGTATCTGATGCT  
 TCAATGCTGTTATTGATGGTACTGATGCTACAATGCTTTCAGGTGAGTCA  
 GCTAATGGTAAATACCCAGTTGAGTCAGTTCGTACAATGGCTACTATTGA  
 TAAAAATGCTCAAACATTACTCAATGAGTATGGTCGCTTAGACTCATCTG  
 CATTCCCAGCTAATAACAAAACTGATGTTATTGCATCTGCGGTTAAAGAT  
 GCAACACACTCAATGGATATCAAACCTGTTGTAACAATTACTGAAACAGG  
 TAATACAGCTCGTGCCATTTCTAAATCCGTCCAGATGCAGACATTTTGG  
 CTGTTACATTTGATGAAAAAGTACAACGTTTATTGATGATTAACCTGGGGT  
 GTTATCCCTGTCTTGCAGACAAACCAGCATCTACAGATGATATGTTTGA  
 GGTTGCAGAACGTGTAGCACTTGAAGCAGGACTTGTGTAATCAGGCGATA  
 ATATCGTTATCGTTGCAGGTGTTCTGTAGGTACAGGTGGAACATAACACA  
 ATGCGTGTTCGTACTGTTAAA

## SEQ ID NO. 7208

STRAIN M781

AATAAACGCGTAAAAATCGTTGCAAC  
 ACTTGGTCCTGCGGTAGAATTCCGTGGTGGTAAGAAGTTTGGTGAGTCTG  
 GATACTGGGGTGAAAGCCTTGACGTAGAAGCTTCAGCAGAAAAAATTGCT  
 CAATTGATTAAAGAAGGTGCTAACGTTTCCGTTTCAACTTCTCACATGG  
 AGATCATGCTGAGCAAGGAGCTCGTATGGCTACTGTTTCGTAAAGCAGAAG  
 AGATTGCAGGACAAAAAGTTGGCTTCTCCTTGATACTAAAGGACCTGAA  
 ATTCGTACAGAACTTTTGAAGATGGTGCAGATTTCCATTTCATATACAAC  
 AGGTACAAAATTACGTGTTGCTACTAAGCAAGGTATCAAATCAACTCCAG  
 AAGTGATTGCATTGAATGTTGCTGGTGGACTTGACATCTTTGATGACGTT  
 GAAGTTGGTAAGCAAATCCTTGTGATGATGGTAACTAGGTCTTACTGT  
 GTTTGCAAAAGATAAAGACACTCGTGAATTTGAAGTAGTTGTTGAGAATG  
 ATGGCCTTATTGgTAAACAAAAAGGTGTAAACATCCCTTATACTAAAATT  
 CCTTTCCAGCACTTGCAGaaCGCGATAATGCTGATATCCGTTTGGACT  
 TGAGCAAGGACTTAACTTTATTGCTATCTCATTGTACGTACTGCTAAAG  
 ATGTTAATGAAGTTCGTGCTATTTGTGAAGAACTGGCAATGGACACGTT  
 AAGTTGTTTGCTAAAATTGAAAATCAACAAGGTATCGATAATATTGATGA

## SEQUENCE LISTING

GATTATCGAAGCAGCAGATGGTATTATGATTGCTCGTGGTGATATGGGTA  
 TCGAAGTTCATTGAAATGGTTCCAGTTTACCAAAAAATGATCATTACT  
 AAAGTTAATGCAGCTGGTAAAGCAGTTATTACAGCAACAAATATGCTTGA  
 AACAATGACTGATAAACCACGTGCGACTCGTTCAGAAGTATCTGATGTCT  
 TCAATGCTGTTATTGATGGTACTGATGCTACAATGCTTTCAGGTGAGTCA  
 GCTAATGGTAAATACCCAGTTGAGTCAGTTCGTACAATGGCTACTATTGA  
 TAAAAATGCTCAAACATTACTCAATGAGTATGGTCGCTTAGACTCATCTG  
 CATTCCCACGTAATAACAAAACCTGATGTTATTGCATCTGCGGTTAAAGAT  
 GCAACACACTCAATGGATATCAAACCTGTTGTAACAATTACTGAAACAGG  
 TAATACAGCTCGTGCCATTCTAAGTTCGGTCCAGATGCAGACATTTTGG  
 CTGTTACATTTGATGAAAAAGTACAACGTTTCATTGATGATTAACGGGGT  
 GTTATCCCTGTCCTTGCAGACAAACCAGCATCTACAGATGATATGTTTGA  
 GGTTGCAGAACGTGTAGCACTTGAAGCAGGACTTGTGTAATCAGGCGATA  
 ATATCGTTATCGTTGCAGGTGTTCCCTGTAGGTACAGGTGGAACATAACACA  
 ATGCGTGTTTCGTACTGTTAAA

SEQ ID NO. 7209

STRAIN CJB110

AATAAACGCGTAAAAATCGTTGCAAC

ACTTGGTCCTGCGGTTGAATTCGTTGGTGGTAAAGATTTGGTGAGTCTG  
 GATACTGGGGTGAAAGCCTTGACGTAGAAAGCTTCAGCAGAAAAAATTGCT  
 CAATTGATTAAAGAAGGTGCTAACGTTTTCCGTTTCAACTTCTCACATGG  
 AGATCATGCTGAGCAAGGAGCTCGTATGGCTACTGTTTCGTAAAGCAGAAG  
 AGATTGCAGGACAAAAAGTTGGCTTCCTCCTTGATACTAAAGGACCTGAA  
 ATTTCGTACAGAACTTTTTGAAGATGGTGAGATTTCATTTCATATACAAC  
 AGGTACAAAATTACGTGTTGCTACTAAGCAAGGTATCAAATCAACTCCAG  
 AAGTGATTGCATTGAATGTTGCTGGTGGACTTGACATCTTTGATGACGTT  
 GAAGTTGGTAAGCAAATCCTTGTGATGATGGTAAACTAGGTCTTACTGT  
 GTTTGCAAAAGATAAAGACACTCGTGAATTTGAAGTAGTTGTTGAGAATG  
 ATGGCCTTATGGTAAACAAAAAGGTGTAAACATCCCTTATACTAAAATT  
 CCTTTCCAGCACTTGCAGAACGCGATAATGCTGATATCCGTTTGGGACT  
 TGAACAAGGACTTAACCTTTATTGCTATCTCATTGTACGTACTGCTAAAG  
 ATGTTAATGAAGTTTCGTGCTATTTGTGAAGAACTGGCAATGGACACGTT  
 AAGTTGTTGCTAAAATTGAAAATCAACAAGGTATCGATAATATTGATGA  
 GATTATCGAAGCAGCAGATGGTATTATGATTGCTCGTGGTGATATGGGTA  
 TCGAAGTTCATTTGAAATGGTTCCAGTTTACCAAAAAATGATCATTACT  
 AAAGTTAATGCAGCTGGTAAAGCAGTTATTACAGCAACAAATATGCTTGA  
 AACAATGACTGATAAACACCGTGCGACTCGTTCAGAAGTATCTGATGTCT  
 TCAATGCTGTTATTGATGGTACTGATGCTACAATGCTTTCAGGTGAGTCA  
 GCTAATGGTAAATACCCAGTTGAGTCAGTTCGTACAATGGCTACTATTGA  
 TAAAAATGCTCAAACATTACTCAATGAGTATGGTCGCTTAGACTCATCTG  
 CATTCCCACGTATAAACAACTGATGTTATTGCATCTGCGGTTAAAGAT  
 GCAACACACTCAATGGATATCAAACCTGTTGTAACAATTACTGAAACAGG  
 TAATACAGCTCGTGCCATTCTAAATTCGGTCCAGATGCAGACATTTTGG  
 CTGTTACATTTGATGAAAAAGTACAACGTTTCATTGATGATTAACGGGGT  
 GTTATCCCTGTCCTTGCAGACAAACCAGCATCTACAGATGATATGTTTGA  
 GGTTGCAGAACGTGTAGCACTTGAAGCAGGATTTGTTGAATCAGGCGATA  
 ATATCGTTATCGTTGCAGGTGTTCCCTGTAGGTACAGGTGGAACATAACACA  
 ATGCGTGTTTCGTACTGTTAAA

SEQ ID NO. 7210

STRAIN 1169NT

AATAAACGCGTAAAAATCGTTGCAAC

ACTTGGTCCTGCGGTAGAAATTCGTTGGTGGTAAAGATTTGGTGAGTCTG  
 GATACTGGGGTGAAAGCCTTGACGTAGAAAGCTTCAGCAGAAAAAATTGCT  
 CAATTGATTAAAGAAGGTGCTAACGTTTTCCGTTTCAACTTCTCACATGG  
 AGATCATGCTGAGCAAGGAGCTCGTATGGCTACTGTTTCGTAAAGCAGAAG  
 AGATTGCAGGACAAAAAGTTGGCTTCCTCCTTGATACTAAAGGACCTGAA  
 ATTTCGTACAGAACTTTTTGAAGATGGTGAGATTTCATTTCATATACAAC  
 AGGTACAAAATTACGTGTTGCTACTAAGCAAGGTATCAAATCAACTCCAG  
 AAGTGATTGCATTGAATGTTGCTGGTGGACTTGACATCTTTGATGACGTT  
 GAAGTTGGTAAGCAAATCCTTGTGATGATGGTAAACTAGGTCTTACTGT  
 GTTTGCAAAAGATAAAGACACTCGTGAATTTGAAGTAGTTGTTGAGAATG  
 ATGGCCTTATTGGTAAACAAAAAGGTGTAAACATCCCTTATACTAAAATT

## SEQUENCE LISTING

CCTTTCCAGCACTTGCAGAACGCGATAATGCTGATATCCGTTTTGGA  
 TGAGCAAGGACTTAACCTTTATTGCTATCTCATTGTACGTACTGCTAAAG  
 ATGTTAATGAAGTTCGTGCTATTGTGAAGAACTGGCAATGGACACGTT  
 AAGTTGTTTGCtAAAATTGAAAATCaCAAGGTATCGATAATATTGATGA  
 GATTATCGAAGCAGCAGATGGTATTATGATTGCTCGTGGTGATATGGGTA  
 TCGAAGTTCCATTGAAATGGTTCAGTTTACCAAAaAATGATCATTACT  
 AaAGTTAATGCAGCTGGTAAAGCAGTTATTACAGCAACAAATATGCTTGA  
 AACAAATGACTGATAAACACGTCGACTCGTTTCAAGATATCTGATGTCT  
 TCAATGCTGTTATTGATGGTACTGATGCTACAATGCTTTCAGGTGAGTCA  
 GCTAATGGTAAATACCCAGTTGAGTCAGTTCGTACAATGGCTACTATTGA  
 TAAAAATGCTCAACAttACTCAATGAGTATGGTTCGTTTAGACTCATCTG  
 CATTCCACGTAATAACAAACTGATGTTATTGCATCTGCGGTTAAAGAT  
 GCAACACACTCAATGGATATCAAACCTGTTGTAACAATTACTGAAACAGG  
 TAATACAGCTCGTGCCATTTCTAAATCCGTCAGATGCAGACATTTTGG  
 CTGTTACATTTGATGAAAAAGTACAACGTTTATTGATGATTAACTGGGGT  
 GTTATCCCTGTCTTGCAGACAAACCAGCATCTACAGATGATATGTTTGA  
 GGTTGCAGAACGTGTAGCACTTGAAGCAGGACTTGTGAATCAGGCGATA  
 ATATCGTTATCGTTGCAGGTGTTCTGTAGGTACAGGTGGAACAAACACA  
 ATGCGTGTTCTGACTGTTAA

## SEQ ID NO. 7211

STRAIN JM9130013

AATAAACGCGTAAAAATCGTTGCAAC  
 ACTTGGTCTGCGGTAGAATTCCGTGGTGGTAAGAAGTTTGGTGAAGCTG  
 GATACTGGGGTGAAAGCCTTGACGTAGAAGCTTCAGCAGAAAAAATTGCT  
 CAATTGATTAAAGAAGGTGCTAACGTTTCCGTTTCACTTCTCACATGG  
 AGATCATGCTGAGCAAGGAGCTCGTATGGCTACTGTTTCGTAAAGCAGAAG  
 AGATTGCAGGACAAAAAGTTGGCTTCTCCTTGATACTAAAGGACCTGAA  
 ATTCGTACAGAATTTTGAAGATGGTTCAGATTTCCATTATATACAAC  
 AGGTACAAAATTACGTGTTGCTACTAAGCAAGGTATCAAATCACTCCAG  
 AAGTGATTGCATTGAATGTTGCTGGTGGACTTGACATCTTGTATGACGTT  
 GAAGTTGGTAAGCAAATCCTTGTGATGATGGTAACTAGGTCTTACTGT  
 GTTTGCAAAAGATAAAGACACTCGTGAATTTGAAGTAGTTGTTGAGAATG  
 ATGGCCTTATTGGTAAACAAAAAGGTGTAAACATCCCTTATACTAAAATT  
 CCTTTCCAGCACTTGCAGAACGCGATAATGCTGATATCCGTTTTGGA  
 TGAGCAAGGACTTAACCTTTATTGCTATCTCATTGTACGTACTGCTAAAG  
 ATGTTAATGAAGTTCGTGCTATTGTGAAGAACTGGCAATGGACATGT  
 AAGTTGTTTGTCTAAAATTGaAAATCaCAAGGTATCGATAATATTGATGA  
 GATTATCGAAGCAGCAGATGGTATTATGATTGCTCGTGGTGATATGGGTA  
 TCGAAGTTCCATTGAAATGGTTCAGTTTACCAAAAAATGATCATTACT  
 AAAGTTAATGCAGCTGGTAAAGCAGTTAttACAGCAACAAATATGCTTGA  
 AACAAATGACTGATAAACACAGTCGCGACTCGTTTCAAGATATCTGATGTCT  
 TCAATGCTGTTATTGATGGTACTGATGCTACAATGCTTTCAGGTGAGTCA  
 GCTAATGGTAAATACCCAGTTGAGTCAGTTCGTACAATGGCTACTATTGA  
 TAAAAATGCTCAACATTACTCAATGAGTATGGTTCGCTTAGACTCATCTG  
 CATTCCACGTAATAaCAAACTGATGTTATTGCATCTGCGGTTAAAGAT  
 GCAACACACTCAATGGATATCAAACCTGTTGTGACAATTACTGAAACAGG  
 TAATACAGCTCGTGCCATTTCTAAATCCGTCAGATGCAGACATTTTGG  
 CTGTTACATTTGATGAAAAAGTACAACGTTTATTGATGATTAACTGGGGT  
 GTTATCCCTGTCTTGCAGACAAACCAGCATCTACAGATGATATGTTTGA  
 GGTTGCAGAACGTGTAGCACTTGAAGCAGGACTTGTGAATCAGGCGATA  
 ATATCGTTATCGTTGCAGGTGTTCTGTAGGTACAGGTGGAACAAACACA  
 ATGCGTGTTCTGACTGTTAA

## SEQ ID NO. 7212

STRAIN 2603 frame: 1

MNKRKIVATLGPVAFVRGGKKFGESGYWGESLDVEASAEDIAQLIKEGANVFRFNFSHG  
 DHAEQGARMATVRKAEIAGQKVGFLLDTKGPEIRTELFEDGADFHSYTTGKLRVATKQ  
 GIKSTPEVIALNVAGGLDIFDDVEVGKQILVDDGKLGTLVFAKDKDTREFVVDGLI  
 GKQKGVNIPYTKIPFPALAEEDNADIRFGLQGLNFIAISFVRTAKDVNEVRAICEETGX  
 GHVKLFAKIENQQGIDNIDEIIEAADGIMIARGDMGIEVPFEMVPVYQKMIITKVNAAGK  
 AVITATNMLETMTDKPRATRSEVSDVFNVIDGTDATMLSGESANGKYPVESVRTMATID  
 KNAQTLLNEYGRLDSSAFPRNKTVDVIAVAKDATHSMIDIKLVVTTITETGNTARAISKFR  
 PDADILAVTFDEKVRSLMINWGVIPVLADKPASTDDMFVEAERVALEAGFVESGDNI

## SEQUENCE LISTING

VAGVPVGTGGTNTMRVRTVK

## SEQ ID NO. 7213

STRAIN 090 frame: 1

NKRVKIVATLGPAVEFRGGKKFGESGYWGESLDVEASAEKIAQLIKEGANVFRFNFSHGD  
HAEQGARMATVRKAEEIAGQKVGFLDITKGPEIRTELFEDGADFHSYTTGTEL RVATKQG  
IKSTPEVIALNVAGGLDIFDDVEVGKQILVDDGKLGTLVFAKDKDTREFEVVVENDGLIG  
KQKGVNIPYTKIPFPALAEARNADIRFGLEQGLNFIAISFVRTAKDVNEVRAICEETGNG  
HVKLFAKIEHQOGIDNIDEIEAADGIMIARGDMGIEVPFEMVPVYQKMIITKVNAAGKA  
VITATNMLETMTDKPRATRSEVSDVFNAVIDGTDATMLSGESANGKYPVESVRTMATIDK  
NAQTLLNEYGRLDSSAFPRNNKTDVIASAVKDATHSMDIKLVVTITETGNTARAIKFRP  
DADILAVTFDEKVQSRSLMINWGVIPVLADKPASTDDMFEVAERVALEAGLVESGDNIVIV  
AGVPVGTGGTNTMRVRTVK

## SEQ ID NO. 7214

STRAIN A909 frame: 1

NKRVKIVATLGPAVEFRGGKKFGESGYWGESLDVEASAEKIAQLIKEGANVFRFNFSHGD  
HAEQGARMATVRKAEEIAGQKVGFLDITKGPEIRTELFEDGADFHSYTTGTEL RVATKQG  
IKSTPEVIALNVAGGLDIFDDVEVGKQILVDDGKLGTLVFAKDKDTREFEVVVENDGLIG  
KQKGVNIPYTKIPFPALAEARNADIRFGLEQGLNFIAISFVRTAKDVNEVRAICEETGNG  
HVKLFAKIEHQOGIDNIDEIEAADGIMIARGDMGIEVPFEMVPVYQKMIITKVNAAGKA  
VITATNMLETMTDKPRATRSEVSDVFNAVIDGTDATMLSGESANGKYPVESVRTMATIDK  
NAQTLLNEYGRLDSSAFPRNNKTDVIASAVKDATHSMDIKLVVTITETGNTARAIKFRP  
DADILAVTFDEKVQSRSLMINWGVIPVLADKPASTDDMFEVAERVALEAGLVESGDNIVIV  
AGVPVGTGGTNTMRVRTVK

## SEQ ID NO. 7215

STRAIN H36B frame: 1

NKRVKIVATLGPAVEFRGGKKFGESGYWGESLDVEASAEKIAQLIKEGANVFRFNFSHGD  
HAEQGARMATVRKAEEIAGQKVGFLDITKGPEIRTELFEDGADFHSYTTGTEL RVATKQG  
IKSTPEVIALNVAGGLDIFDDVEVGKQILVDDGKLGTLVFAKDKDTREFEVVVENDGLIG  
KQKGVNIPYTKIPFPALAEARNADIRFGLEQGLNFIAISFVRTAKDVNEVRAICEETGNG  
HVKLFAKIEHQOGIDNIDEIEAADGIMIARGDMGIEVPFEMVPVYQKMIITKVNAAGKA  
VITATNMLETMTDKPRATRSEVSDVFNAVIDGTDATMLSGESANGKYPVESVRTMATIDK  
NAQTLLNEYGRLDSSAFPRNNKTDVIASAVKDATHSMDIKLVVTITETGNTARAIKFRP  
DADILAVTFDEKVQSRSLMINWGVIPVLADKPASTDDMFEVAERVALEAGLVESGDNIVIV  
AGVPVGTGGTNTMRVRTVK

## SEQ ID NO. 7216

STRAIN 18S21 frame: 1

NKRVKIVATLGPAVEFRGGKKFGESGYWGESLDVEASAEKIAQLIKEGANVFRFNFSHGD  
HAEQGARMATVRKAEEIAGQKVGFLDITKGPEIRTELFEDGADFHSYTTGTEL RVATKQG  
IKSTPEVIALNVAGGLDIFDDVEVGKQILVDDGKLGTLVFAKDKDTREFEVVVENDGLIG  
KQKGVNIPYTKIPFPALAEARNADIRFGLEQGLNFIAISFVRTAKDVNEVRAICEETGNG  
HVKLFAKIEHQOGIDNIDEIEAADGIMIARGDMGIEVPFEMVPVYQKMIITKVNAAGKA  
VITATNMLETMTDKPRATRSEVSDVFNAVIDGTDATMLSGESANGKYPVESVRTMATIDK  
NAQTLLNEYGRLDSSAFPRNNKTDVIASAVKDATHSMDIKLVVTITETGNTARAIKFRP  
DADILAVTFDEKVQSRSLMINWGVIPVLADKPASTDDMFEVAERVALEAGLVESGDNIVIV  
AGVPVGTGGTNTMRVRTVK

## SEQ ID NO. 7217

STRAIN M732 frame: 1

NKRVKIVATLGPAVEFRGGKKFGESGYWGESLDVEASAEKIAQLIKEGANVFRFNFSHGD  
HAEQGARMATVRKAEEIAGQKVGFLDITKGPEIRTELFEDGADFHSYTTGTEL RVATKQG  
IKSTPEVIALNVAGGLDIFDDVEVGKQILVDDGKLGTLVFAKDKDTREFEVVVENDGLIG  
KQKGVNIPYTKIPFPALAEARNADIRFGLEQGLNFIAISFVRTAKDVNEVRAICEETGNG  
HVKLFAKIEHQOGIDNIDEIEAADGIMIARGDMGIEVPFEMVPVYQKMIITKVNAAGKA  
VITATNMLETMTDKPRATRSEVSDVFNAVIDGTDATMLSGESANGKYPVESVRTMATIDK  
NAQTLLNEYGRLDSSAFPRNNKTDVIASAVKDATHSMDIKLVVTITETGNTARAIKFRP  
DADILAVTFDEKVQSRSLMINWGVIPVLADKPASTDDMFEVAERVALEAGLVESGDNIVIV  
AGVPVGTGGTNTMRVRTVK

## SEQ ID NO. 7218

STRAIN COH1 frame: 1

## SEQUENCE LISTING

NKRVKIVATLGPAVEFRGGKKFGESGYWGESLDVEASAEKIAQLIKEGANVFRNFSGHD  
 HAEQGARMATVRKAEIAGQKVGFLDITKGPEIRTELFEDGADFHSYTTGKLRVATKQG  
 IKSTPEVIALNVAGGLDIFDDVEVGKQILVDDGKLGTLVFAKDKDTREFEVVVENDGLIG  
 KQKGVNIPYTKIPFPALAERDNADIRFGLAQGLNFIAISFVRTAKDVNEVRAICEETGNG  
 HVKLFAKIENQOGIDNIDEIEAADGIMIARGDMGIEVPFEMVPVYQKMIITKVNAAGKA  
 VITATNMLETMTDKPRATRSEVSDVFNAVIDGTDATMLSGESANGKYPVESVRTMATIDK  
 NAQTLLNEYGRLDSSAFPRNNKTDVIASAVKDATHSMDIKLVVTTITETGNTARAIKFRP  
 DADILAVTFDEKVQSRSLMINWGVIPVLADKPASTDDMFEVAERVALEAGLVESGDNIVIV  
 AGVPVGTGGTNTMRVRTVK

## SEQ ID NO. 7219

STRAIN M781 frame: 1

NKRVKIVATLGPAVEFRGGKKFGESGYWGESLDVEASAEKIAQLIKEGANVFRNFSGHD  
 HAEQGARMATVRKAEIAGQKVGFLDITKGPEIRTELFEDGADFHSYTTGKLRVATKQG  
 IKSTPEVIALNVAGGLDIFDDVEVGKQILVDDGKLGTLVFAKDKDTREFEVVVENDGLIG  
 KQKGVNIPYTKIPFPALAERDNADIRFGLAQGLNFIAISFVRTAKDVNEVRAICEETGNG  
 HVKLFAKIENQOGIDNIDEIEAADGIMIARGDMGIEVPFEMVPVYQKMIITKVNAAGKA  
 VITATNMLETMTDKPRATRSEVSDVFNAVIDGTDATMLSGESANGKYPVESVRTMATIDK  
 NAQTLLNEYGRLDSSAFPRNNKTDVIASAVKDATHSMDIKLVVTTITETGNTARAIKFRP  
 DADILAVTFDEKVQSRSLMINWGVIPVLADKPASTDDMFEVAERVALEAGLVESGDNIVIV  
 AGVPVGTGGTNTMRVRTVK

## SEQ ID NO. 7220

STRAIN CJB110 frame: 1

NKRVKIVATLGPAVEFRGGKKFGESGYWGESLDVEASAEKIAQLIKEGANVFRNFSGHD  
 HAEQGARMATVRKAEIAGQKVGFLDITKGPEIRTELFEDGADFHSYTTGKLRVATKQG  
 IKSTPEVIALNVAGGLDIFDDVEVGKQILVDDGKLGTLVFAKDKDTREFEVVVENDGLIG  
 KQKGVNIPYTKIPFPALAERDNADIRFGLAQGLNFIAISFVRTAKDVNEVRAICEETGNG  
 HVKLFAKIENQOGIDNIDEIEAADGIMIARGDMGIEVPFEMVPVYQKMIITKVNAAGKA  
 VITATNMLETMTDKPRATRSEVSDVFNAVIDGTDATMLSGESANGKYPVESVRTMATIDK  
 NAQTLLNEYGRLDSSAFPRNNKTDVIASAVKDATHSMDIKLVVTTITETGNTARAIKFRP  
 DADILAVTFDEKVQSRSLMINWGVIPVLADKPASTDDMFEVAERVALEAGLVESGDNIVIV  
 AGVPVGTGGTNTMRVRTVK

## SEQ ID NO. 7221

STRAIN 1169NT frame: 1

NKRVKIVATLGPAVEFRGGKKFGESGYWGESLDVEASAEKIAQLIKEGANVFRNFSGHD  
 HAEQGARMATVRKAEIAGQKVGFLDITKGPEIRTELFEDGADFHSYTTGKLRVATKQG  
 IKSTPEVIALNVAGGLDIFDDVEVGKQILVDDGKLGTLVFAKDKDTREFEVVVENDGLIG  
 KQKGVNIPYTKIPFPALAERDNADIRFGLAQGLNFIAISFVRTAKDVNEVRAICEETGNG  
 HVKLFAKIENQOGIDNIDEIEAADGIMIARGDMGIEVPFEMVPVYQKMIITKVNAAGKA  
 VITATNMLETMTDKPRATRSEVSDVFNAVIDGTDATMLSGESANGKYPVESVRTMATIDK  
 NAQTLLNEYGRLDSSAFPRNNKTDVIASAVKDATHSMDIKLVVTTITETGNTARAIKFRP  
 DADILAVTFDEKVQSRSLMINWGVIPVLADKPASTDDMFEVAERVALEAGLVESGDNIVIV  
 AGVPVGTGGTNTMRVRTVK

## SEQ ID NO. 7222

STRAIN JM9130013 frame: 1

NKRVKIVATLGPAVEFRGGKKFGESGYWGESLDVEASAEKIAQLIKEGANVFRNFSGHD  
 HAEQGARMATVRKAEIAGQKVGFLDITKGPEIRTELFEDGADFHSYTTGKLRVATKQG  
 IKSTPEVIALNVAGGLDIFDDVEVGKQILVDDGKLGTLVFAKDKDTREFEVVVENDGLIG  
 KQKGVNIPYTKIPFPALAERDNADIRFGLAQGLNFIAISFVRTAKDVNEVRAICEETGNG  
 HVKLFAKIENQOGIDNIDEIEAADGIMIARGDMGIEVPFEMVPVYQKMIITKVNAAGKA  
 VITATNMLETMTDKPRATRSEVSDVFNAVIDGTDATMLSGESANGKYPVESVRTMATIDK  
 NAQTLLNEYGRLDSSAFPRNNKTDVIASAVKDATHSMDIKLVVTTITETGNTARAIKFRP  
 DADILAVTFDEKVQSRSLMINWGVIPVLADKPASTDDMFEVAERVALEAGLVESGDNIVIV  
 AGVPVGTGGTNTMRVRTVK

## SEQ ID NO. 7301

STRAIN 2603

TTGTCTGCTATAATAGACAAAAAGGTGGTGATATTTATGTATTTAGCATTAAATCGGTGAT  
 ATCATTAAATTCAAAACAGATACTTGAACGTGAACTTTCCAACAGTCTTTTCAGCAACTA  
 ATGACCGAATCTATCTGATGTATATGGTGAAGAGCTGATTTCTCCATTCACTATTACAGCT  
 GGTGATGAATTTCAAGCTTTATTGAAACCATCAAAAAAGGTATTTCAAATTATTGACCAT



## SEQUENCE LISTING

ATTCAACTAGCTCTAAAACCTGTTAATGTAAGGTTCGGCCTCGGTACAGGAAACATTATA  
 ACATCCATCAATTCAAATGAAAGTATCGGTGCTGATGGTCCTGCCTACTGGCATGCTCGC  
 TCAGCTATTAATCATATACATGATAAAAATGATTATGGAACAGTTCAAGTAGCTATTTGC  
 CTTGATGATGAAGACCAAAACCTTGAATTAACACTAAATAGTCTCATTTTCAGCTGGTGAT  
 TTTATCAAGTCAAATGGACTACAAACCATTTTCAAATGCTTGAGCACTTAATACTTCAA  
 GATAATTATCAAGAACAAATTTCAACATCAAAGTTAGCCCACTGGAAAATATTGAACCT  
 AGTGGCGCTGACTAAACGCCTTAAAGCAAGCGGTCTGAAGATTTACTTAAGAACGAGAAC  
 CAGGCAGCCGATCTATTAGTTAAAGTTGCACTCAAACCTAAAGGGGAAGCTATGATTTT

## SEQ ID NO. 7302

STRAIN 090

TCTGCTATAATAGACAAAAAGGTGGTGATATTTATGTATTT  
 AGCATTAATCGGTGATATCATTAATTCAAACAGATACTTGAACGTGAAA  
 CTTTCCAACAGTCTTTTCAGCAACTAATGACCGAACTATCTGATGTATAT  
 GGTGAAGAGCTGATTCTCCATTCACTATTACAGCTGGTGATGAATTTCA  
 AGCTTTATTGAAACCATCAAAAAAGGTATTTCAAATTTATTGACCATATTC  
 AACTAGCTCTAAAACCTGTTAATGTAAGGTTTCGGCCTCGGTACAGGAAAC  
 ATTATAACATCCATCAATTTAAATGAAAGTATCGGTGCTGATGGTCCTGC  
 CTACTGGCATGCTCGCTCAGCTATTAATCATATACATGATAAAAATGATT  
 ATGGAAACAGTTCAAGTAGCTATTTGCCTTGATGATGAAGACCAAAACCTT  
 GAATTAACACTAAATAGTCTCATTTTCAGCTGGTGATTTTATCAAGTCAA  
 ATGGACTACAAACCATTTTCAAATGCTTGAGCACTTAATACTTCAAGATA  
 ATTATCAAGAACAATTTCAACATCAAAGTTAGCCCACTGGAAAATATT  
 GAACCTAGTGGCTGACTAAACGCCTTAAAGCAAGCGGTCTGAAGATTTA  
 CTTAAGAACGAGAACACAGGCAGCCGATCTATTAGTTAAAGTTGCACTC  
 AAACCTAAAGGGGAAGCTATGATTTT

## SEQ ID NO. 7303

STRAIN A909

TCTGCTATAATAGACAAAAAGGTGGTGATATTTATGTAT  
 TTAGCATTAATCGGTGATATCATTAATTCAAACAGATACTTGAACGTGA  
 AACTTTCCAACAGTCTTTTCAGCAACTAATGACCGAACTATCTGATGTAT  
 ATGGTGAAGAGCTGATTCTCCATTCACTATTACAGCTGGTGATGAATTT  
 CAAGCTTTATTGAAACCATCAAAAAAGGTATTTCAAATTTATTGACCATAT  
 TCAACTAGCTCTAAAACCTGTTAATGTAAGGTTTCGGCCTCGGTACAGGAA  
 ACATTATAACATCCATCAATTTCAAATGAAAGTATCGGTGCTGATGGTCCT  
 GCCTACTGGCATGCTCGCTCAGCTATTAATCATATACATGATAAAAATGA  
 TTATGGAAACAGTTCAAGTAGCTATTTGCCTTGATGATGAAGACCAAAACC  
 TTGAATTAACACTAAATAGTCTCATTTTCAGCTGGTGATTTTATCAAGTCA  
 AAATGGACTACAAACCATTTTCAAATGCTTGAGCACTTAATACTTCAAGA  
 TAATTATCAAGAACAATTTCAACATCAAAGTTAGCCCACTGGAAAATA  
 TTGAACCTAGTGGCTGACTAAACGCCTTAAAGCAAGCGGTCTGAAGATT  
 TACTTAAGAACGAGAACACAGGCAGCCGATCTATTAGTTAAAGTTGCAC  
 TCAAACCTAAAGGGGAAGCTATGATTTT

## SEQ ID NO. 7304

STRAIN H36B

TCTGCTATAATAGACAAAAAGGTGGTGATATTT  
 ATGTATTTAGCATTAATCGGTGATATCATTAATTCAAACAGATACTTGA  
 ACGTGAACCTTTCCAACAGTCTTTTCAGCAACTAATGACCGAACTATCTG  
 ATGTATATGGTGAAGAGCTGATTTCTCCATTCACTATTACAGCTGGTGAT  
 GAATTTCAAGCTTTTATTGAAACCATCAAAAAAGGTATTTCAAATTATTGA  
 CCATATTTCAACTAGCTCTAAAACCTGTTAATGTAAGGTTTCGGCCTCGGT  
 CAGGAAACATTATAACATCCATCAATTTCAAATGAAAGTATCGGTGCTGAT  
 GGTCTGCTACTGGCATGCTCGCTCAGCTATTAATCATATACATGATAA  
 AAATGATTATGGAACAGTTCAAGTAGCTATTTGCCTTGATGATGAAGACC  
 AAAACCTTGAATTAACACTAAATAGTCTCATTTTCAGCTGGTGATTTTATC  
 AAGTCAAATGGACTACAAACCATTTTCAAATGCTTGAGCACTTAATACT  
 TCAAGATAATTATCAAGAACAATTTCAACATCAAAGTTAGCCCACTGG  
 AAAATATTGAACCTAGTGGCTGACTAAACGCCTTAAAGCAAGCGGTCTG  
 AAGATTTACTTTAAGAACGAGAACACAGGCAGCCGATCTATTAGTTAAAG  
 TTGCACTCAAACCTAAAGGGGAAGCTATGATTTT

## SEQ ID NO. 7305

## SEQUENCE LISTING

## STRAIN 18RS21

TCTGCTATAATAGACAAAAAGGTGGTGATATTT  
 ATGTATTTAGCATTAAATCGGTGATATCATTAAATCAAAACAGATACTTGA  
 ACGTGAAACTTTCCAACAGTCTTTTCAGCAACTAATGACCGAACTATCTG  
 ATGTATATGGTGAAGAGCTGATTTCTCCATTCACTATTACAGCTGGTGAT  
 GAATTTCAAGCTTTATTGAAACCATCAAAAAAGGTATTTCAAATTATTGA  
 CCATATTCAACTAGCTCTAAAACCTGTTAATGTAAGGTTCCGGCTCGGTA  
 CAGGAAACATTATAACATCCATCAATTCAAATGAAAGTATCGGTGCTGAT  
 GGTCTGCTACTGGCATGCTCGCTCAGCTATTAATCATATACATGATAA  
 AAATGATTATGGAACAGTTCAAGTAGCTATTTGCCTTGATGATGAAGACC  
 AAAACCTTGAATTAACTAAATAGTCTCATTTCAAGCTGGTGATTTTATC  
 AAGTCAAATGGACTACAAACCATTTTCAAATGCTTGAGCACTTAATACT  
 TCAAGATAATTATCAAGAACAATTTCAACATCAAAGTTAGCCCAACTGG  
 AAAATATTGAACCTAGTGGCTGACTAAACGCCCTTAAAGCAAGCGGTCTG  
 AAGATTTACTTAAGAACGAGAACACAGGCAGCCGATCTATTAGTTAAAA  
 TTGCACTCAAACATAAGGGGAAGCTATGATTTT

## SEQ ID NO. 7306

## STRAIN M732

TCTGCTATAATAGACAAAAAGGTGGTGATATT  
 TATGTATTTAGCATTAAATCGGTGATATCATTAAATCAAAACAGATACTTG  
 AACGTGAAACTTTCCAACAGTCTTTTCAGCAACTAATGACCGAACTATCT  
 GATGTATATGGTGAAGAGCTGATTTCTCCATTCACTATTACAGCTGGTGA  
 TGAATTTCAAGCTTTATTGAAACaATCAAAAAAGGTATTTCAAATTATTG  
 ACCATATTCAACTAGCTCTAAAACCTGTTAATGTAAGGTTCCGGCTCGGT  
 ACAGGAAACATTATAACATCCATCAATTCAAATGAAAGTATCGGTGCTGA  
 TGGTCTGCTACTGGCATGCTCGCTCAGCTATTAATCATATACATGATA  
 AAAATGATTATGGAACAGTTCAAGTAGCTATTTGCCTTGATGATGAAGAC  
 CAAAACCTTGAATTAACTAAATAGTCTCATTTCAAGCTGGTGATTTTAT  
 CAAGTCAAATGGACTACAAACCATTTTCAAATGCTTGAGCACTTAATAC  
 TTCAAGATAATTATCAAGAACAATTTCAACATCAAAGTTAGCCCAACTG  
 GAAAATATTGAACCTAGTGGCTGACTAAACGCCCTTAAAGCAAGCGGTCT  
 GAAGATTTACTTAAGAACGAGAACACAGGCAGCCGATCTATTAGTTAAAA  
 GTTGCACTCAAACATAAGGGGAAGCTATGATTTT

## SEQ ID NO. 7307

## STRAIN COH1

TCTGCTATAATAGACAAAAAGGTGGTGATATT  
 TATGTATTTAGCATTAAATCGGTGATATCATTAAATCAAAACAGATACTTG  
 AACGTGAAACTTTCCAACAGTCTTTTCAGCAACTAATGACCGAACTATCT  
 GATGTATATGGTGAAGAGCTGATTTCTCCATTCACTATTACAGCTGGTGA  
 TGAATTTCAAGCTTTATTGAAACaATCAAAAAAGGTATTTCAAATTATTG  
 ACCATATTCAACTAGCTCTAAAACCTGTTAATGTAAGGTTCCGGCTCGGT  
 ACAGGAAACATTATAACATCCATCAATTCAAATGAAAGTATCGGTGCTGA  
 TGGTCTGCTACTGGCATGCTCGCTCAGCTATTAATCATATACATGATA  
 AAAATGATTATGGAACAGTTCAAGTAGCTATTTGCCTTGATGATGAAGAC  
 CAAAACCTTGAATTAACTAAATAGTCTCATTTCAAGCTGGTGATTTTAT  
 CAAGTCAAATGGACTACAAACCATTTTCAAATGCTTGAGCACTTAATAC  
 TTCAAGATAATTATCAAGAACAATTTCAACATCAAAGTTAGCCCAACTG  
 GAAAATATTGAACCTAGTGGCTGACTAAACGCCCTTAAAGCAAGCGGTCT  
 GAAGATTTACTTAAGAACGAGAACACAGGCAGCCGATCTATTAGTTAAAA  
 GTTGCACTCAAACATAAGGGGAAGCTATGATTTT

## SEQ ID NO. 7308

## STRAIN M781

TCTGCTATAATAGACAAAAAGGTGGTGATATTT  
 ATGTATTTAGCATTAAATCGGTGATATCATTAAATCAAAACAGATACTTGA  
 ACGTGAAACTTTCCAACAGTCTTTTCAGCAACTAATGACCGAACTATCTG  
 ATGTATATGGTGAAGAGCTGATTTCTCCATTCACTATTACAGCTGGTGAT  
 GAATTTCAAGCTTTATTGAAACAATCAAAAAAGGTATTTCAAATTATTGA  
 CCATATTTCAACTAGCTCTAAAACCTGTTAATGTAAGGTTCCGGCTCGGTA  
 CAGGAAACATTATAACATCCATCAATTCAAATGAAAGTATCGGTGCTGAT  
 GGTCTGCTACTGGCATGCTCGCTCAGCTATTAATCATATACATGATAA  
 AAATGATTATGGAACAGTTCAAGTAGCTATTTGCCTTGATGATGAAGACC

## SEQUENCE LISTING

AAAACCTTGAATTAACACTAAATAGTCTCATTTAGCTGGTGATTTTATC  
 AAGTCAAAATGGACTACAAACCATTTTCAAATGCTTGAGCACTTAATACT  
 TCAAGATAATTATCAAGAACAATTTCAACATCAAAAGTTAGCCCACTGG  
 AAAATATTGAACCTAGTGCCTGACTAAACGCCTTAAAGCAAGCGGTCTG  
 AAGATTTACTTAAGAACGAGAACACAGGCAGCCGATCTATTAGTTAAAAG  
 TTGCACTCAAACATAAAGGGGAAGCTATGATTTT

## SEQ ID NO. 7309

STRAIN CJB110

TCTGCTATAATAGACAAAAAGGTGGTGGA  
 TTTATGTATTTAGCATTAATCGGTGATATCATTAAATCAAACAGATACT  
 TGAACGTGAACTTTCCAACAGTCTTTTCAGCAACTAATGACCGAATAT  
 CTGATGTATATGGTGAAGAGCTGATTTCTCTATTCACTATTACAGCTGGT  
 GATGAATTTCAAGCTTTATTGAAACCATCAAAAAAGGTATTTCAAATTAT  
 TGACCATATTCAACTAGCTCTAAAACCTGTTAATGTAAGGTTGCGCCTCG  
 GTACAGGAAACATTATAACATCCATCAATTCAAATGAAAGTATCGGTGCT  
 GATGGTCTGCTACTGGCATGCTCGCTCAGCTATTAATCATATACATGA  
 TAAAAATGATTATGGAACAGTTCAAGTAGCTATTTGCCTTGATGATGAAG  
 ACCAAAACCTTGAATTAACACTAAATAGTCTCATTTAGCTGGTGATTTT  
 ATCAAGTCAAAATGGACTACTAAGCATTTTCAAATGCTTGAGCACTTAAT  
 ACTTCAAGATAATTATCAAGAACAATTTCAACATCAAAAGTTAGCCCAAC  
 TGGAAAATATTGAACCTAGTGCCTGACTAAACGCCTTAAAGCAAGCGGT  
 CTGAAGATTTACTTAAGAACGAGAACACAGGCAGCCGATCTATTAGTTAA  
 AAGTTGCACTCAAACATAAAGGGGAAGCTATGATTTT

## SEQ ID NO. 7310

STRAIN JM9130013

TCTGCTATAATAGACAAAAAGGTGGTGATATTT  
 ATGTATTTAGCATTAAATCGGTGATATCATTAAATCAAACAGATACTTGA  
 ACGTGAACTTTCCAACAGTCTTTTCAGCAACTAATGACCGAATATCTG  
 ATGTATATGGTGAAGAGCTGATTTCTCCATCACTATTACAGCTGGTGAT  
 GAATTTCAAGCTTTATTGAAACCATCAAAAAAGGTATTTCAAATTATTGA  
 CCATATTCAACTAGCTCTAAAACCTGTTAATGTAAGGTTGCGCCTCGGT  
 CAGGAAACATTATAACATCCATCAATTCAAATGAAAGTATCGGTGCTGAT  
 GGTCTGCTACTGGCATGCTCGCTCAGCTATTAATCATATACATGATAA  
 AAATGATTATGGAACAGTTCAAGTAGCTATTTGCCTTGATGATGAAGACC  
 AAAACCTTGAATTAACACTAAATAGTCTCATTTAGCTGGTGATTTTATC  
 AAGTCAAAATGGACTACAAACCATTTTCAAATGCTTGAGCACTTAATACT  
 TCAAGATAATTATCAAGAACAATTTCAACATCAAAAGTTAGCCCACTGG  
 AAAATATTGAACCTAGTGCCTGACTAAACGCCTTAAAGCAAGCGGTCTG  
 AAGATTTACTTAAGAACGAGAACACAGGCAGCCGATCTATTAGTTAAAAG  
 TTGCACTCAAACATAAAGGGGAAGCTATGATTTT

## SEQ ID NO. 7311

STRAIN 2603 frame: 1

LSAIDKKVVFMYLALIGDIINSKQILERETFQOSFQQLMTELSDVYGEELISPFITITA  
 GDEFQALLKPSKKVFQIIDHIQLALKPVNVRFLGTGNIITSINSNESIGADGPAYWHAR  
 SAINHIHDKNYDGTQVQVAICLDDQDQNLTLNSLISAGDFIKSKWTTNHFQMLEHLILO  
 DNYEQEFQHQKLAQLENIEPSALTKRLKASGLKIYLRTRTQAADLLVKSTQTKGGSYDF

## SEQ ID NO. 7312

STRAIN 090 frame: 1

SAIDKKVVFMYLALIGDIINSKQILERETFQOSFQQLMTELSDVYGEELISPFITITAG  
 DEFQALLKPSKKVFQIIDHIQLALKPVNVRFLGTGNIITSINLINESIGADGPAYWHARS  
 AINHIHDKNYDGTQVQVAICLDDQDQNLTLNSLISAGDFIKSKWTTNHFQMLEHLILO  
 DNYEQEFQHQKLAQLENIEPSALTKRLKASGLKIYLRTRTQAADLLVKSTQTKGGSYDF

## SEQ ID NO. 7313

STRAIN A909 frame: 1

SAIDKKVVFMYLALIGDIINSKQILERETFQOSFQQLMTELSDVYGEELISPFITITAG  
 DEFQALLKPSKKVFQIIDHIQLALKPVNVRFLGTGNIITSINSNESIGADGPAYWHARS  
 AINHIHDKNYDGTQVQVAICLDDQDQNLTLNSLISAGDFIKSKWTTNHFQMLEHLILO  
 DNYEQEFQHQKLAQLENIEPSALTKRLKASGLKIYLRTRTQAADLLVKSTQTKGGSYDF

## SEQUENCE LISTING

## SEQ ID NO. 7314

STRAIN H36B frame: 1

SAIIDKKVVIFMYLALIGDIINSKQILERETFQQS FQQLMTELSDVYGEELISPFTITAG  
DEFQALLKPSKKVFQIIDHIQLALKPVNVRFG LGTGNIIITSINSNESIGADGPAYWHARS  
AINHIHDKNDYGT VQVAICLDDEDQNL E LTLNSLISAGDFIKSKWTTNHFQMLEHLILQD  
NYQE QFQHOKLAQLENIEPSALT KRLKASGLKIYLRTRTQAADLLVK SCTQTKGGSYDF

## SEQ ID NO. 7315

STRAIN 18RS21 frame: 1

SAIIDKKVVIFMYLALIGDIINSKQILERETFQQS FQQLMTELSDVYGEELISPFTITAG  
DEFQALLKPSKKVFQIIDHIQLALKPVNVRFG LGTGNIIITSINSNESIGADGPAYWHARS  
AINHIHDKNDYGT VQVAICLDDEDQNL E LTLNSLISAGDFIKSKWTTNHFQMLEHLILQD  
NYQE QFQHOKLAQLENIEPSALT KRLKASGLKIYLRTRTQAADLLVK SCTQTKGGSYDF

## SEQ ID NO. 7316

STRAIN M732 frame: 1

SAIIDKKVVIFMYLALIGDIINSKQILERETFQQS FQQLMTELSDVYGEELISPFTITAG  
DEFQALLKQSKKVFQIIDHIQLALKPVNVRFG LGTGNIIITSINSNESIGADGPAYWHARS  
AINHIHDKNDYGT VQVAICLDDEDQNL E LTLNSLISAGDFIKSKWTTNHFQMLEHLILQD  
NYQE QFQHOKLAQLENIEPSALT KRLKASGLKIYLRTRTQAADLLVK SCTQTKGGSYDF

## SEQ ID NO. 7317

STRAIN COH1 frame: 1

SAIIDKKVVIFMYLALIGDIINSKQILERETFQQS FQQLMTELSDVYGEELISPFTITAG  
DEFQALLKQSKKVFQIIDHIQLALKPVNVRFG LGTGNIIITSINSNESIGADGPAYWHARS  
AINHIHDKNDYGT VQVAICLDDEDQNL E LTLNSLISAGDFIKSKWTTNHFQMLEHLILQD  
NYQE QFQHOKLAQLENIEPSALT KRLKASGLKIYLRTRTQAADLLVK SCTQTKGGSYDF

## SEQ ID NO. 7318

STRAIN M781 frame: 1

SAIIDKKVVIFMYLALIGDIINSKQILERETFQQS FQQLMTELSDVYGEELISPFTITAG  
DEFQALLKQSKKVFQIIDHIQLALKPVNVRFG LGTGNIIITSINSNESIGADGPAYWHARS  
AINHIHDKNDYGT VQVAICLDDEDQNL E LTLNSLISAGDFIKSKWTTNHFQMLEHLILQD  
NYQE QFQHOKLAQLENIEPSALT KRLKASGLKIYLRTRTQAADLLVK SCTQTKGGSYDF

## SEQ ID NO. 7319

STRAIN CJB110 frame: 1

SAIIDKKVVVIFMYLALIGDIINSKQILERETFQQS FQQLMTELSDVYGEELISLFTITAG  
DEFQALLKPSKKVFQIIDHIQLALKPVNVRFG LGTGNIIITSINSNESIGADGPAYWHARS  
AINHIHDKNDYGT VQVAICLDDEDQNL E LTLNSLISAGDFIKSKWTTNHFQMLEHLILQD  
NYQE QFQHOKLAQLENIEPSALT KRLKASGLKIYLRTRTQAADLLVK SCTQTKGGSYDF

## SEQ ID NO. 7320

STRAIN JM9130013 frame: 1

SAIIDKKVVIFMYLALIGDIINSKQILERETFQQS FQQLMTELSDVYGEELISPFTITAG  
DEFQALLKPSKKVFQIIDHIQLALKPVNVRFG LGTGNIIITSINSNESIGADGPAYWHARS  
AINHIHDKNDYGT VQVAICLDDEDQNL E LTLNSLISAGDFIKSKWTTNHFQMLEHLILQD  
NYQE QFQHOKLAQLENIEPSALT KRLKASGLKIYLRTRTQAADLLVK SCTQTKGGSYDF

## SEQ ID NO. 7401

STRAIN 2603

ATGGAATGCAAGTTCAAAAAAGTTTAAATCAAATATACATTACGGAACACTCTAT  
CTAGTCCCAACTCCAATTGGTAATCTAGATGATATGACTTTTCGTGCCATTAGGATTTTA  
AGAGAAGTTGATTTTATTTGTGCAGAGGATACACGAAATACGGGACTTTTACTCAAGCAC  
TTTGATATTACTACTAAACAAATTAGTTTTCACGAACACAATGCTTACGATAAAATCTCT  
GGGTTAATTGATTTGTTAAAAGAAGGGAATCTTTAGCCCAAGTATCTGATGCAGGAATG  
CCCTCTATTTCTGACCCAGGACATGACCTTGTC AAGGCTGCTATTGAAGGGGATATCCCA  
GTTGTATCTATACCAGGAGCTAGCGCTGGTATTACTGCTCTCATCGCTTCAGGTTTAGCT  
CCACAACCTCATATTTTATGGCTTCTTACCTCGTAAGAAAGGTCAACAAATAACTTTC  
TTTGAACAAAGCAAGATTACCCTGAAACACAAATCTTTATGAGTCACCGTTTCGAGTC  
TCTGATACGCTAAAACACATGAAAGAGATTACGAGATCGCCAAGTTGTTTAGTACGC  
GAATTGACGAAACTCTATGAAGAGTATCAAAGAGGAACCATAGTCAACTTTTAGAGCAT  
ATTGAAAAGGTCCCTCTCAAAGGTGAATGCTTAATTATTGTTGATGGTAAGAGAGATACC  
GAGCGAGTGAAAGACAGTAGCCAACAAGATCCACTAGTATTAGTAAAAGAATATATCGCT

## SEQUENCE LISTING

AATGGTGATAAACTAATCAAGCGATAAAAAAGTAGCAAAAGAATTTAATCTCAATAGA  
CAAGAACTCTATGCTAGTTTCCATGATTTA

SEQ ID NO. 7402

STRAIN 090

GAAATGCAAGTTCAAAAAGTTTTAAATCAAATACACATTACGGGACACT  
CTATCTAGTCCCAACTCCAATTGGTAATCTAGATGATATGACTTTTCGTG  
CCATTAGGATTTTAAGAGAAGTTGATTTTATTTGTGCAGAGGATACACGA  
AATACGGGACTTTTACTCAAGCACTTTGATATTACTACTAAACAAATTAG  
TTTTACGAACACAATGCTTACGATAAAATCTCTGGGTAAATTGATTTGT  
TAAAAGAAGGGAGATCTTTAGCCCAAGTATCTGATGCAGGAATGCCCTCT  
ATTTCTGACCCAGGACATGACCTTGTCAAGGCTGCTATTGAAGGGGGAT  
CCCGGTCTGATCTATACCAGGAGCTAGCGCTGGTATTACTGCTCTCATCG  
CTTCAGGTTTAGCTCCACAACCTCATATTTTTATGGCTTCTTACCGCGT  
AAGAAAGGTCAACAAATAAATTTTTTTGAAACAAAGAAAGATTACCCCTGa  
AACACAAATCTTTTATGAGTCACCGTTTCGAGTCTCTGATACGCTAAAAC  
ACATGAAAGAGATTTACGGAGATCGCCAAGTTGTTTAGTACGCGAATTG  
ACGAAaCTCTATGAAGAGTATCAAAGAGGAACCATTAGTCAACTTTTAGG  
GCATATTGAAAAAGTCCCTCTCAAAGGTGAATGCTTAATTATTGTTGATG  
GTAAGAGAGATACCGAGCGAGTGAAGACAGTAGCCAACAAGATCCACTA  
GTATTAGTAA

SEQ ID NO. 7403

STRAIN A909

AGTTCAAAAAAGTTTTAAATCAAATATACATTACGGAACACTCTATCTAG  
TCCCAACTCCAATTGGTAATCTAGATGATATGACTTTTCGTGCCATTAGG  
ATTTTAAGAGAAGTTGATTTTATTTGTGCAGAGGATACACGAAATACGGG  
ACTTTTACTCAAGCACTTTGATATTACTACTAAACAAATTAGTTTTCACG  
AACACAATGCTTACGATAAAATCTCTGGGTAAATTGATTTGTTAAAAGAA  
GGGAAATCTTTAGCCCAAGTATCTGATGCAGGAATGCCCTCTATTTCTGA  
CCCAGGACATGACCTTGTCAAGGCTGCTATTGAAGGGGATATCCAGTTG  
TATCTATACCAGGAGCTAGCGCTGGTATTACTGCTCTCATCGCTTCAGGT  
TTAGCTCCACAACCTCATATTTTTTATGGCTTCTTACCACGTAAGAAAGG  
TCAACAAATAACTTTCTTTgAAACAAAGCAAGATTACCCTGAAACACAAA  
TCTTTTATGAGTCACCGTTTCGAGTCTCTGATACGCTAAAACACATGAAA  
GAGATTACGGAGATCGCCAAGTTGTTTATGACGCGAATTGACGAAACT  
CTATGAAGAGTATCAAAGAGGAACCATTAGTCAACTTTAGAGCATATTG  
AAAAGTCCCTCTCAAAGGTGAATGCTTAATTATTGTTGATGGTAAGAGA  
GATACCGAGCGAGTGAAGACAGTAGCCAACAAGATCCACTAGTATTAGT  
AA

SEQ ID NO. 7404

STRAIN H36B

GAAATGCAAGTTCAAAAAGTTTTAAATCAAATACACATT  
ACGGGACACTCTATCTAGTCCCAACTCCAATTGGTAATCTAGATGATATG  
ACTTTTCGTGCCATTAGGATTTTAAGAgAAGTTGATTTTATTTGTGCAGA  
GGATACACGAAATACGGGACTTTTACTCAAGCACTTTGATATTACTACTA  
AACAAATTAGTTTTACGAACACAATGCTTATGATAAAATCTCTGGGTAA  
ATTGATTTGTTAAAAGAAGGGAGATCTTTAGCCCAAGTATCTGATGCAGG  
AATGCCCTCTATTTCTGACCCAGGACATGACCTTGTCAAGGCTGCTATTG  
AAGGGGATATCCCGGTCTGATCTATACCAGGAGCTAGCGCTGGTATTACT  
GCTCTCATCGCTTCAGGTTTAGCTCCACAACCTCATATTTTTTATGGCTT  
CTTACCGCTGAAGCAAGGTCAACAAATAACTTTTTTTGAAACAAAGAAAG  
ATTACCCGTAAACACAAATCTTTTATGAGTCACCGTTTCGAGTCTCTGAT  
ACGCTAAAACACATGAAAGAGATTTATGGAGATCGCCAAGTTGTTTATG  
ACGCGAATTGACGAAACTCTATGAAGAGTATCAAAGAGGAACCATTAGTC  
AACTTTTAGGGCATATTGAAAAGGTCCCTCTCAAAGGTGAATGCTTAATT  
ATTGTTGATGGTAAGAGAGATACTGAGCGAGTGAAGACAGTAGCCAACA  
AGATCCACTAGTATTAGTAA

SEQ ID NO. 7405

STRAIN 18RS21

GAAATGCAAGTTCAAAAAGTTTTAAATCAAATATACATT  
ACGGAACACTCTATCTAGTCCCAACTCCAATTGGTAATCTAgATGATATG

## SEQUENCE LISTING

ACTTTTCGTGCCATTAGGATTTTAAAGAGAAGTTGATTTTATTTGTGCAGA  
 GgATACACGAAATACGGGACTTTTACTCAAGCACTTTGATATTACTACTA  
 AACAAATTAGTTTTTACGAACACAATGCTTACGATAAAATCTCTGGGTAA  
 ATTGATTTGTTAAAGAAGGGAAATCTTTAGCCCAAGTATCTGATGCAGG  
 AATGCCCTCTATTTCTGACCCAGGACATGACCTTGTCAAGGCTGCTATTG  
 AAGGGGATATCCCGATTGTATCTATACCAGGAGCTAGCGCTGGTATTACT  
 GCTCTCATCGCTTCAGGTTTAGCTCCACAACCTCATATTTTTTATGGCTT  
 CTTACCACGTAAGAAAGGTCAACAAATAACTTTCTTTGAAACAAAGCAAG  
 ATTACCCTGAAACACAAATCTTTTATGAGTCACCGTTTCGAGTCTCTGAT  
 ACGCTAAAACACATGAAAGAGATTTACGGAGATCGCCAAGTTGTTTAGT  
 ACGCGAATTGACGAAACTCTATGAAGAGTATCAAAGAGGAACCATTAGTC  
 AACTTTTAGAGCATATTGAAAAGGTCCCTCTCAAAGGTGAATGCTTAATT  
 ATTTGTTGATGGTAAGAGAGATACCGAGCGAGTGAAGACAGTAGCCAACA  
 AGATCCACTAGTATTAGTAA

## SEQ ID NO. 7406

STRAIN M732

GAAATGCAAGTTCAAAAAGTTTTAAATCAAAT  
 ATACATTACGGAACACTCTATCTAGTCCCAACTCCAATTGGTAATCTAGA  
 TGATATGACTTTTCGTGCCATTAGGATTTTAAAGAGAAGTTGATTTATTT  
 GTGCAGAGGATACACGAAATACGGGACTTTTACTCAAGCACTTTGATATT  
 ACTACTAAACAAATTAGTTTTTACGAACACAATGCTTACGATAAAATCTC  
 TGGGTAAATTGATTTGTTAAAGAAGGGAAATCTTTAGCCCAAGTATCTG  
 ATGCAGGAATGCCCTCTATTTCTGACCCAGGACATGACCTTGTCAAGGCT  
 GCTATTGAAGGGGATATCCAGTTGTATCTATACCAGGAGCTAGCGCTGG  
 TATTACTGCTCTCATCGCTTCAGGTTTAGCTCCACAACCTCATATTTTTT  
 ATGGCTTCTTACCACGTAAGAAAGGTCAACAAATAACTTTCTTTGAAACA  
 AAGCAAGATTACCCTGAAACACAAATCTTTTATGAGTCACCGTTTCGAGT  
 CTCTGATACGCTAAAACACATGAAAGAGATTTACGGAGATCGCCAAGTTG  
 TTTTAGTACGCGAATTGACGAAACTCTATGAAGAGTATCAAAGAGGAACC  
 ATTAGTCAACTTTTAGAGCATATTGAAAAGGTCCCTCTCAAAGGTGAATG  
 CTTAATTATTGTTGATGGTAAGAGAGATACCGAGCGAGTGAAGACAGTA  
 GCCAACAAAGATCCACTAGTATTAGTAA

## SEQ ID NO. 7407

STRAIN COH1

GAAATGCAAGTTCAAAAAGTTTTaAATCAAATATACATTAC  
 GGAACACTCTATCTAGTCCCAACTCCAATTGGTAATCTAGATGATATGAC  
 TTTTCGTGCCATTAGGATTTTAAAGAGAAGTTGATTTTATTTGTGCAGAGG  
 ATACACGAAATACGGGACTTTTACTCAAGCACTTTGATATTACTACTAAA  
 CAAATTAGTTTTTACGAACACAATGCTTACGATAAAATCTCTGGGTAAAT  
 TGATTTGTTAAAGAAGGGAAATCTTTAGCCCAAGTATCTGATGCAGGAA  
 TGCCCTCTATTTCTGACCCAGGACATGACCTTGTCAAGGCTGCTATTGAA  
 GGGGATATCCAGTTGTATCTATACCAGGAGCTAGCGCTGGTATTACTGC  
 TCTCATCGCTTCAGGTTTAGCTCCACAACCTCATATTTTTTATGGCTTCT  
 TACCACGTAAGAAAGGTCAACAAATAACTTTCTTTGAAACAAAGCAAGAT  
 TACCCTGAAACACAAATCTTTTATGAGTCACCGTTTCGAGTCTCTGATAC  
 GCTAAAACACATGAAAGAGATTTACGGAGATCGCCAAGTTGTTTAGTAC  
 GCGAATTGACGAAACTCTATGAAGAGTATCAAAGAGGAACCATTAGTCAA  
 CTTTTAGAGCATATTGAAAAGGTCCCTCTCAAAGGTGAATGCTTAATTAT  
 TGTTGATGGTAAGAGAGATACCGAGCGAGTGAAGACAGTAGCCAACAAG  
 ATCCACTAGTATTAGTAA

## SEQ ID NO. 7408

STRAIN M781

AAATGCAAGTTCAAAAAGTTTTAAATCAAATATACATTACGGAACACTC  
 TATCTAGTCCCAACTCCAATTGGTAATCTAGATGATATGACTTTTCGTGC  
 CATTAGGATTTTAAAGAGAAGTTGATTTTATTTGTGCAGAGGATACACGAA  
 ATACGGGACTTTTACTCAAGCACTTTGATATTACTACTAAACAAATTAGT  
 TTTACGAACACAATGCTTACGATAAAATCTCTGGGTAAATTGATTTGTT  
 AAAAGAAGGGAAATCTTTAGCCCAAGTATCTGATGCAGGAATGCCCTCTA  
 TTTCTGACCCAGGACATGACCTTGTCAAGGCTGCTATTGAAGGGGATATC  
 CCAGTTGTATCTATACCAGGAGCTAGCGCTGGTATTACTGCTCTCATCGC  
 TTCAGGTTTAGCTCCACAACCTCATATTTTTTATGGCTTCTTACCACGTA

## SEQUENCE LISTING

AGAAAGGTCAACAAATAACTTTCTTTGAAACAAAGCAAGATTACCCGTGAA  
 ACACAAATCTTTTATGAGTCACCGTTTCGAGTcTcTGATACGCTAAAACA  
 CATGAAAGAGATTTACGGAGATCGCCAAGTTGTTTTAGTACGCGAATTGA  
 CGAAACTCTATGAAGAGTATCAAAGAGGAACCATTAGTCAACTTTTAGAG  
 CATATTGAAAAGGTCCCTCTCAAAGGTGAATGCTTAATTATTGTTGATGG  
 TAAGAGAGATACCGAGCGAGTGAAAGACAGTAGCCAACAAGATCCACTAG  
 TATTAGTAA

A

## SEQ ID NO. 7409

STRAIN CJB110

GAAATGCAAGTTCAAAAAGTTTTAAATCAAATACACATTACGGGACAC  
 TCTATCTAGTCCCAACTCCAATTGGTAATCTAGATGATATGACTTTTCGT  
 GCCATTAGGATTTTAAAGAGAAGTTGATTTTATTTGTGCAGAGGATACACG  
 AAATACGGGACTTTTACTCAAGCACTTTGATATTACTACTAAACAAATTA  
 GTTTTCACGAACACAATGCTTACGATAAAATCTCTGGGTTAATTGATTTG  
 TTAAAGAAGGGAGATCTTTAGCCCAAGTATCTGATGCAGGAATGCCCTC  
 TATTTCTGACCCAGGACATGACCTTGTCAAGGCTGCTATTGAAGGGGGGA  
 TCCCGGTCGTATCTATACCAGGAGCTAGCGCTGGTATTACTGCTCTCATC  
 GCTTCAGGTTTAGCTCCACAACCTCATATTTTTTATGGCTTCTTACCGCG  
 TAAGAAAGGTCAACAAATAACTTTtTTTGAACAAAGAAAGATTACCCGTG  
 AAACACAAATCTtTTATGAGTCACCGtTTcGAGTCTCTGATACGCTAAAA  
 CACATGAAAGAGATTTACGGAGATCGCCAAGTTGTTTTAGTACGCGAATT  
 GACGAAACTCTATGAAGAGTATCAAAGAGGAACCATTAGTCAACTTTTAG  
 GGCATATTGAAAAGTCCCTCTCAAAGGTGAATGCTTAATTATTGTTGAT  
 GGTAAGAGAGATACCGAGCGAGTGAAAGACAGTAGCCAACAAGATCCACT  
 AGTATTAGTAA

## SEQ ID NO. 7410

STRAIN 1169NT

TGCAAGTTCAAAAAGTTTTAAATCAAATACACATTATGGGACACTCTAT  
 CTAGTCCCAACTCCAATTGGTAATCTAGATGATATGACTTTTCGTGCCAT  
 TAGGATTTTAAAGaAAGTTGaTTTTATTTGTGCAGAGGATACACGAAATA  
 CGGGACTTTTACTCAAGCACTTTGATaTTACTACTAAACAAATTAGtTTT  
 cACGAACACAATGCTTACGATAAAATCTCTGGGTTAATTGATTtGTTAAA  
 AGAAGGGAAATCTTTAGCCCAAGTATCTGATGCAGGAATGCCCTCTATTT  
 CTGACCCAGGACATGACCTTGTCAAGGCTGCTATTGAAGGGGATATCCCA  
 GTTGATCTATACCAGGAGCTAGCGCTGGTATTACTGCTCTCATCGCTTC  
 AGGTTTAGCTCCACAACCTCATATTTTTTATGGCTTCTTACCACGTAAGA  
 AAGGTCAACAAATAACTTTTTTTGAAACAAAGCAAGATTATCCTGAAACA  
 CAAATCTTTTATGAGTCACCGtTTcGAGTCTCTGATACGCTAAAAACAT  
 GAAAGAGATTTACGGAGATCGCCAAGTTGTTTTAGTACGCGAATTGACgA  
 AACTCTATGAAGAGTATCAAAGAGGAACCATTaGTCAACTTTTAGAGCAT  
 ATTGAAAAGGTCCCTCTCAAAGGTGAATGCTTAATTATTGtTGATGGTAA  
 GAGAGAtaCCGAGCGAGTGAAAGACAGTAGCCAACAAGATCCACTAGTAT  
 TAGTAA

## SEQ ID NO. 7411

STRAIN JM9130013

GAAATGCAAGTTCAAAAAGTTTTAAATCAAATACACATTACGGGA  
 CACTCTATCTAGTCCCAACTCCAATTGGTAATCTAgATGATATGACTTTT  
 CGTGCCATTAGGATTTTAAAGAGAAGTTGATTTTATTTGTGCAGAGGATAC  
 ACGAAATACGGGACTTTTACTCAAGCACTTTGATATTACTACTAAACAAA  
 TTAGTTTTTCACGAACACAATGCTTATGATAAAATCTCTGGGTTAATTGAT  
 TTGTTAAAAGAAGGGAGATCTTTAGCCCAAGTATCTGATGCAGGAATGCC  
 CTCTATTTCTGACCCAGGACATGACCTTGTCAAGGCTGCTATTGAAGGGG  
 ATATCCCGGTCGTATCTATACCAGGAGCTAGCGCTGGTATTACTGCTCTC  
 ATCGCTTCAGGTTTAGCTCCACAACCTCATATTTTTTATGGCTTCTTACC  
 GCGTAAGCAAGGTCAACAAATAACTTTTTTTGAAACAAAGAAAGATTACC  
 CTGAAACACAAATCTTTTATGAGTCACCGTTTCGAGTCTCTGATACGCTA  
 AAACACATGAAAGAGATTTATGGAGATCGCCAAGTTGTTTTAGTACGCGA  
 ATTGACGAAACTCTATGAAGAGTATCAAaGAGGAACCATTAGTCAACTTT  
 TAGGGCATATTGaAAAGGTCCCTCTCAAAGGTGAATGCTTAATTATTGTT  
 GATGGTAAGAGAGATACTGAGCGAGTGAAAGACAGTAGCCAACAAGATCC

## SEQUENCE LISTING

AGTAGTATTAGTAA

## SEQ ID NO. 7412

STRAIN 2603 frame: 1

MEMQVQKSFKSNIHYGTLYLVPTPIGNLDDMTFRAIRILREVDFICAEDTRNTGLLLKHFD  
DITTKQISFHEHNAYDKISGLIDLLKEGKSLAQVSDAGMPSSISDPGHDLVKAIEGDIPV  
VSIPGASAGITALIASGLAPQPHIFYGFLPRKKGQQTFFETKQDYPETQIFYESPFRVS  
DTLKHMKIYGDQVVLVRELTKLYEYQRTISQLEHIEKVPLKGECLIIVDGKRDT  
RVKSSQQDPLVLVKEYIANGDKTNQAIKKVAKEFNLNRQELYASFHDL

## SEQ ID NO. 7413

STRAIN 090 frame: 1

EMQVQKSFKSNTHYGTLYLVPTPIGNLDDMTFRAIRILREVDFICAEDTRNTGLLLKHFD  
ITTKQISFHEHNAYDKISGLIDLLKEGRSLAQVSDAGMPSSISDPGHDLVKAIEGGIPV  
SIPGASAGITALIASGLAPQPHIFYGFLPRKKGQQTFFETKKDYPETQIFYESPFRVSD  
TLKHMKIYGDQVVLVRELTKLYEYQRTISQLLGHIEKVPLKGECLIIVDGKRDT  
VKDSSQQDPLVLV

## SEQ ID NO. 7414

STRAIN A909 frame: 2

VQKSFKSNIHYGTLYLVPTPIGNLDDMTFRAIRILREVDFICAEDTRNTGLLLKHFDIT  
KQISFHEHNAYDKISGLIDLLKEGKSLAQVSDAGMPSSISDPGHDLVKAIEGDIPVVSIP  
GASAGITALIASGLAPQPHIFYGFLPRKKGQQTFFETKQDYPETQIFYESPFRVS<sup>6</sup>TLK  
HMKEIYGDQVVLVRELTKLYEYQRTISQLEHIEKVPLKGECLIIVDGKRDT<sup>7</sup>ERVK  
SSQQDPLVLV

## SEQ ID NO. 7415

STRAIN H36B frame: 1

EMQVQKSFKSNTHYGTLYLVPTPIGNLDDMTFRAIRILREVDFICAEDTRNTGLLLKHFD  
ITTKQISFHEHNAYDKISGLIDLLKEGRSLAQVSDAGMPSSISDPGHDLVKAIEGDIPV  
SIPGASAGITALIASGLAPQPHIFYGFLPRKKGQQTFFETKKDYPETQIFYESPFRVSD  
TLKHMKIYGDQVVLVRELTKLYEYQRTISQLLGHIEKVPLKGECLIIVDGKRDT  
VKDSSQQDPLVLV

## SEQ ID NO. 7416

STRAIN 18RS21 frame: 1

EMQVQKSFKSNIHYGTLYLVPTPIGNLDDMTFRAIRILREVDFICAEDTRNTGLLLKHFD  
ITTKQISFHEHNAYDKISGLIDLLKEGKSLAQVSDAGMPSSISDPGHDLVKAIEGDIPV  
SIPGASAGITALIASGLAPQPHIFYGFLPRKKGQQTFFETKQDYPETQIFYESPFRVSD  
TLKHMKIYGDQVVLVRELTKLYEYQRTISQLEHIEKVPLKGECLIIVDGKRDT  
VKDSSQQDPLVLV

## SEQ ID NO. 7417

STRAIN M732 frame: 1

EMQVQKSFKSNIHYGTLYLVPTPIGNLDDMTFRAIRILREVDFICAEDTRNTGLLLKHFD  
ITTKQISFHEHNAYDKISGLIDLLKEGKSLAQVSDAGMPSSISDPGHDLVKAIEGDIPV  
SIPGASAGITALIASGLAPQPHIFYGFLPRKKGQQTFFETKQDYPETQIFYESPFRVSD  
TLKHMKIYGDQVVLVRELTKLYEYQRTISQLEHIEKVPLKGECLIIVDGKRDT  
VKDSSQQDPLVLV

## SEQ ID NO. 7418

STRAIN COH1 frame: 1

EMQVQKSFKSNIHYGTLYLVPTPIGNLDDMTFRAIRILREVDFICAEDTRNTGLLLKHFD  
ITTKQISFHEHNAYDKISGLIDLLKEGKSLAQVSDAGMPSSISDPGHDLVKAIEGDIPV  
SIPGASAGITALIASGLAPQPHIFYGFLPRKKGQQTFFETKQDYPETQIFYESPFRVSD  
TLKHMKIYGDQVVLVRELTKLYEYQRTISQLEHIEKVPLKGECLIIVDGKRDT  
VKDSSQQDPLVLV

## SEQ ID NO. 7419

STRAIN M781 frame: 3

MQVQKSFKSNIHYGTLYLVPTPIGNLDDMTFRAIRILREVDFICAEDTRNTGLLLKHFDI  
TTKQISFHEHNAYDKISGLIDLLKEGKSLAQVSDAGMPSSISDPGHDLVKAIEGDIPV  
IPGASAGITALIASGLAPQPHIFYGFLPRKKGQQTFFETKQDYPETQIFYESPFRVSD  
LKHMKIYGDQVVLVRELTKLYEYQRTISQLEHIEKVPLKGECLIIVDGKRDT  
ERV



## SEQUENCE LISTING

KDSSQQDPLVLV

## SEQ ID NO. 7420

STRAIN CJB110 frame: 1

EMQVQKSFKNTHYGLYLVPPTIGNLDDMTFRAIRILREVDFICAEDTRNTGLLLKHFDT  
ITTKQISFHEHNAYDKISGLIDLKKEGRSLAQVSDAGMPSISDPGHDLVKAAIEGGIPVV  
SIPGASAGITALIASGLAPQPHIFYGFLPRKKGQQITFFETKKDYPETQIFYESPFRVSD  
TLKHMKEIYGDRQVVLVRELTKLYEYQRTISQLLGHIEKVPLKGECLIIVDGKRDTTER  
VKDSSQQDPLVLV

## SEQ ID NO. 7421

STRAIN 1169NT frame: 3

QVQKSFKNTHYGLYLVPPTIGNLDDMTFRAIRILREVDFICAEDTRNTGLLLKHFDT  
TKQISFHEHNAYDKISGLIDLKKEGRSLAQVSDAGMPSISDPGHDLVKAAIEGGIPVVS  
IPGASAGITALIASGLAPQPHIFYGFLPRKKGQQITFFETKKDYPETQIFYESPFRVSDTL  
KHMKEIYGDRQVVLVRELTKLYEYQRTISQLLGHIEKVPLKGECLIIVDGKRDTTERVK  
DSSQQDPLVLV

## SEQ ID NO. 7422

STRAIN JM9130013 frame: 1

EMQVQKSFKNTHYGLYLVPPTIGNLDDMTFRAIRILREVDFICAEDTRNTGLLLKHFDT  
ITTKQISFHEHNAYDKISGLIDLKKEGRSLAQVSDAGMPSISDPGHDLVKAAIEGGIPVV  
SIPGASAGITALIASGLAPQPHIFYGFLPRKKGQQITFFETKKDYPETQIFYESPFRVSD  
TLKHMKEIYGDRQVVLVRELTKLYEYQRTISQLLGHIEKVPLKGECLIIVDGKRDTTER  
VKDSSQQDPLVLV

## SEQ ID NO. 7501

STRAIN 2603

ATGAGCGTATATGTTAGTGGAATAGGAATTATT  
TCTTCTTTGGGAAAGAATTATAGCGAGCATAAACAGCATCTCTTCGACTTAAAAGAAGGA  
ATTTCTAAACATTTATATAAAATCAGACTCTATTTAGAACTTATACAGGAAGCATA  
ACTAGTGACCCAGAGGTTCTTGAGCAATACAAAGATGAGACACGTAATTTTAAATTTGCT  
TTTACCGCTTTTGAAGAGGCTCTTGCTTCTTCAGGTGTTAATTTAAAGCTTATCATAAT  
ATTGCTGTGTGTTTGGGACCTCACTTGGGGGAAAGAGTGCTGGTCAAAATGCCTTGAT  
CAATTTGAAGAAGGAGAGCGTCAAGTAGATGCTAGTTTATTAGAAAAAGCATCTGTTTAC  
CATATTGCTGATGAATTGATGGCTTATCATGATATTGTGGGAGCTTCGTATGTTATTTCA  
ACCGCTGTCTGCAAGTAATAATGCCGTAATATTAGGAACACAATTACTTCAAGATGGC  
GATTGTGATTTAGCTATTGTGGTGGCTGTGATGAGTTAAGTGATATTTCTTTAGCAGGC  
TTCACATCACTAGGAGCTATTAATACAGAAATGGCATGTGAGCCCTATTCTTCTGAAAA  
GGAATCAATTTGGGTGAGGGCGCTGTTTGTGTTCTTGTCAAAGATCAGTCCTTAGCT  
AAATATGGAAAAATTATCGGTGGTCTTATTACTTCAGATGGTTATCATATAACAGCACCT  
AAGCCAAACAGGTGAAGGGGCGGCACAGATTGCAAAGCAGCTAGTGACTCAAGCAGGTATT  
GACTCAGTGAGATTGACTATATTAAACGGTCACGGTACAGGTACTCAAGCTAATGATAAA  
ATGGAAAAAATATGTATGGTAAGTTTTCGACAAACGACATTGATCAGCAGTACCAAG  
GGGCAACGGGTCTACTCTAGGGGCTGCAGGTATTATCGAATTGATTAATTGTTTAGCG  
GCAATAGAGGAACAGACTGTACCAGCAACTAAAAATGAGATTGGGATAGAAGGTTTCCA  
GAAAAATTTGTCTATCATCAAAAGAGAGAATACCCAATAAGAAATGCTTTAAATTTTTCG  
TTTGCTTTTGGTGGAAATAATAGTGGTGTCTTATTGTCTCTTTAGATTACCTCTAGAA  
ACATTACCTGCTAGAGAAAATCTTAAATGGCTATCTTATCATCTGTTGCTTCCATTCT  
AAGAATGAATCACTTCTATAACCTATGAAAAAGTTGCTAGTAATTTCAACGACTTTGAA  
GCATTACGCTTTAAAGGGGCTAGACCACCCAAACTGTCAACCCAGCACAATTTAGGAAA  
ATGGATGATTTTTCCAAAATGGTTGCCGTAACAACAGCTCAAGCACTAATAGAAAGCAAT  
ATTAATCTAAAAAACAAGATACTTCAAAAGTAGGAATTGTATTTACAACACTTTCTGGA  
CCAGTTGAGGTTGTTGAAGGTATTGAAAAGCAAATCACAACAGAAGGATATGCACATGTT  
TCTGCTTACAGATTCCCGTTTACAGTAATGAATGCAGCAGCTGGTATGCTTTCTATCATT  
TTTAAATAACAGGTCCTTTATCTGTCTATTCGACAAATAGTGGAGCGCTTGATGGTATA  
CAATATGCCAAGGAATGATGCGTAACGATAATCTAGACTATGTGATTCTTGTTCTGCT  
AATCAGTGACAGACATGAGTTTTATGTGGTGGCAACAATTAACCTATGATAGTCAAATG  
TTTGTGCGTTCTGATTATGTTTACGACAAAGTCCTCTCTCGTCAAGCATGGGATAATTCT  
CCTATAATATTAGGTAGTAAACAATTAATATAGCCATAAAACATTACAGATGTGATG  
ACTATTTTGTAGCTGCGCTTCAAAATTTATTATCAGACTTAGGACTAACCAATAAAGAT  
ATCAAAGGTTTCTGTTGGAATGAGCGGAAGAAGGCAGTTAGTTCAAGATTATGATTTCTTA  
GCGAATCTGTCTGAGTATTATAATATGCCAAACCTTGCTTCTGGTCAGTTTGGATTTTCA  
TCTAATGGTGTGGTGAAGAACTGGACTATACTGTTAATGAAAGTATAGAAAAGGGCTAT

## SEQUENCE LISTING

TATTTAGTCCTATCTTATTTCGATCTTCGGTGGTATCTCTTTTGCTATTATTGAAAAAAGG

SEQ ID NO. 7502

STRAIN 090

ATGTTAGTGGAAATAGGAATTATTTCTTCTTTGGGAAAGaATTAT  
 AGCGAGCATAAACAGCATCTCTTCGACTTAAAAGAAGGAATTTCTAAACA  
 TTTATATAAAAATCACGACTCTATTTTAGAATCTTATACAGGAAGCATAA  
 CTAGTGACCCAGAGGTTCTTGAGCAATACAAAGATGAGACACGTAATTTT  
 AAATTTGCTTTTACCGCTTTTGAAGAGGCTCTTGCTTCTTCAGGTGTTAA  
 TTTAAAAGCTTATCATAATATTGCTGTGTGTTAGGGACCTCACTTGGGG  
 GAAAGAGTGCTGGTCAAAATGCCTTGATCAATTTGAAGAAGGAGAGCGT  
 CAAGTAGATGCTAGTTTATTAGAAAAAGCATCTGTTTACCATATTGCTGA  
 TGAATTGATGGCTTATCATGATATTGTGGGAGCTTCGTATGTTATTTCAA  
 CCGCTGTTCTGCAAGTAATAATGCCGTAATATTAGGAACACAATTACTT  
 CAAGATGGCGATTGTGATTTAGCTATTTGTGGTGGCTGTGATGAGTTAAG  
 TGATATTTCTTTAGCAGGCTTCACATCACTAGGAGCTATTAATACAGAAA  
 TGGCATGTGAGCCCTATTCTTCTGAAAAGGAATCAATTTGGGTGAGGGC  
 GCTGGTTTTGTTGTTCTTGTCAAAGATCAGTCCCTAGCTAAATATGGAAA  
 AATTATCGGTGGTCTTTATTACTTCAGATGGTTATCATATAACAGCACCTA  
 AGCCAACAGGTTGAAGGGCGGCCACAGATTGCAAAGCAGCTAGTGACTCAA  
 GCAGGTATTGACTACAGTGAGATTGACTATATTAACGGTCACGGTACAGG  
 TACTCAAGCTAATGATAAAATGGAAAAAATATGTATGGTAAGTTTTC  
 CGACAACGACATTGATCAGCAGTACCAAGGGGCAAACGGGTCACTCTA  
 GGGGCTGCAGGTATTATCGAATTGATTAATTGTTTAGCGGCAATAGAGGA  
 ACAGACTGTACCAGCACTAAAAATGAGATTGGGATAGAAGGTTTCCAG  
 AAAATTTTGTCTATCATCAAAGAGAGAATACCCAATAAGAAATGCTTTA  
 AATTTTTCGTTTGCTTTTGGTGGAAATAATAGTGGTATCTTATGTGCATC  
 TTTAGATTACCTCTAGAAACATTACCTGCTAGAGAAAATCTTAAATGG  
 CTATCTTATCATCTGTTGCTTCCATTTCTAAGAATGAATCACTTTCTATA  
 ACCTATGAAAAAGTGTCTAGTAATTTCAACGACTTTGAAGCATTACGCTT  
 TAAAGGGGCTAGACCACCCAAAACCTGTCAACCCAGCACAAATTTAGGAAA  
 TGGATGATTTTTCCAAAATGGTTGCCGTAACAACAGCTCAAGCACTAATA  
 GAAAGCAATATTAACTTAAATAAACAAGATACTTCAAAGTAGGAATTGT  
 ATTTACAACACTTTCTGGACCAGTTGAGGTTGTTGAAGGTATTGAAAAGC  
 AAATCAACAACAGAAGGATATGCACATGTTTCTGCTTCACGATTCCTGTTT  
 ACAGTAATGAATGCAGCAGCTGGTATGCTTTCTATCATTTTTAAATAAC  
 AGTCCCTTTATCTGTCTATTTCGACAAATAGTGGAGCGCTTGATGGTATAC  
 AATATGCCAAGGAATGATGCGTAACGATAATCTAGACTATGTGATTCTT  
 GTTCTGCTAATCAGTGGACAGACATGAGTTTTATGTGGTGGCAACAATT  
 AAATATGATAGTCAAATGTTTGTGCGTTCTGATTATTGTTTCAGCACAAG  
 TCCTCTCTCGTCAAGCATTGGATAATTCTCCTATAATATTAGGTAGTAAA  
 CAATTAAAATATAGCCATAAAACATTACAGATGTGATGACTATTTTGA  
 TGCTGCGCTTCAAATTTATTATCAGACTTAGGACTAACCATAAAAGATA  
 TCAAAGGTTTCGTTTGAATGAGCGGAAGAAGGCAGTTAGTTTCAGATTAT  
 GATTTCTTAGCGAAGCTTGTCTGAGTATTATAATATGCCAAACCTTGCTTC  
 TGGTCAGTTTGGATTTTCATCTAATGGTGGTGGTGAAGAACTGGACTATA  
 CTGTTAATGAAAGTATAGAAAAGGGCTATTATTTAGTCCTATCTTATTCG  
 ATCTTTGGTGGTATCTTTTGCTATTATTGAAAAAAGG

SEQ ID NO. 7503

STRAIN A909

ATGTTAGTGGAAATAGGAATTATTTCTTCTTTGGGAAAGAATT  
 ATAGCGAGCATAAACAGCATCTCTTCGACTTAAAAGAAGGAATTTCTAAA  
 CATTTATATAAAAATCACGACTCTATTTTAGAATCTTATACAGGAAGCAT  
 AACTAGTGACCCAGAGGTTCTTGAGCAATACAAAGATGAGACACGTAATT  
 TTAAATTTGCTTTTACCGCTTTTGAAGAGGCTCTTGCTTCTTCAGGTGTT  
 AATTTAAAAGCTTATCATAATATTGCTGTGTGTTAGGGACCTCACTTGG  
 GGGAAAGAGTGCTGGTCAAAATGCCTTGATCAATTTGAAGAAGGAGAGC  
 GTCAAGTAGATGCTAGTTTATTAGAAAAAGCATCTGTTTACCATATTGCT  
 GATGAATTGATGGCTTATCATGATATTGTGGGAGCTTCGTATGTTATTTT  
 AACCGCTGTTCTGCAAGTAATAATGCCGTAATATTAGGAACACAATTAC  
 TTCAAGATGGCGATTGTGATTTAGCTATTTGTGGTGGCTGTGATGAGTTA  
 AGTGATATTTCTTTAGCAGGCTTCACATCACTAGGAGCTATTAATACAGA  
 AATGGCATGTGAGCCCTATTCTTCTGAAAAGGAATCAATTTGGGTGAGG

## SEQUENCE LISTING

GCCTGGTTTTGTTGTTCTTGTCAAAGATCAGTCCTTAGCTAAATATGGA  
AAAATTATCGGTGGTCTTATTACTTCAGATGGTTATCATATAACAGCACC  
TAAGCCAACAGGTGAAGGGGCGGCACAGATTGCAAAGCAGCTAGTGACTC  
AAGCAGGTATTGACTACAGTGAGATTGACTATATTAACGGTCACGGTACA  
GGTACTCAAGCTAATGATAAAATGGAAAAAATATGTATGGTAAGTTTTT  
CCCGACAACGACATTGATCAGCAGTACCAAGGGGCAAACGGGTCATACTC  
TAGGGGCTGCAGGTATTATCGAATTGATTAATTGTTTAGCGGCAATAGAG  
GAACAGACTGTACCAGCAACTAAAAATGAGATTGGGATAGAAGGTTTTCC  
AGAAAAATTTGTCTATCATCAAAGAGAGAATACCCAATAAGAAATGCTT  
TAAATTTTTCGTTTGCTTTTGGTGGAAATAATAGTGGTGTCTTATTGTCA  
TCTTTAGATTACCTCTAGAAACATTACCTGCTAGAGAAAATCTTAAAT  
GGCTATCTTATCATCTGTTGCTTCCATTTCTAAGAATGAATCACTTCTA  
TAACCTATGAAAAAGTTGCTAGTAATTTCAACGACTTTGAAGCATTACGC  
TTTAAAGGGGCTAGACCACCCAAAACGTCAACCCAGCACAATTTAGGAA  
AATGGATGATTTTTCCAAAATGGTTGCCGTAACAACAGCTCAAGCATAA  
TAGAAAGCAATATTAATCTAAAAAACAAGATACTTCAAAGTAGGAATT  
GTATTTACAACACTTTCTGGACCAGTTGAGGTTGTTGAAGGTATTGAAAA  
GCAAATCACAACAGAAGGATATGCACATGTTTCTGCTTCAGATTCCCGT  
TTACAGTAATGAATGCAGCAGCTGGTATGCTTTCTATCATTTTTTAAATA  
ACAGGTCCTTTATCTGTCTATTTGACAAATAGTGGAGCGCTTGATGGTAT  
ACAATATGCCAAGGAATGATGCGTAACGATAATCTAGACTATGTGATTC  
TTGTTTCTGCTAATCAGTGGACAGACATGAGTTTTATGTGGTGGCAACAA  
TTAAACTATGATGATCAATGTTTGGTCTGATTATTGTTTCAGCACA  
AGTCCTCTCTCGTCAAGCATTGGATAATTCTCTATAATATTAGGTAGTA  
AACAATAAAAATATAGCCATAAAACATTACAGATGTGATGACTATTTTT  
GATGCTGCGCTTCAAATTTATTATCAGACTTAGGACTAACCATAAAGA  
TATCAAAGGTTTCGTTTGGAAATGAGCGGAAGAAGGCAGTTAGTTCAGATT  
ATGATTTCTTAGCGAACTTGTCTGAGTATTATAATATGCCAAACCTTGCT  
TCTGGTCAGTTTGGATTTTCATCTAATGGTGTGTTGAAGAACTGGACTA  
TACTGTTAATGAAAGTATAGAAAAGGGCTATTATTTAGTCTATCTTATT  
CGATCTTCGGTGGTATCTCTTTTGTCTATTATTGAAAAAGG

SEQ ID NO. 7504

STRAIN H36B

ATGTTAGTGGAATAGGAATTATTTCTCTTTGGGAAAGAATTATAGCGA  
GCATAAACAGCATCTCTTCGACTTAAAGAAGGAATTTCTAAACATTTAT  
ATAAAAATCAGCACTTATTTTGAATCTTATACAGGAAGCATAACTAGT  
GACCCAGAGGTTCTTGAGCAATACAAAGATGAGACACGTAATTTTAAATT  
TGCTTTTACCGCTTTTGAAGAGGCTCTTGCTTCTTCAGGTGTTAATTTAA  
AAGCTTATCATAATATTGCTGTGTGTTAGGGACCTCACTTGGGGGAAAG  
AGTGTGGTCAAAATGCCTTGTATCAATTTGAAGAAGGAGAGCGTCAAGT  
AGATGCTAGTTTATTAGAAAAGCATCTGTTTACCATATTGCTGATGAAT  
TGATGGCTTATCATGATATTGTGGGAGCTTCGTATGTTATTTCAACCGCC  
TGTTCTGCAAGTAATAATGCCGTAATATTAGGAACACAATTACTTCAAGA  
TGGCGATTGTGATTTAGCTATTTGTGGTGGCTGTGATGAGTTAAGTGATA  
TTTCTTTAGCAGGCTTCACATCACTAGGAGCTATTAATACAGAAATGGCA  
TGTCAGCCCTATTCTTCTGAAAAGGAATCAATTTGGGTGAGGGCGCTGG  
TTTTGTTGTTCTTGTCAAAGATCAGTCCTTAGCTAAATATGGAAAAATTA  
TCGGTGGTCTTATTACTTCAGATGGTTATCATATAACAGCACCTAAGCCA  
ACAGGTGAAGGGGCGGCACAGATTGCAAAGCAGCTAGTGACTCAAGCAGG  
TATTGACTACAGTGAGATTGACTATATTAACGGTCACGGTACAGGTACTC  
AAGCTAATGATAAAATGGAAAAAATATGTATGGTAAGTTTTTCCCGACA  
ACGACATTGATCAGCAGTACCAAGGGGCAAACGGGTCATACTCTAGGGGC  
TGCAGGTATTATCGAATTGATTAATTGTTTAGCGGCAATAGAGGAACAGA  
CTGTACCAGCAACTAAAAATGAGATTGGGATAGAAGGTTTTCCAGAAAAT  
TTTGTCTATCATCAAAGAGAGAGAATACCCAATAAGAAATGCTTTAAATTT  
TTCGTTTGCTTTTGGTGGAAATAATAGTGGTGTCTTATTGTCTATCTTTAG  
ATTCACCTCTAGAAACATTACCTGCTAGAGAAAATCTTAAATGGCTATC  
TTATCATCTGTGCTTCCATTTCTAAGAATGAATCACTTTCTATAACCTA  
TGAAAAAGTTGCTAGTAATTTCAACGACTTTGAAGCATTACGCTTTAAAG  
GGGCTAGACCACCCAAAACGTCAACCCAGCACAATTTAGGAAAATGGAT  
GATTTTTCCAAAATGGTTGCCGTAACAACAGCTCAAGCATAATAGAAAG  
CAATATTAATCTAAAAAACAAGATACTTCAAAGTAGGAATTGTATTTA  
CAACACTTTCTGGACCAGTTGAGGTTGTTGAAGGTATTGAAAAGCAAATC

## SEQUENCE LISTING

ACAACAGAAGGATATGCACATGTTTCTGCTTCACGATTCCCGTTTACAGT  
AATGAATGCAGCAGCTGGTATGCTTCTATCATTTTTTAAATAACAGGTC  
CTTTATCTGTCAATTCGACAAATAGTGGAGCGCTTGATGGTATACAATAT  
GCCAAGGAAATGATGCGTAACGATAATCTAGACTATGTGATTCTTGTTC  
TGCTAATCAGTGGACAGACATGAGTTTTATGTGGTGGCAACAATTAACT  
ATGATAGTCAAATGTTTGTGCGTTCTGATTATTGTTTCAGCACAAAGTCCTC  
TCTCGTCAAGCATTGGATAATTCTCTATAATATTAGGTAGTAAACAATT  
AAAATATAGCCATAAAACATTACAGATGTGATGACTATTTTTGATGCTG  
CGCTTCAAATTTATATCAGACTTAGGACTAACCATAAAAGATATCAAA  
GGTTTCGTTTGGAAATGAGCGGAAGAAGGCAGTTAGTTCAGATTATGATTT  
CTTAGCGAACTTGTCTGAGTATTATAATATGCCAAACCTTGCTTCTGGTC  
AGTTTGGATTTTCATCTAATGGTGTGGTGAAGAACTGGACTATACTGTT  
AATGAAAGTATAGAAAAGGGCTATTATTAGTCCTATCTTATTCGATCTT  
CGGTGGTATCTCTTTTGCTATTATTGAAAAAAGG

SEQ ID NO. 7505

STRAIN 18RS21

ATGTTAGTGGAAATAGGAATTATTTCTTCTTTGGGAAAGAATTATAGC  
GAGCATAAACAGCATCTCTTCGACTTAAAGAAGGAATTTCTAAACATTT  
ATATAAAAATCAGCACTCTATTTTAGAATCTTATACAGGAAGCATAACTA  
GTGACCCAGAGGTTCTTGAGCAATACAAAGATGAGACACGTAATTTTAAA  
TTTGCTTTTACCGCTTTTGAAGAGGCTCTTGCTTCTTCAGGTGTTAATTT  
AAAAGCTTATCATATATTGCTGTGTGTTTAGGGACCTCACTTGGGGGAA  
AGAGTGTGGTCAAAATGCCTTGTATCAATTTGAAGAAGGAGAGCGTCAA  
GTAGATGCTAGTTTATTAGAAAAAGCATCTGTTTACCATATTGCTGATGA  
ATTGATGGCTTATCATGATATTGTGGGAGCTTCGTATGTTATTTCAACCG  
CCTGTTCTGCAAGTAATAATGCCGTAATATTAGGAACACAATTACTTCAA  
GATGGCGATTGTGATTAGCTATTGTGGTGGCTGTGATGAGTTAAGTGA  
TATTTCTTTAGCAGGCTTCACATCACTAGGAGCTATTAAACAGAAATGG  
CATGTACGCCCTATTCTTCTGAAAAGGAATCAATTTGGGTGAGGGCGCT  
GGTTTTGTGTTCTTGTCAAAGATCAGTCCTTAGCTAAATATGGAATAAT  
TATCGGTGGTCTTATTACTTCAGATGGTTATCATATAACAGCACCTAAGC  
CAACAGGTGAAGGGGCGGCACAGATTGCAAAGCAGCTAGTGACTCAAGCA  
GGTATTGACTACAGTGAGATTGACTATATTAACGGTCACGGTACAGGTAC  
TCAAGCTAATGATAAAATGGAAAAAATATGTATGGTAAGTTTTTCCCGA  
CAACGACATTGATCAGCAGTACCAAGGGGCAAACGGGTCATACTCTAGGG  
GCTGCAGGTATTGATTAATGATTAAATGTTTAGCGGCAATAGAGGAACA  
GACTGTACCAGCACTAAAAATGAGATTGGGATAGAAGGTTTTCCAGAAA  
ATTTTGTCTATCATCAAAGAGAGAATACCCAATAAGAAATGCTTTAAAT  
TTTTCGTTTGCTTTTGTGGAAATAATAGTGGTGTCTTATTGTCTCTTT  
AGATTACCTCTAGAAAACATTACCTGCTAGAGAAAATCTTAAATGGCTA  
TCTTATCATCTGTTTGTCTTCCATTTCTAAGAATGAATCACTTTCTATAACC  
TATGAAAAAGTTGCTAGTAATTTCAACGACTTTGAAGCATTACGCTTTAA  
AGGGGCTAGACCACCCAAAACCTGTCAACCCAGCACAAATTAGGAAAATGG  
ATGATTTTCCAAAATGGTTGCCGTAAACAGCTCAAGCACTAATAGAA  
AGCAATATTAATCTAAAAAACAAGATACTTCAAAGTAGGAATTGTATT  
TACAACACTTTCTGGACCAGTTGAGGTTGTTGAAGGTATTGAAAAGCAAA  
TCACAACAGAAGGATATGCACATGTTTCTGCTTCACGATTCCCGTTTACA  
GTAATGAATGCAGCAGCTGGTATGCTTCTATCATTTTTTAAATAACAGG  
TCCTTTATCTGTCAATTCGACAAATAGTGGAGCGCTTGATGGTATACAAT  
ATGCCAAGGAAATGATGCGTAACGATAATCTAGACTATGTGATTCTTGT  
TCTGCTAATCAGTGGACAGACATGAGTTTTATGTGGTGGCAACAATTAAA  
CTATGATAGTCAAATGTTTGTGCGTTCTGATTATTGTTTCAGCACAAAGTCC  
TCTCTCGTCAAGCATTGGATAATTCTCTATAATATTAGGTAGTAAACAA  
TTAAATATAGCCATAAAACATTACAGATGTGATGACTATTTTTGATGC  
TGCGCTTCAAATTTTATATCAGACTTAGGACTAACCATAAAAGATATCA  
AAGGTTTCGTTTGGAAATGAGCGGAAGAAGGCAGTTAGTTCAGATTATGAT  
TTCTTAGCGAACTTGTCTGAGTATTATAATATGCCAAACCTTGCTTCTGG  
TCAGTTTGGATTTTCATCTAATGGTGTGGTGAAGAACTGGACTATACTG  
TTAATGAAAGTATAGAAAAGGGCTATTATTAGTCCTATCTTATTCGATC  
TTGCGTGGTATCTCTTTTGCTATTATTGAAAAAAGG

SEQ ID NO. 7506

STRAIN M732

## SEQUENCE LISTING

ATGTTAGTGGAAATAGGAATTATTTCTTCTTTGGGAAAGAATTATAG  
CGAGCATAAACAGCATCTCTTCGACTTAAAAGAAGGAATTTCTAAACATT  
TATATAAAAATCAGCACTCTATTTTGAATCTTATACAGGAAGCATAACT  
AGTGACCCAGAGGTTCTTGAGCAATACAAAGATGAGACACGTAATTTTAA  
ATTTGCTTTTACCCTTTTGAAGAGGCTCTTGCTTCTTCAGGTGTTAATT  
TAAAAGCTTATCATAATATTGCTGTGTGTTTAGGGACCTCACTTGGGGGA  
AAGAGTGCTGGTCAAATGCCTTGTATCAATTTGAAGAAGGAGAGCGTCA  
AGTAGATGCTAGTTTATTAGAAAAGCATCTGTTTACCATATTGCTGATG  
AATTGATGGCTTATCATGATATTGTGGGAGCTTCGTATGTTATTCAACC  
GCCTGTTCTGCAAGTAATAATGCCGTAATATTAGGAACACAATTACTTCA  
AGATGGCGATTGTGATTTAGCTATTTGTGGTGGCTGTGATGAGTTAAGTG  
ATATTTCTTTAGCAGGCTTCACATCACTAGGAGCTATTAATACAGAAATG  
GCATGTGAGCCCTATTCTTCTGAAAAGGAATCAATTTGGGTGAGGGCGC  
TGGTTTTGTTGTTCTTGTCAAAGATCAGTCCTTAGCTAAATATGGAAAA  
TTATCGGTGGTCTTATTACTTCAGATGGTTATCATATAACAGCACCTAAG  
CCAACAGGTGAAGGGCGGCACAGATTGCAAAGCAGCTAGTGACTCAAGC  
AGGTATTGACTACAGTGAGATTGACTATATTAACGGTCACGGTACAGGTA  
CTCAAGCTAATGATAAAATGGAAAAAATATGTATGGTAAGTTTTCCCG  
ACAACGACATTGATCAGCAGTACCAAGGGGCAACGGGTCACTCTAGG  
GGCTGCAGGTATTATCGAATTGATTAATTGTTTAGCGGCAATAGAGGAAC  
AGACTGTACCAGCACTAAAAATGAGATTGGGATAGAAGTTTTCCAGAA  
AATTTTGTCTATCATCAAAGAGAGAATACCCAATAAGAAATGCTTTAAA  
TTTTTCGTTTGTCTTTGGTGGAAATAATAGTGGTGTCTTATTGTCTCTT  
TAGATTCACCTCTAGAAACATTACCTGCTAGAGAAAATCTTAAATGGCT  
ATCTTATCATCTGTGCTTCCATTCTAAGAATGAATCACTTTCTATAAC  
CTATGAAAAGTTGCTAGTAATTTCAACGACTTTGAAGCATTACGCTTTA  
AAGGGGCTAGACCACCCAAACTGTCAACCCAGCAATTTAGGAAAATG  
GATGATTTTTCCAAAATGGTTGCCGTAACAACAGCTCAAGCACTAATAGA  
AAGCAATATTAATCTAAAAAACAAGATACTTCAAAGTAGGAATTGTAT  
TTACAACACTTTCTGGACAGTTGAGGTTGTTGAAGGTATTGAAAAGCAA  
ATCACAACAGAAGGATATGCACATGTTTCTGCTTCAGGATTCCTGTTTAC  
AGTAATGAATGCAGCAGCTGGTATGCTTTCTATCATTTTTAAATAACAG  
GTCTTTTATCTGCTATTTCGACAAATAGTGGAGCGCTTGATGGTATACAA  
TATGCCAAGGAATGATGCGTAACGATAATCTAGACTATGTGATCTTGT  
TTCTGCTAATCAGTGGACAGACATGAGTTTTATGTGGTGGCAACAATTAA  
ACTATGATAGTCAAAATGTTTGTGCTTCTGATTATTGTTTCAAGCACAAGTC  
CTCTCTCGTCAAGCATTGGATAATTCTCCTATAATATTAGGTAGTAAACA  
ATTAATAATATAGCCATAAAACATTACAGATGTGATGACTATTTTGTATG  
CTGCGCTTCAAATTTATTATCAGACTTAGGACTAACCATAAAAGATATC  
AAAGGTTTCGTTTGAATGAGCGGAAGAAGGCAGTTAGTTTCAAGATTATGA  
TTTCTTAGCGAATTTGTCTGAGTATTATAATATGCCAAACCTTGCTTCTG  
GTCAGTTTGGATTTTCTATCTAATGGTGTGTTGAAGAAGTGGACTATaCT  
GTTAATGAAAGTATAGAAAAGGGCTATTATTTAGTCCTATTATTTCGAT  
CTTCGGTGGTATCTCTTTGCTATTATTGAAAAAAGG

## SEQ ID NO. 7507

## STRAIN COH1

ATGTTAGTGGAAATAGGAATTATTTCTTCTTTGGGAAAGAATTATAGC  
GAGCATAAACAGCATCTCTTCGACTTAAAAGAAGGAATTTCTAAACATTT  
ATATAAAAATCAGCACTCTATTTTGAATCTTATACAGGAAGCATAACTA  
GTGACCCAGAGGTTCTTGAGCAATACAAAGATGAGACACGTAATTTTAA  
TTTTGCTTTTACCCTTTTGAAGAGGCTCTTGCTTCTTCAGGTGTTAATTT  
AAAAGCTTATCATAATATTGCTGTGTGTTTAGGGACCTCACTTGGGGGAA  
AGAGTGCTGGTCAAATGCCTTGTATCAATTTGAAGAAGGAGAGCGTCAA  
GTAGATGCTAGTTTATTAGAAAAGCATCTGTTTACCATATTGCTGATGA  
ATTGATGGCTTATCATGATATTGTGGGAGCTTCGTATGTTATTTCAACCG  
CCTGTTCTGCAAGTAATAATGCCGTAATATTAGGAACACAATTACTTCAA  
GATGGCGATTGTGATTTAGCTATTTGTGGTGGCTGTGATGAGTTAAGTGA  
TATTTCTTTAGCAGGCTTCACATCACTAGGAGCTATTAATACAGAAATGG  
CATGTGAGCCCTATTCTTCTGAAAAGGAATCAATTTGGGTGAGGGCGCT  
GGTTTGTGTTCTTCTTGTCAAAGATCAGTCCTTAGCTAAATATGAAAAAT  
TATCGGTGGTCTTATTACTTCAGATGGTTATCATATAACAGCACCTAAGC  
CAACAGGTGAAGGGGCGGCACAGATTGCAAAGCAGCTAGTGACTCAAGCA  
GGTATTGACTACAGTGAGATTGACTATATTAACGGTCACGGTACAGGTAC

## SEQUENCE LISTING

TCAAGCTAATGATAAAATGGAAAAAATATGTATGGTAAGTTTTCCCGA  
 CAACGACATTGATCAGCAGTACCAAGGGGCAAACGGGTCATACTCTAGGG  
 GCTGCAGGTATTATCGAATTGATTAATTGTTTAGCGGCAATAGAGGAACA  
 GACTGTACCAGCAACTAAAAATGAGATTGGGATAGAAGGTTTTCCAGAAA  
 ATTTTGTCTATCATCAAAAGAGAGAATACCCAATAAGAAATGCTTTAAAT  
 TTTTCGTTTGGCTTTTGGTGGAAATAATAGTGGTGTCTTATTGTCATCTTT  
 AGATTACCTCTAGAAACATTACCTGCTAGAGAAAATCTTAAATGGCTA  
 TCTTATCATCTGTTGCTTCCATTTCTAAGAATGAATCACTTTCTATAACC  
 TATGAAAAAGTTGCTAGTAATTTCAACGACTTTGAAGCATTACGCTTTAA  
 AGGGGCTAGACCACCCAAAACGTGTCAACCCAGCACAATTTAGGAAAATGG  
 ATGATTTTTCCAAAATGGTTGCCGTAACAACAGCTCAAGCCTAATAGAA  
 AGCAATATTAATCTAAAAAACAAGATACTTCAAAAGTAGGAATTGTATT  
 TACAACACTTTCTGGACCAGTTGAGGTTGTTGAAGGTATTGAAAAGCAAA  
 TCACAACAGAAGGATATGCACATGTTTCTGCTTCACGATTCCCGTTTACA  
 GTAATGAATGCAGCAGCTGGTATGCTTTCTATCATTTTTTAAATAACAGG  
 TCCTTTATCTGTCTTTTCGACAAATAGTGGAGCGCTTGATGGTATACAAT  
 ATGCCAAGGAAATGATGCGTAACGATAATCTAGACTATGTGATTCTTGTT  
 TCTGCTAATCAGTGGACAGACATGAGTTTTATGTGGTGGCAACAATTAAA  
 CTATGATAGTCAAAATGTTTGTGCGTTCTGATTATTGTTTCAGCACAAGTCC  
 TCTCTCGTCAAGCATTGGATAATTCTCCTATAATATTAGGTAGTAAACAA  
 TTAAATATAGCCATAAAACATTACAGATGTGATGACTATTTTTGATGC  
 TCGCCTTCAAAATTTATTATCAGACTTAGGACTAACCATAAAAGATATCA  
 AAGGTTTCGTTTGAATGAGCGGAAGAAGGCAGTTAGTTCAGATTATGAT  
 TTCTTAGCGAACTTGTCTGAGTATTATAATATGCCAAACCTTGCTTCTGG  
 TCAGTTTGGATTTTCATCTAATGGTGTGCTGGTGAAGAACTGGACTATACTG  
 TTAATGAAAGTATAGAAAAGGGCTATTATTTAGTCTCTATCTTATTCGATC  
 TTCGGTGGTATCTTTTTGCTATTATTGAAAAAAGG

## SEQ ID NO. 7508

STRAIN M781

ATGTTAGTGGAAATAGGAATTATTTCTTCTTTGGGAAAGAATTATAGC  
 GAGCATAAACAGCATCTCTTCGACTTAAAGAAGGAATTTCTAAACATTT  
 ATATAAAAATCAGCATCTATTTTAGAATCTTATACAGGAAGCATAACTA  
 GTGACCCAGAGGTTCTTGAGCAATACAAAGATGAGACACGTAATTTTAAA  
 TTTGCTTTTACCGCTTTTGAAGAGGCTCTTGCTTCTTCAGGTGTTAATTT  
 AAAAGCTTATCTAATATTGCTGTGTGTTTAGGGACCTCACTTGGGGGAA  
 AGAGTGTGGTCAAAATGCCCTGTATCAATTTGAAGAAGGAGAGCGTCAA  
 GTAGATGCTAGTTTATTAGAAAAAGCATCTGTTTACCATATTGCTGATGA  
 ATTGATGGCTTATCATGATATTGTGGGAGCTTCGTATGTTATTTCAACCG  
 CCTGTTCTGCAAGTAATAATGCCGTAATATTAGGAACACAATTACTTCAA  
 GATGGCGATTGTGATTTAGCTATTTGTGGTGGCTGTGATGAGTTAAGTGA  
 TATTTCTTTAGCAGGCTTCACATCACTAGGAGCTATTAATACAGAAATGG  
 CATGTCAGCCCTATTCTTCTGAAAAGGAATCAATTTGGGTGAGGGCGCT  
 GGTTTGTGTTCTTGTCAAAGATCAGTCCTTAGCTAAATATGGAAAAAT  
 TATCGGTGGTCTTATTACTTCAGATGGTTATCATATAACAGCACCTAAGC  
 CAACAGGTGAAGGGGCGGCACAGATTGCAAAGCAGCTAGTGACTCAAGCA  
 GGTATTGACTACAGTGAGATTGACTATATTAAATGGTCACGGTACAGGTAC  
 TCAAGCTAATGATAAAATGGAAAAAATATGTATGGTAAGTTTTCCCGA  
 CAACGACATTGATCAGCAGTACCAAGGGGCAAACGGGTCATACTCTAGGG  
 GCTGCAGGTATTATCGAATTGATTAATTGTTTAGCGGCAATAGAGGAACA  
 GACTGTACCAGCACTAAAAATGAGATTGGGATAGAAGGTTTTCCAGAAA  
 ATTTTGTCTATCATCAAAAGAGAGAATAACCCAATAAGAAATGCTTTAAAT  
 TTTTCGTTTGGCTTTTGGTGGAAATAATAGTGGTATCTTATTGTCATCTTT  
 AGATTACCTCTAGAAACATTACCTGCTAGAGAAAATCTTAAATGGCTA  
 TCTTATCATCTGTTGCTTCCATTTCTAAGAATGAATCACTTTCTATAACC  
 TATGAAAAAGTTGCTAGTAATTTCAACGACTTTGAAGCATTACGCTTTAA  
 AGGGGCTAGACCACCCAAAACGTGTCAACCCAGCACAATTTAGGAAAATGG  
 ATGATTTTTCCAAAATGGTTGCCGTAACAACAGCTCAAGCCTAATAGAA  
 AGCAATATTAATCTAAAAAACAAGATACTTCAAAAGTAGGAATTGTATT  
 TACAACACTTTCTGGACCAGTTGAGGTTGTTGAAGGTATTGAAAAGCAAA  
 TCACAACAGAAGGATATGCACATGTTTCTGCTTCACGATTCCCGTTTACA  
 GTAATGAATGCAGCAGCTGGTATGCTTTCTATCATTTTTTAAATAACAGG  
 TCCTTTATCTGTCTTTTCGACAAATAGTGGAGCGCTTGATGGTATACAAT  
 ATGCCAAGGAAATGATGCGTAACGATAATCTAGACTATGTGATTCTTGTT

## SEQUENCE LISTING

TCTGCTAATCAGTGGACAGACATGAGTTTTATGTGGTGGCAACAATTAAA  
 CTATGATAGTCAAATGTTTGTGCGTTCTGATTATTGTTTCAGCACAAAGTCC  
 TCTCTCGTCAAGCATTGGATAATTCTCCTATAATATTAGGTAGTAAACAA  
 TTAAAATATAGCCATAAAACATTACAGATGTGATGACTATTTTGTATGC  
 TGGCGTTCAAATTTATTATCAGACTTAGGACTAACCATAAAAGATATCA  
 AAGGTTTCGTTTGAATGAGCGGAAGAAGGCAGTTAGTTTCAGATTATGAT  
 TTCTTAGCGAACTTGTCTGAGTATTATAATATGCCAAACCTTGCTTCTGG  
 TCAGTTTGGATTTTCATCTAATGGTGTGGTGAAGAACTGGACTATACTG  
 TTAATGAAAGTATAGAAAAGGGCTATTATTTAGTCCTATCTTATTCGATC  
 TTTGGTGGTATCTCTTTTGTCTATTATTGAAAAAAGG

SEQ ID NO. 7509

STRAIN CJB110

ATGTTAGTGAATAGGAATTATTTCTTCTTTGGGAAAGAATTATAGC  
 GAGCATAAACAGCATCTCTTCGACTTAAAAGAAGGAATTTCTAAACATT  
 ATATAAAAATCAGCACTCTATTTTAGAATCTTATACAGGAAGCATAACTA  
 GTGACCCAGAGTTTCTGAGCAATACAAAGATGAGACACGTAATTTTAAA  
 TTTGCTTTTACCGCTTTTGAAGAGGCTCTTGCTTCTTCAGGTGTTAATTT  
 AAAAGCTTATCATAATATTGCTGTGTGTTTAGGGACCTCACTTGGGGGAA  
 AGAGTGTGGTCAAATGCGCTTGTATCAATTTGAAGAAGGAGAGCGTCAA  
 GTAGATGCTAGTTTATTAGAAAAAGCATCTGTTTACCATATTGCTGATGA  
 ATTGATGGCTTATCATGATATTGTGGGAGCTTCGTATGTTATTTCAACCG  
 CCTGTTCTGCAAGTAATAATGCCGTAATATTAGGAACACAATTACTTCAA  
 GATGGCGATTGTGATTTAGCTATTTGTGGTGGCTGTGATGAGTTAAGTGA  
 TATTTCTTTAGCAGGCTTCACATCACTAGGAGCTATTAATACAGAAATGG  
 CATGTCAGCCCTATTCTTCTGGAAGGAATCAATTTGGGTGAGGGCGCT  
 GGTTTTGTGTTCTTGTCAAAGATCAGTCCTTAGCTAAATATGGAATAAT  
 TATCGGTGGTCTTATTACTTCAGATGGTTATCATATAACAGCACCTAAGC  
 CAACAGGTGAAGGGCGGCACAGATTGCAAAGCAGCTAGTGACTCAAGCA  
 GGTATTGACTACAGTGAGATTGACTATATTAATGGTCACGGTACAGGTAC  
 TCAAGCTAATGATAAAATGGAAAAAATATGTATGGTAAGTTTTTCCCAG  
 CAACGACATTGATCAGCAGTACCAAGGGGCAAACGGGTCACTACTAGGG  
 GCTGCAGGTATTATCGAATTGATTAATTGTTTAGCGGCAATAGAGGAACA  
 GACTGTACCAGCACTAAAAATGAGATTGGGATAGAAGGTTTTTCCAGAAA  
 ATTTTGTCTATCATCAAAGAGAGAATACCCAATAAGAAATGCTTTAAAT  
 TTTTCGTTTGCTTTTGGTGGAAATAATAGTGGTATCTTATTGTCATCTTT  
 AGATTACCTCTAGAAACATTACCTGCTAGAGAAAATCTTAAATGGCTA  
 TCTTATCATCTGTGCTTCCATTCTAAGAATGAATCACTTTCTATAACC  
 TATGAAAAAGTTGCTAGTAATTTCAACGACTTTGAAGCATTACGCTTTAA  
 AGGGGCTAGACCACCCAAAACGTCAACCCAGCACAATTTAGGAAAATGG  
 ATGATTTTTCCAAAATGGTTGCCGTAACAACAGCTCAAGCACTAATAGAA  
 AGCAATATTAATCTAAAAAACAAGATACTTCAAAAGTAGGAATTGTATT  
 TACAACACTTTCTGGACCAGTTGAGGTTGTTGAAGGTATTGAAAAGCAAA  
 TCACAACAGAAGGATATGCACATGTTTCTGCTTCACGATTCCCGTTTACA  
 GTAATGAATGCAGCAGCTGGTATGCTTTCTATCATTTTTTAAATACAGG  
 TCCTTTATCTGTCTATTTGACAAAATAGTGGAGCGCTTGATGGTATACAAT  
 ATGCCAAGGAAATGATGCGTAACGATAATCTAGACTATGTGATTCTTGTT  
 TCTGCTAATCAGTGGACAGACATGAGTTTTATGTGGTGGCAACAATTAAA  
 CTATGATAGTCAAATGTTTGTGCGTTCTGATTATTGTTTCAGCACAAAGTCC  
 TCTCTCGTCAAGCATTGGATAATTCTCCTATAATATTAGGTAGTAAACAA  
 TTAAAATATAGCCATAAAACATTACAGATGTGATGACTATTTTGTATGC  
 TGGCGTTCAAATTTATTATCAGACTTAGGACTAACCATAAAAGATATCA  
 AAGGTTTCGTTTGAATGAGCGGAAGAAGGCAGTTAGTTTCAGATTATGAT  
 TTCTTAGCGAACTTGTCTGAGTATTATAATATGCCAAACCTTGCTTCTGG  
 TCAGTTTGGATTTTCATCTAATGGTGTGGTGAAGAACTGGACTATACTG  
 TTAATGAAAGTATAGAAAAGGGCTATTATTTAGTCCTATCTTATTCGATC  
 TTTGGTGGTATCTCTTTTGTCTATTATTGAAAAAAGG

SEQ ID NO. 7510

STRAIN 1169NT

ATGTTAGTGAATAGGAATTATTTCTTCTTTGGGAAAGAATTATAG  
 CGAGCATAAACAGCATCTCTTCGACTTAAAAGAAGGAATTTCTAAACATT  
 TATATAAAAATCAGCACTCTATTTTGAATCTTATACAGGAAGCATAACT  
 AGTGACCCAGAGGTTCTGAGCAATACAAAGATGAGACACGTAATTTTAA

## SEQUENCE LISTING

ATTGCTTTTACCCTTTTGAAGAGGCTCTTGCTTCTTCAGGTGTTAATT  
TAAAAGCTTATCATAATATTGCTGTGTGTTAGGGACCTCACTTGGGGGA  
AAGAGTGCTGGTCAAATGCCCTTGATCAATTTGAAGAAGGAGAGCGTCA  
AGTAGATGCTAGTTTATTAGAAAAAGCATCTGTTTACCATATTGCTGATG  
AATTGATGGCTTATCATGATATTGTGGGAGCTTCGTATGTTATTTCAACC  
GCCTGTTCTGCAAGTAATAATGCCGTAATATTAGGAACACAATTACTTCA  
AGATGGCGATTGTGATTTAGCTATTTGTGGTGGCTGTGATGAGTTAAGTG  
ATATTTCTTTAGCAGGCTTCACATCACTAGGAGCTATTAATACAGAAATG  
GCATGTCAGCCCTATTCTTCTGGAAGGAATCAATTTGGGTGAGGGCGC  
TGGTTTGTGTTCTTGTCAAAGATCAGTCCTTAGCTAAATATGGAAAAA  
TTATCGGTGGTCTTATTACTTCAGATGGTTATCATATAACAGCACCTAAG  
CCAACAGGTGAAGGGGCGGCACAGATTGCAAAGCAGCTAGTGACTCAAGC  
AGGTATTGACTACAGTGAGATTGACTATATTAACGGTCACGGTACAGGTA  
CTCAAGCTAATGATAAAATGGAAAAAATATGTATGGTAAGTTTCCCG  
ACAACGACATTGATCAGCAGTACCAAGGGGCAAACGGGTCACTACTAGG  
GGCTGCAGGTATTATCGAATTGATTAATTGTTTAGCGCAATAGAGGAAC  
AGACTGTACCAGCACTAAAAATGAGATTGGGATAGAAGGTTTCCAGAA  
AATTTGTCTATCATCAAAGAGAGAATACCAATAAGAAATGCTTTAAA  
TTTTTCGTTTGGCTTTGGTGGAAATAATAGTGGTATCTTATTGTCATCTT  
TAGATTCACTCTAGAAAACATTACCTGCTAGAGAAAATCTTAAATGGCT  
ATCTTATCATCTGTTGCTTCCATTTCTAAGAATGAATCACTTCTATAAC  
CTATGAAAAAGTTGCTAGTAATTTCAACGACTTTGAAGCATTACGCTTTA  
AAGGGGCTAGACCACCCAAACTGTCAACCCAGCACAAATTTAGGAAAATG  
GATGATTTTTCCAAATGGTTGCCGTAACAACAGCTCAAGCACTAATAGA  
AAGCAATATTAATCTAAAAAAACAAGATACTTCAAAGTAGGAATTGTAT  
TTACAACACTTTCTGGACAGTTGAGGTTGTTGAAGGTATTGAAAAGCAA  
ATCACAACAGAAGGATATGCACATGTTTCTGCTTCACGATTCCCGTTAC  
AGTAATGAATGCAGCAGCTGGTATGCTTTCTATCATTTTAAAAATAACAG  
GTCCTTTATCTGTCAATTTGACAAAATAGTGGAGCGCTTGATGGTATACAA  
TATGCCAAGGAAATGATGCGTAACGATAATCTAGACTATGTGATTCTTGT  
TTCTGCTAATCAGTGGACAGACATGAGTTTATGTGGTGGCAACAATTAA  
ACTATGATAGTCAATGTTTGTGCGTTCTGATTATGTTTCAGCACAAAGTC  
CTCTCTCGTCAAGCATTGGATAATTTCTCTATAATATTAGGTAGTAAACA  
ATTAAATATAGCCATAAAACATTACAGATGTGATGACTATTTTGTATG  
CTGCGCTTCAAATTTATTATCAGACTTAGGACTAACCATAAAAGATATC  
AAAGGTTTCGTTTGAATGAGCGGAAGAAGGCAGTTAGTTTCAAGATTATGA  
TTTCTTAGCGAAGTTGTCTGAGTATTATAATATGCCAAACCTTGCTTCTG  
GTCAAGTTTGGATTTTTCATCTAATGGTGTGGTGAAGAACTGGACTATACT  
GTTAATGAAAGTATAGAAAAGGGCTATTATTTAGTCCTATCTTATTCGAT  
CTTTGGTGGTATCTCTTTTGCTATTATTGAAAAAAGG

SEQ ID NO. 7511

STRAIN JM9130013

ATGTTAGTGGAATAGGAATTATTTCTTCTTTGGGAAGAATTATAGCGAG  
CATAAACAGCATCTCTCGACTTAAAGAAGGAATTTCTAAACATTATA  
TAAAAATCAGACTCTATTTTAGAATCTTATACAGGAAGCATAACTAGTG  
ACCCAGAGGTTCCCTGAGCAATACAAAGATGAGACACGTAATTTTAAATTT  
GCTTTTACCGCTTTTGAAGAGGCTCTTGCTTCTTCAGGTGTTAATTAAA  
AGCTTATCATAATATTGCTGTGTGTTAGGGACCTCACTTGGGGGAAAGA  
GTGCTGGTCAAAATGCCCTTGATCAATTTGAAGAAGGAGAGCGTCAAGTA  
GATGCTAGTTTATTAGAAAAAGCATCTGTTTACCATATTGCTGATGAATT  
GATGGCTTATCATGATATTGTGGGAGCTTCGTATGTTATTTCAACCGCCT  
GTTCTGCAAGTAATAATGCCGTAATATTAGGAACACAATTACTTCAAGAT  
GGCGATTGTGATTTAGCTATTTGTGGTGGCTGTGATGAGTTAAGTGATAT  
TTCTTTAGCAGGCTTCACATCACTAGGAGCTATTAATACAGAAATGGCAT  
GTGAGCCCTATTCTTCTGGAAAAGGAATCAATTTGGGTGAGGGCGCTGGT  
TTTGTGTTCTTGTCAAAGATCAGTCCTTAGCTAAATATGGAAAAATTTAT  
CGGTGGTCTTATTACTTCAGATGGTTATCATATAACAGCACCTAAGCCAA  
CAGGTGAAGGGGCGGCACAGATTGCAAAGCAGCTAGTGACTCAAGCAGGT  
ATTGACTACAGTGAGATTGACTATATTAACGGTCACGGTACAGGTACTCA  
AGCTAATGATAAAATGGAAAAAATATGTATGGTAAGTTTCCCGACAA  
CGACATTGATCAGCAGTACCAAGGGGCAAACGGGTCACTACTTAGGGGCT  
GCAGGTATTATCGAATTGATTAATTGTTTAGCGGCAATAGAGGAACAGAC  
TGTACCAGCACTAAAAATGAGATTGGGATAGAAGGTTTCCAGAAAATT



## SEQUENCE LISTING

TTGTCATCATCAAAAGAGAGAATACCCAATAAGAAATGCTTTAAATTTT  
 TCGTTTGCTTTTGGTGGAAATAATAGTGGTGTCTTATTGTCATCTTTAGA  
 TTCACCTCTAGAAACATTACCTGCTAGAGAAAATCTTAAATGGCTATCT  
 TATCATCTGTTGCTTCCATTTCTAAGAATGAATCACTTTCTATAACCTAT  
 GAAAAAGTTGCTAGTAATTTCAACGACTTTGAAGCATTACGCTTTAAAG  
 GGCTAGACCACCCAAAACGTGTCAACCCAGCACAAATTAGGAAAATGGATG  
 ATTTTTCCAAAATGGTTGCCGTAACAACAGCTCAAGCACTAATAGAAAGC  
 AATATTAATCTAAAAAACAAGATACTTCAAAAGTAGGAATTGTATTTAC  
 AACACTTTCTGGACCAGTTGAGGTTGTTGAAGGTATTGAAAAGCAAATCA  
 CAACAGAAGGATATGCACATGTTTCTGCTTCACGATTCCTCGTTTACAGTA  
 ATGAATGCAGCAGCTGGTATGCTTTCTATCATTTTTTAAAAATAACAGGTCC  
 TTTATCTGTCATTTTCGACAAATAGTGGAGCGCTTGATGGTATACAATATG  
 CCAAGGAAATGATGCGTAACGATAATCTAGACTATGTGATTCTTGTCTTCT  
 GCTAATCAGTGGACAGACATGAGTTTTATGTGGTGGCAACAATTAACTA  
 TGATAGTCAAATGTTTGTGCGTTCTGATTATTGTTTCAACACAAGTCCTCT  
 CTCGTCAAGCATTGGATAATTCTCCTATAATATTAGGTAGTAAACAATTA  
 AAATATAGCCATAAAACATTACAGATGTGATGACTATTTTTGATGCTGC  
 GCTTCAAAATTTATTATCAGACTTAGGACTAACCATAAAAAGATATCAAAG  
 GTTTCGTTTGGAATGACGCGGAAGAAGGCAGTTAGTTCAGATTATGATTTC  
 TTAGCGAACTTGTCTGAGTATTATAATATGCCAAACCTTGCTTCTGGTCA  
 GTTTGGATTTTCATCTAATGGTGTGGTGAAGAACTGGACTATACTGTTA  
 ATGAAAGTATAGAAAAGGGCTATTATTAGTCTTATCTTATTTCGATCTTC  
 GGTGGTATCTCTTTTGTCTATTATTGAAAAAAGG

## SEQ ID NO. 7512

STRAIN 2603 frame: 1

MSVYVSGIGIISLGNKYNSEHKQHLFDLKEGISKHLYKNHDSILES YTGSI TS DPEVPEQ  
 YKDETRNFKFAFTAFEEALASSGVNLKAYHNIACVCLGTS LGGKSAGQNALYQFEGERQV  
 DASLLEKASVYHIADELMAYHDIVGASYVISTACSASNNAVILGTQLLQDGDCLAI CCG  
 CDELS DISLAGFTSLGAINTEMACQPYSSGKGINLGEGAGFVVLVKDQSLAKYKGIIGGL  
 ITSDGYHITAPKPTGEGAAQIAKQLVTOAGIDYSEIDYINGHGTGTQANDKMEKNMYGKF  
 FPTTTLISSTKGQTGHTLGAAGIIE LINCLAAIEEQTPATKNEIGIEGFPENFVYHQKR  
 EYPIRNALNFSFAFGGNNSGVLLSSLDSPLETL PARENLMAILSSVASISKNESLSITY  
 EKVASNFNDFEALRFKARPPKTVNPAQFRKMDDFSKMVAVTTAQALIESNINLKKQDTS  
 KVGIVFTTLSGPVEVVEGIEKQITTEGYAHVSASRFPFTVMNAAAGMLSIIFKITGPLSV  
 ISTNSGALDGIQYAKEMMRNDNLDYVILV SANQWTDMSFMWWQQLNYDSQMFVGS DYCSA  
 QVLSRQALDNSPIILGSKQLKYSHKFTDVM TIFDAALQNL LSDLGLTIKDIKGFVWNER  
 KAVSSDYDFLANLSEYNNMPNLASGQFGFSSNGAGEELDYTVNESIEKGYLLVLSYSIF  
 GGISFAIEKR

## SEQ ID NO. 7513

STRAIN 090 frame: 3

VSGIGIISLGNKYNSEHKQHLFDLKEGISKHLYKNHDSILES YTGSI TS DPEVPEQYKDE  
 TRNFKFAFTAFEEALASSGVNLKAYHNIACVCLGTS LGGKSAGQNALYQFEGERQVDASL  
 LEKASVYHIADELMAYHDIVGASYVISTACSASNNAVILGTQLLQDGDCLAI CCGCDEL  
 SDISLAGFTSLGAINTEMACQPYSSGKGINLGEGAGFVVLVKDQSLAKYKGIIGGLITSD  
 GYHITAPKPTGEGAAQIAKQLVTOAGIDYSEIDYINGHGTGTQANDKMEKNMYGKFFPTT  
 TLISSTKGQTGHTLGAAGIIE LINCLAAIEEQTPATKNEIGIEGFPENFVYHQKREYPI  
 RNALNFSFAFGGNNSGIILLSSLDSPLETL PARENLMAILSSVASISKNESLSITYEKVA  
 SNFNDFEALRFKARPPKTVNPAQFRKMDDFSKMVAVTTAQALIESNINLKKQDTSKVGI  
 VETTLSGPVEVVEGIEKQITTEGYAHVSASRFPFTVMNAAAGMLSIIFKITGPLSVISTN  
 SGALDGIQYAKEMMRNDNLDYVILV SANQWTDMSFMWWQQLNYDSQMFVGS DYCSAQVLS  
 RQALDNSPIILGSKQLKYSHKFTDVM TIFDAALQNL LSDLGLTIKDIKGFVWNERKKAV  
 SSDYDFLANLSEYNNMPNLASGQFGFSSNGAGEELDYTVNESIEKGYLLVLSYSIFGGIS  
 FAIEKR

## SEQ ID NO. 7514

STRAIN A909 frame: 3

VSGIGIISLGNKYNSEHKQHLFDLKEGISKHLYKNHDSILES YTGSI TS DPEVPEQYKDE  
 TRNFKFAFTAFEEALASSGVNLKAYHNIACVCLGTS LGGKSAGQNALYQFEGERQVDASL  
 LEKASVYHIADELMAYHDIVGASYVISTACSASNNAVILGTQLLQDGDCLAI CCGCDEL  
 SDISLAGFTSLGAINTEMACQPYSSGKGINLGEGAGFVVLVKDQSLAKYKGIIGGLITSD  
 GYHITAPKPTGEGAAQIAKQLVTOAGIDYSEIDYINGHGTGTQANDKMEKNMYGKFFPTT  
 TLISSTKGQTGHTLGAAGIIE LINCLAAIEEQTPATKNEIGIEGFPENFVYHQKREYPI

## SEQUENCE LISTING

RNAINFSAFAGGNNSGVLLSSLDSPLETLTPARENLMKMAILSSVASISKNESLSITYEKVA  
 SNFNDFEALRFKARGPPKTVNPAQFRKMDDFSKMVAVTTAQALIESNINLKKQDTSKVGI  
 VFTTLSGPVEVVEGIEKQITTEGYAHVSASRFPFTVMNAAAGMLSIIFKITGPLSVISTN  
 SGALDGIQYAKEMMRNDNLDYVILVSANQWTDMSFMWWQQLNYDSQMFVGS DYCSAQVLS  
 RQALDNSPIILGSKQLKYSHKTFDVTIFDAALQNLSDLGLTIKDIKGFVWNERKKAV  
 SSDYDFLANLSEYYNMPNLASGQFGFSSNGAGEELDYTVNESIEKGYLLVLSYSIFGGIS  
 FAIEKR

## SEQ ID NO. 7515

STRAIN H36B frame: 3

VSGIGIISLGNKSEHKLFDLKEGISKHLYKNHDSILES YTGSI TS DPEVPEQYKDE  
 TRNFKFAFTAFEEALASSGVNLKAYHNI AVCLGTS LGGKSAGQNALYQFE EGERQVDASL  
 LEKASVYHIADELMAYHDIVGASYVISTAC SASNNAVILGTQLLQDGDCLAI CGGCDEL  
 SDISLAGFTSLGAINTEMACQPYSSGKINLGEGAGFVVLVKDQSLAKYKGIIGGLITSD  
 GYHITAPKPTGEGAAQIAKQLV TQAGIDYSEIDYINGHGTGTQANDKMEKNMYGKFFPTT  
 TLISSTKGQTGHTLGAAGIIELINCLAAIEEQTV PATKNEIGIEGFPENFVYHQREYPI  
 RNAINFSAFAGGNNSGVLLSSLDSPLETLTPARENLMKMAILSSVASISKNESLSITYEKVA  
 SNFNDFEALRFKARGPPKTVNPAQFRKMDDFSKMVAVTTAQALIESNINLKKQDTSKVGI  
 VFTTLSGPVEVVEGIEKQITTEGYAHVSASRFPFTVMNAAAGMLSIIFKITGPLSVISTN  
 SGALDGIQYAKEMMRNDNLDYVILVSANQWTDMSFMWWQQLNYDSQMFVGS DYCSAQVLS  
 RQALDNSPIILGSKQLKYSHKTFDVTIFDAALQNLSDLGLTIKDIKGFVWNERKKAV  
 SSDYDFLANLSEYYNMPNLASGQFGFSSNGAGEELDYTVNESIEKGYLLVLSYSIFGGIS  
 FAIEKR

## SEQ ID NO. 7516

STRAIN 18RS21 frame: 3

VSGIGIISLGNKSEHKLFDLKEGISKHLYKNHDSILES YTGSI TS DPEVPEQYKDE  
 TRNFKFAFTAFEEALASSGVNLKAYHNI AVCLGTS LGGKSAGQNALYQFE EGERQVDASL  
 LEKASVYHIADELMAYHDIVGASYVISTAC SASNNAVILGTQLLQDGDCLAI CGGCDEL  
 SDISLAGFTSLGAINTEMACQPYSSGKINLGEGAGFVVLVKDQSLAKYKGIIGGLITSD  
 GYHITAPKPTGEGAAQIAKQLV TQAGIDYSEIDYINGHGTGTQANDKMEKNMYGKFFPTT  
 TLISSTKGQTGHTLGAAGIIELINCLAAIEEQTV PATKNEIGIEGFPENFVYHQREYPI  
 RNAINFSAFAGGNNSGVLLSSLDSPLETLTPARENLMKMAILSSVASISKNESLSITYEKVA  
 SNFNDFEALRFKARGPPKTVNPAQFRKMDDFSKMVAVTTAQALIESNINLKKQDTSKVGI  
 VFTTLSGPVEVVEGIEKQITTEGYAHVSASRFPFTVMNAAAGMLSIIFKITGPLSVISTN  
 SGALDGIQYAKEMMRNDNLDYVILVSANQWTDMSFMWWQQLNYDSQMFVGS DYCSAQVLS  
 RQALDNSPIILGSKQLKYSHKTFDVTIFDAALQNLSDLGLTIKDIKGFVWNERKKAV  
 SSDYDFLANLSEYYNMPNLASGQFGFSSNGAGEELDYTVNESIEKGYLLVLSYSIFGGIS  
 FAIEKR

## SEQ ID NO. 7517

STRAIN M732 frame: 3

VSGIGIISLGNKSEHKLFDLKEGISKHLYKNHDSILES YTGSI TS DPEVPEQYKDE  
 TRNFKFAFTAFEEALASSGVNLKAYHNI AVCLGTS LGGKSAGQNALYQFE EGERQVDASL  
 LEKASVYHIADELMAYHDIVGASYVISTAC SASNNAVILGTQLLQDGDCLAI CGGCDEL  
 SDISLAGFTSLGAINTEMACQPYSSGKINLGEGAGFVVLVKDQSLAKYKGIIGGLITSD  
 GYHITAPKPTGEGAAQIAKQLV TQAGIDYSEIDYINGHGTGTQANDKMEKNMYGKFFPTT  
 TLISSTKGQTGHTLGAAGIIELINCLAAIEEQTV PATKNEIGIEGFPENFVYHQREYPI  
 RNAINFSAFAGGNNSGVLLSSLDSPLETLTPARENLMKMAILSSVASISKNESLSITYEKVA  
 SNFNDFEALRFKARGPPKTVNPAQFRKMDDFSKMVAVTTAQALIESNINLKKQDTSKVGI  
 VFTTLSGPVEVVEGIEKQITTEGYAHVSASRFPFTVMNAAAGMLSIIFKITGPLSVISTN  
 SGALDGIQYAKEMMRNDNLDYVILVSANQWTDMSFMWWQQLNYDSQMFVGS DYCSAQVLS  
 RQALDNSPIILGSKQLKYSHKTFDVTIFDAALQNLSDLGLTIKDIKGFVWNERKKAV  
 SSDYDFLANLSEYYNMPNLASGQFGFSSNGAGEELDYTVNESIEKGYLLVLSYSIFGGIS  
 FAIEKR

## SEQ ID NO. 7518

STRAIN COH1 frame: 3

VSGIGIISLGNKSEHKLFDLKEGISKHLYKNHDSILES YTGSI TS DPEVPEQYKDE  
 TRNFKFAFTAFEEALASSGVNLKAYHNI AVCLGTS LGGKSAGQNALYQFE EGERQVDASL  
 LEKASVYHIADELMAYHDIVGASYVISTAC SASNNAVILGTQLLQDGDCLAI CGGCDEL  
 SDISLAGFTSLGAINTEMACQPYSSGKINLGEGAGFVVLVKDQSLAKYKGIIGGLITSD  
 GYHITAPKPTGEGAAQIAKQLV TQAGIDYSEIDYINGHGTGTQANDKMEKNMYGKFFPTT  
 TLISSTKGQTGHTLGAAGIIELINCLAAIEEQTV PATKNEIGIEGFPENFVYHQREYPI

## SEQUENCE LISTING

RNALNFSFAFGGNNSGVLLSSLDSPLETLTPARENLMKMAILSSVASISKNESLSITYEKVA  
 SNFNDFEALRFKARPPKTVNPAQFRKMDDFSKMVAVTTAQALIESNINLKKQDTSKVGI  
 VFTTLSGPVEVVEGIEKQITTEGYAHVSASRFPFTVMNAAAGMLSIIFKITGPLSVISTN  
 SGALDGIQYAKEMMRNDNLDYVILVSANQWTDMSFMWWQQLNYDSQMFVGS DYCSAQVLS  
 RQALDNSPIILGSKQLKYSHKTFDVTMIFDAALQNLLSDLGLTIKDIKGFVWNERKKAV  
 SSDYDFLANLSEYYNMPNLASGQFGFSSNGAGEELDYTVNESIEKGYLLVLSYSIFGGIS  
 FAIEKR

## SEQ ID NO. 7519

STRAIN M781 frame: 3

VSGIGIISLGNKSEHKLFDLKEGISKHLYKNHDSILESITGSITSDEPEVPEQYKDE  
 TRNFKFAFTAFEEALASSGVNLKAYHNIACVCLGTSLGKKSAGQNALYQFEGERQVDASL  
 LEKASVYHIADELMAYHDIVGASYVISTACSASNNVILGTQLLDGDCDLAICGGCDEL  
 SDISLAGFTSLGAINTEMACQPYSSGKGINLGEGAGFVVLVKDQSLAKYKGIIGGLITSD  
 GYHITAPKPTGEGAAQIAKQLVTQAGIDYSEIDYINGHGTGTQANDKMEKNMYGKFFPTT  
 TLISSTKGQTGHTLGAAGIIELINCLAAIEEQTPATKNEIGIEGFPENFVYHQREYPI  
 RNALNFSFAFGGNNSGILLSSLDSPLETLTPARENLMKMAILSSVASISKNESLSITYEKVA  
 SNFNDFEALRFKARPPKTVNPAQFRKMDDFSKMVAVTTAQALIESNINLKKQDTSKVGI  
 VFTTLSGPVEVVEGIEKQITTEGYAHVSASRFPFTVMNAAAGMLSIIFKITGPLSVISTN  
 SGALDGIQYAKEMMRNDNLDYVILVSANQWTDMSFMWWQQLNYDSQMFVGS DYCSAQVLS  
 RQALDNSPIILGSKQLKYSHKTFDVTMIFDAALQNLLSDLGLTIKDIKGFVWNERKKAV  
 SSDYDFLANLSEYYNMPNLASGQFGFSSNGAGEELDYTVNESIEKGYLLVLSYSIFGGIS  
 FAIEKR

## SEQ ID NO. 7520

STRAIN CJB110 frame: 3

VSGIGIISLGNKSEHKLFDLKEGISKHLYKNHDSILESITGSITSDEPEVPEQYKDE  
 TRNFKFAFTAFEEALASSGVNLKAYHNIACVCLGTSLGKKSAGQNALYQFEGERQVDASL  
 LEKASVYHIADELMAYHDIVGASYVISTACSASNNVILGTQLLDGDCDLAICGGCDEL  
 SDISLAGFTSLGAINTEMACQPYSSGKGINLGEGAGFVVLVKDQSLAKYKGIIGGLITSD  
 GYHITAPKPTGEGAAQIAKQLVTQAGIDYSEIDYINGHGTGTQANDKMEKNMYGKFFPTT  
 TLISSTKGQTGHTLGAAGIIELINCLAAIEEQTPATKNEIGIEGFPENFVYHQREYPI  
 RNALNFSFAFGGNNSGILLSSLDSPLETLTPARENLMKMAILSSVASISKNESLSITYEKVA  
 SNFNDFEALRFKARPPKTVNPAQFRKMDDFSKMVAVTTAQALIESNINLKKQDTSKVGI  
 VFTTLSGPVEVVEGIEKQITTEGYAHVSASRFPFTVMNAAAGMLSIIFKITGPLSVISTN  
 SGALDGIQYAKEMMRNDNLDYVILVSANQWTDMSFMWWQQLNYDSQMFVGS DYCSAQVLS  
 RQALDNSPIILGSKQLKYSHKTFDVTMIFDAALQNLLSDLGLTIKDIKGFVWNERKKAV  
 SSDYDFLANLSEYYNMPNLASGQFGFSSNGAGEELDYTVNESIEKGYLLVLSYSIFGGIS  
 FAIEKR

## SEQ ID NO. 7521

STRAIN 1169NT frame: 3

VSGIGIISLGNKSEHKLFDLKEGISKHLYKNHDSILESITGSITSDEPEVPEQYKDE  
 TRNFKFAFTAFEEALASSGVNLKAYHNIACVCLGTSLGKKSAGQNALYQFEGERQVDASL  
 LEKASVYHIADELMAYHDIVGASYVISTACSASNNVILGTQLLDGDCDLAICGGCDEL  
 SDISLAGFTSLGAINTEMACQPYSSGKGINLGEGAGFVVLVKDQSLAKYKGIIGGLITSD  
 GYHITAPKPTGEGAAQIAKQLVTQAGIDYSEIDYINGHGTGTQANDKMEKNMYGKFFPTT  
 TLISSTKGQTGHTLGAAGIIELINCLAAIEEQTPATKNEIGIEGFPENFVYHQREYPI  
 RNALNFSFAFGGNNSGILLSSLDSPLETLTPARENLMKMAILSSVASISKNESLSITYEKVA  
 SNFNDFEALRFKARPPKTVNPAQFRKMDDFSKMVAVTTAQALIESNINLKKQDTSKVGI  
 VFTTLSGPVEVVEGIEKQITTEGYAHVSASRFPFTVMNAAAGMLSIIFKITGPLSVISTN  
 SGALDGIQYAKEMMRNDNLDYVILVSANQWTDMSFMWWQQLNYDSQMFVGS DYCSAQVLS  
 RQALDNSPIILGSKQLKYSHKTFDVTMIFDAALQNLLSDLGLTIKDIKGFVWNERKKAV  
 SSDYDFLANLSEYYNMPNLASGQFGFSSNGAGEELDYTVNESIEKGYLLVLSYSIFGGIS  
 FAIEKR

## SEQ ID NO. 7522

STRAIN JM9130013 frame: 3

VSGIGIISLGNKSEHKLFDLKEGISKHLYKNHDSILESITGSITSDEPEVPEQYKDE  
 TRNFKFAFTAFEEALASSGVNLKAYHNIACVCLGTSLGKKSAGQNALYQFEGERQVDASL  
 LEKASVYHIADELMAYHDIVGASYVISTACSASNNVILGTQLLDGDCDLAICGGCDEL  
 SDISLAGFTSLGAINTEMACQPYSSGKGINLGEGAGFVVLVKDQSLAKYKGIIGGLITSD  
 GYHITAPKPTGEGAAQIAKQLVTQAGIDYSEIDYINGHGTGTQANDKMEKNMYGKFFPTT  
 TLISSTKGQTGHTLGAAGIIELINCLAAIEEQTPATKNEIGIEGFPENFVYHQREYPI

## SEQUENCE LISTING

RNALNFSFAFGGNNSGVLLSSLDSPLETLTPARENLMKMAILSSVASISKNESLSITYEKVA  
 SNFNDFEALRFKGPVPPKTVNPAQFRKMDDFSKMVAVTTAQALIESNINLKKQDTSKVGI  
 VFTTSLSGPVEVVEGIEKQITTEGYAHVSASRFPFTVMNAAAGMLSIIFKITGPLSVISTN  
 SGALDGIQYAKEMMRNDNLDYVILVSNQWTDMSFMWWQQLNYDSQMFVGSQDYCSAQVLS  
 RQALDNSPIILGSKQLKYSHKTFDVMITFDAAALQNLSSLDLGTIKDIKGFVWNERKKAV  
 SSDYDFLANLSEYYNMPNLSGQFGFSSNGAGEELDYTVNESIEKGYLLVLSYSIFGGIS  
 FAIEKR

## SEQ ID NO. 7601

## STRAIN 2603

ATGAAAAAGTCATCGATTTAAAAAACTACAAAAAGCATATGCCTCAGAAACCGTTTTTA  
 AATAATATTAATTTGGAGGTGTTTAAAGGCGAAATAATTGGATTAATAGGACCTCTGGA  
 GCAGGGAATCTACCTTGATTAAAACTATGCTTGGCATGGAAAAAGCAGATAAGGGAACA  
 GCTCTTGTTCTTGATACTCAAAATGCCAGATCGTAATATTTAAATCAAATTGGCTATATG  
 GCTCAATCTGATGCCTTATACGAGTCTTTAACTGGCTTAGAAAATTTATTATCTTTGGA  
 AAAATGAAAGGTATTCAAAAACTGAATTAACAGCAGATAACTCATATTTCTAAAGTA  
 GTAGATCTAGAAAACCAACTTGATAAATTTGTCTCAGGTACTCAGGAGGTATGAAAAGA  
 CGGCTTTCTCTAGCCATCGCCCTACTTGGAAACCCACAGTTTAACTCCTAGATGAACCT  
 ACCGTTGGAATTGATCCATCCTTGAGGAGAAAAATCTGGCAAGAGCTAATTAATTAAG  
 GATGAAGGACATTTCTATCTTTATTACAACCCACGTTATGGATGAAGCAGAATTAACAAGT  
 AAGGTTGCACTACTATTACGTGGAACATTATTGCCTTTGATACTCCATTACATTTAAAA  
 AAACAATTTAATGTGAGTACTATTGAGGAAGTTTCTTAAAGCTGAAGGAGAA

## SEQ ID NO. 7602

## STRAIN 090

ATTTAAAAAACTACAAAAAGCATATGCCTCAGAAACTGTTTAAATAAT  
 ATTAATTTGGAGGTGTTTAAAGGCGAAATAATTGGATTAATAGGACCTC  
 TGGAGCAGGGAATCTACCTTGATTAAAACTATGCTTGGCATGGAAAAAG  
 CAGATAAGGGAACAGCTCTTGTTCTTGATACTCAAAATGCCAGATCGTAAT  
 ATTTTAAATCAAATTGGCTATATGGCTCAATCTGATGCCTTATACGAATC  
 TTTAACTGCCTTAGAAaATTTATTATTCTTTGGAAAAATGAAAGGTATTC  
 AAAAACTGAATTAACAGCAGATAACTCATATTTcTAAAGTAGTAGAT  
 CTAGAAAACCAACTTGATAAATTTGTCTCAGGTACTCAGGAGGTATGAA  
 AAGACGGCTTTCTCTAGCCATCGCCCTACTTGGAAACCCACAGTTTAA  
 TCCTAGATGAACCTACCGTTGGAATTGATCCATCCTTGAGGAGAAAAATC  
 TGGCAAGAGCTAATTAATATTAaGGATGAAGGACGTTCTATCTTTATTAC  
 AACCACGTTATGGATGAAGCAGAATTAACAAGTAAGGTTGCACTACTAT  
 TACGTGGAACATTATTGCCTTTGATACTCCATTACATTTAAAAAAACAA  
 TTTAATGTGAGTACTATtGAGGAAGTTTCTTAAAGCTGAAGGAGAA

## SEQ ID NO. 7603

## STRAIN A909

AAAAAGTCATCGATTTAAAAAACTACAAAAAGCATATGCCTCA  
 GAAACCGTTTTAAATAATATTAATTTGGAGGTGTTTAAAGGCGAAATAAT  
 TGGATTAATAGGACCTCTGGAGCAGGGAATCTACCTTGATTAAAACTA  
 TGCTTGGCATGGAAAAAGCAGATAAGGGAACAGCTCTTGTTCTTGATACT  
 CAAATGCCAGATCATAATATTTTAAATCAAATTGGCTATATGGCTCAATC  
 TGATGCCTTATACGAGTCTTTAACTGGCTTAGAAAATTTATTATTCTTTG  
 GAAAAATGAAAGGTATTCAAAAACTGAATTAACAGCAGATAACTCAT  
 ATTTCTAAAGTAGTAGATCTAGAAAACCAACTTGATAAATTTGTCTCAGG  
 TTACTCAGGAGGTATGAAAAGACGGCTTTCTCTAGCCATCGCCCTACTTG  
 GAAACCCACAGTTTAAATCCTAGATGAACCTACCGTTGGAATTGATCCA  
 TCCTTGAGGAGAAAAATCTGGCAAGAGCTAATTAATATTAAGGATGAAGG  
 ACGTTCTATCTTTATTACAACCCACGTTATGGATGAAGCAGAATTAACAA  
 GTAAGGTTGCACTACTATTACGTGGAACATTATTGCCTTTGATACTCCA  
 TTACATTTAAAAAAACAAATTAATGTGAGTACTATTGAGGAAGTTTCTT  
 AAAAGCTGAAGGAGAA

## SEQ ID NO. 7604

## STRAIN H36B

AAAAAGTCATTTGATTTAAAAAACTACAAAAAGCATATGCC  
 TCAGAAACCGTTTTAAATAATATTAATTTGGAGGTGTTTAAAGGCGAAAT  
 AATTGGATTAATAGGACCTCTGGAGCAGGGAATCTACCTTGATTAAAA  
 CTATGCTTGGCATGGAAAAAGCAGATAAGGGAaCAGCTCTTGTTCTTGAT

## SEQUENCE LISTING

ACTCAAATGCCAGATCGTAATATTTTAAATCAAATGGCTATATGGCTCA  
 ATCTGATGCCCTTATACGAGTCTTTAACTGGCTTAGAAAATTTATTATTCT  
 TTGGAAAAATGAAAGGTATTCAAAAACTGAATTAAACAGCAGATAACT  
 CATATTTCTAAAGTAGTAGATCTAGAAAACCAACTTGATAAATTTGTCTC  
 AGGTTACTCAGGAGGTATGAAAAGACGGCTTTCTCTAGCCATCGCCCTAC  
 TTGGAAACCCACAGTTTAAATCCTAGATGAACCTACCGTTGGAATTGAT  
 CCATCCTTGAGGAGAAAAATCTGGCAAGAGCTAATTAATATTAAGGATGA  
 AGGACGTTCTATCTTTATTACAACCCACGTTATGGATGAAGCAGAAATTAA  
 CAAGTAAGGTTGCACTACTATTACGTGGAAACATTATTGCCTTTGATACT  
 CCATTACATTTAAAAAAACAATTTAATGTGAGTACTATTGAGGAAGTTT  
 CTTAAAGCTGAAGGAGAA

## SEQ ID NO. 7605

STRAIN 18RS21

GATTTAAAAAACTACAAAAAGCATATGCCTCAGAAACCGTTTTAAATAA  
 TATTAATTTGGAGGTGTTTAAAGGCGAAATAATTGGATTAATAGGACCT  
 CTGGAGCAGGGAAATCTACCTTGATTAAACTATGCTTGGCATGGAAAAA  
 GCAGATAAGGGAACAGCTCTTGTTCTTGATACTCAAATGCCAGATCGTAA  
 TATTTTAAATCAAATTGGCTATATGGCTCAATCTGATGCTTATACGAGT  
 CTTTAACTGGCTTAGAAAATTTATTATTCTTTGGAAAAATGAAAGGTATT  
 CAAAAAAGTGAATTAAACAGCAGATAACTCATATTTCTAAAGTAGTGA  
 TCTAGAAAACCAACTTGATAAATTTGTCTCAGGTTACTCAGGAGGTATGA  
 AAAGACGGCTTTCTCTAGCCATCGCCCTACTTGGAACCCACAGTTTAA  
 ATCCTAGATGAACCTACCGTTGGAATTGATCCATCCTTGAGGAGAAAAAT  
 CTGGCAAGAGCTAATTAATATTAAGGATGAAGGACATTCTATCTTTATTA  
 CAACCCACGTTATGGATGAAGCAGAAATTAACAAGTAAGGTTGCACTACTA  
 TTACGTGGAAACATTATTGCCTTTGATACTCCATTACATTTAAAAAAACA  
 ATTTAATGTGAGTACTATTGAGGAAGTTTCTTAAAGCTGAAGGAGAA

## SEQ ID NO. 7606

STRAIN M732

AAAAAAGTCATCGATTTAAAAAACTACAAAAAGCATACGCCTCA  
 GAACTGTTTTAAATAATATTAATTTGGAGGTGTTTAAAGGAGAAATAAT  
 TGGATTAATAGGACCTCTGGAGCAGGGAAATCTACCTTGATTAAACTA  
 TGCTTGGCATGGAAAAAGCAGATAAGGGAACAGCTCTTGTTCTTGATACT  
 CAAATGCCAGATCGTAATATTTTAAATCAAATTGGCTATATGGCTCAATC  
 TGATGCCCTTACACGAGTCTTTAACTGGCTTAGAAAATTTATTATTCTTG  
 GAAAAATGAAAGGTATTCAAAAACTGAATTAAACAGCAGATAACTCAT  
 ATTTCTAAAGTAGTAGATCTAGAAAACCAACTTGATAAATTTGTCTCAGG  
 TTACTCAGGAGGTATGAAAAGACGGCTTTCTCTAGCCATCGCCCTACTTG  
 GAAACCCACAGTTTTAATCCTAGATGAACCTACCGTTGGAATTGATCCA  
 TCCTTGAGGAGAAAAATCTGGCAAGAGCTAATTAATATTAAGGATGAAGG  
 ACGTTCTATCTTTATTACAACCCACGTTATGGATGAAGCAGAAATTAACAA  
 GTAAGGTTGCACTACTATTACGTGGAAACATTATTGCCTTTGATACTCCA  
 TTACATTTAAAAAAACAATTTAATGTGAGTACTATTGAGGAAGTTTCTT  
 AAAAGCTGAAGGAGAA

## SEQ ID NO. 7607

STRAIN COH1

AAAAAAGTCATCGATTTAAAAAACTACAAAAAGCATACGCCTCAGAA  
 ACTGTTTTAAATAATATTAATTTGGAGGTGTTTAAAGGAGAAATAATTGG  
 ATTAATAGGACCTCTGGAGCAGGGAAATCTACCTTGATTAAACTATGC  
 TTGGCATGGAAAAAGCAGATAAGGGAACAGCTCTTGTTCTTGATACTCAA  
 ATGCCAGATCGTAATATTTTAAATCAAATTGGCTATATGGCTCAATCTGA  
 TGCCTTACACGAGTCTTTAACTGGCTTAGAAAATTTATTATTCTTTGGAA  
 AAATGAAAGGTATTCAAAAACTGAATTAAACAGCAGATAACTCATATT  
 TCTAAAGTAGTAGATCTAGAAAACCAACTTGATAAATTTGTCTCAGGTTA  
 CTCAGGAGGTATGAAAAGACGGCTTTCTCTAGCCATCGCCCTACTTGAA  
 ACCCCACAGTTTTAATCCTAGATGAACCTACCGTTGGAATTGATCCATCC  
 TTGAGGAGAAAAATCTGGCAAGAGCTAATTAATATTAAGGATGAAGGAGG  
 TTCTATCTTTATTACAACCCACGTTATGGATGAAGCAGAAATTAACAAGTA  
 AGGTTGCACTACTATTACGTGGAAACATTATTGCCTTTGATACTCCATTA  
 CATTTAAAAAAACAATTTAATGTGAGTACTATTGAGGAAG

## SEQUENCE LISTING

## SEQ ID NO. 7608

STRAIN M781

AAAAAAGTCATCGATTAAAAAACTACAAAAAGCATAC  
GCCTCAGAACTGTTTTAAATAATATTAATTTGGAGGTGTTAAAGGAGA  
AATAATTGGATTAATAGGACCCTCTGGAGCAGGGAAATCTACCTTGATTA  
AAACTATGCTTGGCATGGAAAAAGCAGATAAGGGAACAGCTCTTGTTCTT  
GATACTCAAATGCCAGATCGTAATATTTAAATCAAATTGGCTATATGGC  
TCAATCTGATGCCTTACACGAGTCTTTAACTGGCTTAGAAAATTTATTAT  
TCTTTGGAAAAATGAAAGGTATTCAAAAACTGAATTAACAGCAGATA  
ACTCATATTTCTAAAGTAGTAGATCTAGAAAACCAACTTGATAAATTTGT  
CTCAGGTTACTCAGGAGGTATGAAAAGACGGCTTTCTCTAGCCATCGCCC  
TACTTGGAACCCACAGTTTTAATCCTAGATGAACCTACCGTTGGAATT  
GATCCATCCTTGAGGAGAAAAATCTGGCAAGAGCTAATTAATATTAAGGA  
TGAAGGACGTTCTAATCTTATTACAACCCACGTTATGGATGAAGCAGAAT  
TAACAAGTAAGGTTGCACTACTATTACGTGGAAACATTATTGCCTTTGAT  
ACTCCATTACATTTAAAAAAACAATTTAATGTGAGTACTATTGAGGAAGT  
TTTCTTAAAAGCTGAAGGAGAA

## SEQ ID NO. 7609

STRAIN CJB110

AAAAAAGTCATCGATTAAAAAACTACAAAAAGCATATG  
CCTCAGAACTGTTTTAAATAATATTAATTTGGAGGTGTTAAAGGCGAA  
ATAATTGGATTAATAGGACCCTCTGGAGCAGGGAAATCTACCTTGATTA  
AACTATGCTTGGCATGGAAAAAGCAGATAAGGGAACAGCTCTTGTTCTTG  
ATACTCAAATGCCAGATCGTAATATTTAAATCAAATTGGCTATATGGCT  
CAATCTGATGCCTTATACGAATCTTTAACTGCCTTAGAAAATTTATTATT  
CTTTGGAAAAATGAAAGGTATTCAAAAACTGAATTAACAGCAGATAA  
CTCATATTTCTAAAGTAGTAGATCTAGAAAACCAACTTGATAAATTTGTC  
TCAGGTTACTCAGGAGGTATGAAAAGACGGCTTTCTCTAGCCATCGCCCT  
ACTTGGAACCCACAGTTTTAATCCTAGATGAACCTACCGTTGGAATTG  
ATCCATCCTTGAGGAGAAAAATCTGGCAAGAGCTAATTAATATTAAGGAT  
GAAGGACGTTCTATCTTTATTACAACCCACGTTATGGATGAAGCAGAAT  
AACAAGTAAGGTTGCACTACTATTACGTGGAAACATTATTGCCTTTGATA  
CTCCATTACATTTAAAAAAACAATTTAATGTGAGTACTATTGAGGAAGT  
TTCTTAAAAGCTGAAGGAGAA

## SEQ ID NO. 7610

STRAIN 1169NT

AAAAAAGTCATCGATTAAAAAACTACAAAAAGCATAC  
GCCTCAGAACTGTTTTAAATAATATTAATTTGGAGGTGTTAAAGGCGA  
AATAATTGGATTAATAGGACCCTCTGGAGCAGGGAAATCTACCTTGATTA  
AAACTATGCTTGGCATGGAAAAAGCAGATAAGGGAACAGCTCTTGTTCTT  
GATACTCAAATGCCAGATCGTAATATTTAAATCAAATTGGCTATATGGC  
TCAATCTGATGCCTTATACGAATCTTTAACTGCCTTAGAAAATTTATTAT  
TCTTTGGAAAAATGAAAGGTATTCAAAAACTGAATTAACAGCAGATA  
ACTCATATTTCTAAAGTAGTAGATCTAGAAAACCAACTTGATAAATTTGT  
CTCAGGTTACTCAGGAGGTATGAAAAGACGGCTTTCTCTAGCCATCGCCC  
TACTTGGAACCCACAGTTTTAATCCTAGATGAACCTACCGTTGGAATT  
GATCCATCCTTGAGGAGAAAAATCTGGCAAGAGCTAATTAATATTAAGGA  
TGAAGGACGTTCTATCTTTATTACAACCCACGTTATGGATGAAGCAGAAT  
TAACAAGTAAGGTTGCACTACTATTACGTGGAAACATTATTGCCTTTGAT  
ACTCCATTACATTTAAAAAAACAATTTAATGTGAGTACTATTGAGGAAGT  
TTTCTTAAAAGCTGAAGGAGAA

## SEQ ID NO. 7611

STRAIN JM9130013

AAAAAAGTCATCGATTAAAAAACTACAAAAAGCATATGCC  
TCAGAAACCGTTTTAAATAATATTAATTTGGAGGTGTTAAAGGCGAAAT  
AATTGGATTAATAGGACCCTCTGGAGCAGGGAAATCTACCTTGATTA  
CTATGCTTGGCATGGAAAAAGCAGATAAGGGAACAGCTCTTGTTCTTGAT  
ACTCAAATGCCAGATCGTAATATTTAAATCAAATTGGCTATATGGCTCA  
ATCTGATGCCTTATACGAGTCTTTAACTGGCTTAGAAAATTTATTATTCT  
TTGGAAAAATGAAAGGTATTCAAAAACTGAATTAACAGCAGATAACT  
CATATTTCTAAAGTAGTAGATCTAGAAAACCAACTTGATAAATTTGTCTC

## SEQUENCE LISTING

AGGTTACTCAGGAGGTATGAAAAGACGGCTTTCTCTAGCCATCGCCCTAC  
 TTGGAAACCCACAGTTTAAATCCTAGATGAACCTACCGTTGGAATTGAT  
 CCATCCTTGAGGAGAAAAATCTGGCAAGAGCTAATTAATATTAAGGATGA  
 AGGACGTTCTATCTTTATTACAACCCACGTTATGGATGAAGCAGAATTAA  
 CAAGTAAGGTTGCACTACTATTACGTGGAACATTATTGCCTTTGATACT  
 CCATTACATTTAAAAAACAATTTAATGTGAGTACTATTGAGGAAGTTT  
 CTTAAAGCTGAAGGAGAA

## SEQ ID NO. 7612

STRAIN 2603 frame: 1

KKVIDLKKLQKAYASETVLNNINLEVFKEIIGLIGPSGAGKSTLIKTMLGMEKADKGTA  
 LVLDQTQMPDRNINLQIGYMAQSDALYESLTGLENLLFFGKMKGIQKTELKQQITHISKVV  
 DLENQLDKFVSGYSGGMKRRSLAIALLGNTPTVLILDEPTVGIDPSLRRKIWQELINIKD  
 EGRSIFITTHVMDEAELTSKVALLLRGNIIAFDTPHLHKKQFNV

## SEQ ID NO. 7613

STRAIN 090 frame: 3

LKKLQKAYASETVLNNINLEVFKEIIGLIGPSGAGKSTLIKTMLGMEKADKGTA  
 QMPDRNINLQIGYMAQSDALYESLTGLENLLFFGKMKGIQKTELKQQITHISKVVDLENQ  
 LDKFVSGYSGGMKRRSLAIALLGNTPTVLILDEPTVGIDPSLRRKIWQELINIKDEGRSI  
 FITTHVMDEAELTSKVALLLRGNIIAFDTPHLHKKQFNV

## SEQ ID NO. 7614

STRAIN A909 frame: 1

KKVIDLKKLQKAYASETVLNNINLEVFKEIIGLIGPSGAGKSTLIKTMLGMEKADKGTA  
 LVLDQTQMPDRNINLQIGYMAQSDALYESLTGLENLLFFGKMKGIQKTELKQQITHISKVV  
 DLENQLDKFVSGYSGGMKRRSLAIALLGNTPTVLILDEPTVGIDPSLRRKIWQELINIKD  
 EGRSIFITTHVMDEAELTSKVALLLRGNIIAFDTPHLHKKQFNV

## SEQ ID NO. 7615

STRAIN H36B frame: 1

KKVIDLKKLQKAYASETVLNNINLEVFKEIIGLIGPSGAGKSTLIKTMLGMEKADKGTA  
 LVLDQTQMPDRNINLQIGYMAQSDALYESLTGLENLLFFGKMKGIQKTELKQQITHISKVV  
 DLENQLDKFVSGYSGGMKRRSLAIALLGNTPTVLILDEPTVGIDPSLRRKIWQELINIKD  
 EGRSIFITTHVMDEAELTSKVALLLRGNIIAFDTPHLHKKQFNV

## SEQ ID NO. 7616

STRAIN 18RS21 frame: 1

DLKKLQKAYASETVLNNINLEVFKEIIGLIGPSGAGKSTLIKTMLGMEKADKGTA  
 TQMPDRNINLQIGYMAQSDALYESLTGLENLLFFGKMKGIQKTELKQQITHISKVVDLEN  
 QLDKFVSGYSGGMKRRSLAIALLGNTPTVLILDEPTVGIDPSLRRKIWQELINIKDEGHS  
 IFITTHVMDEAELTSKVALLLRGNIIAFDTPHLHKKQFNV

## SEQ ID NO. 7617

STRAIN M732 frame: 1

KKVIDLKKLQKAYASETVLNNINLEVFKEIIGLIGPSGAGKSTLIKTMLGMEKADKGTA  
 LVLDQTQMPDRNINLQIGYMAQSDALHESLTGLENLLFFGKMKGIQKTELKQQITHISKVV  
 DLENQLDKFVSGYSGGMKRRSLAIALLGNTPTVLILDEPTVGIDPSLRRKIWQELINIKD  
 EGRSIFITTHVMDEAELTSKVALLLRGNIIAFDTPHLHKKQFNV

## SEQ ID NO. 7618

STRAIN COH1 frame: 1

KKVIDLKKLQKAYASETVLNNINLEVFKEIIGLIGPSGAGKSTLIKTMLGMEKADKGTA  
 LVLDQTQMPDRNINLQIGYMAQSDALHESLTGLENLLFFGKMKGIQKTELKQQITHISKVV  
 DLENQLDKFVSGYSGGMKRRSLAIALLGNTPTVLILDEPTVGIDPSLRRKIWQELINIKD  
 EGRSIFITTHVMDEAELTSKVALLLRGNIIAFDTPHLHKKQFNV

## SEQ ID NO. 7619

STRAIN M781 frame: 1

KKVIDLKKLQKAYASETVLNNINLEVFKEIIGLIGPSGAGKSTLIKTMLGMEKADKGTA  
 LVLDQTQMPDRNINLQIGYMAQSDALHESLTGLENLLFFGKMKGIQKTELKQQITHISKVV  
 DLENQLDKFVSGYSGGMKRRSLAIALLGNTPTVLILDEPTVGIDPSLRRKIWQELINIKD  
 EGRSIFITTHVMDEAELTSKVALLLRGNIIAFDTPHLHKKQFNV

## SEQUENCE LISTING

## SEQ ID NO. 7620

STRAIN CJB110 frame: 1

KKVIDLKKLQKAYASETVLNNINLEVEFKGEIIGLIGPSGAGKSTLIKTMLGMEKADKGTA  
LVLDTQMPDRNINLQIGYMAQSDALYESLTALENLLFFGKMKGIQKTELKQQITHISKVV  
DLENQLDKFVSGYSGGMKRRRLSLAIALLGNPVLILDEPTVIGIDPSLRRKIWQELINIKD  
EGRSIFITTHVMDEAELTSKVALLLRGNIIAFDTPHLKKQFNV

## SEQ ID NO. 7621

STRAIN 1169NT frame: 1

KKVIDLKKLQKAYASETVLNNINLEVEFKGEIIGLIGPSGAGKSTLIKTMLGMEKADKGTA  
LVLDTQMPDRNINLQIGYMAQSDALYESLTALENLLFFGKMKGIQKTELKQQITHISKVV  
DLENQLDKFVSGYSGGMKRRRLSLAIALLGNPVLILDEPTVIGIDPSLRRKIWQELINIKD  
EGRSIFITTHVMDEAELTSKVALLLRGNIIAFDTPHLKKQFNV

## SEQ ID NO. 7622

STRAIN JM9130013 frame: 1

KKVIDLKKLQKAYASETVLNNINLEVEFKGEIIGLIGPSGAGKSTLIKTMLGMEKADKGTA  
LVLDTQMPDRNINLQIGYMAQSDALYESLTALENLLFFGKMKGIQKTELKQQITHISKVV  
DLENQLDKFVSGYSGGMKRRRLSLAIALLGNPVLILDEPTVIGIDPSLRRKIWQELINIKD  
EGRSIFITTHVMDEAELTSKVALLLRGNIIAFDTPHLKKQFNV

## SEQ ID NO. 7701

STRAIN 2603

TTGCCATGTTGCTGTTGGTTTAGTTTATAGAGGGTGGCGGAATGAGAGGCTTTTACT  
GCTGGAGTTTATAGATGCTTTTCTAGATGCAGGAATAAAATAGATGGTATCGTATCTGTC  
TCTGCTGGTGCATTGTTGGTGTTAATTTGTATCTAGACAACGAGAGAGGGCTTTGCGA  
TACAATAAAAAGTATTTATCCCACCCTAAATATATGAGTCTAAGGTCATGGTTTCGAACA  
GGGAATTTGTTAATAAAGATTTACCTATTATGAAGTTCCTATGAAATGGATGTATTT  
GACGATGAAGCATTAAAAAATCAAGTATTGATTTTTACGTAGTTGCTACAGAGATGACA  
TCTGGTAAACCTGAATATTTAAATGATAGTGTATTTGAACAAATGGAAATTTTACGT  
GCTAGTTGAGCATTACAGTAGTCTCAAAGATGGTTGATTGGCAGGGGAAAAAGTACTTA  
GATGGTGGTTTATCTGATAGTATTTCCCGTTGATTTTGCCCGTGGTTTAGGATTTGACAAG  
TTGATTGTTGTGATGACTAGGCCGCTCAATTATCAGAAAAAGCCTTCAAGTGGACGATTG  
TATAAACTCTGTATAGGAAATATCCTAATTTGTAAAGACAGCCTCGAATCGGTACCAA  
CAGTATAATAATAGTCTTGAAAAGGTCATGAGCCTTGAAAAACAGGCGATCTATTTGCA  
ATTAGACCGAGTAAGAGCTTGTTATTGGCCGCTTAGAGAAGAATCCGGATAAACTTGAT  
AGTATTTATCAGCTTGGTATGAAAGATGCTAAAAGTGTGATGCCTGAGCTGAATAGTTAT  
CTAATGAAA

## SEQ ID NO. 7702

STRAIN 090

CCTATGTTGCTGTTGGTTTAGTTTTAG  
AGGGTGGCGGAATGAGAGGCTTTTATACTGCTGGAGTTTATAGATGCTTTT  
CTAGATGCAGGAATAAAATAGATGGTATCGTATCTGTCTCTGCTGGTGC  
ATTGTTTGGTGTTAATTTGTATCTAGACAACGAGAGAGGGCTTTGCGAT  
ACAATAAAAAGTATTTATCCCACCCTAAATATATGAGTCTAAGGTCATGG  
TTTCGAACAGGGAATTTGTTAATAAAGATTTACCTATTATGAAGTTCC  
TATGAAATGGATGTATTTGACGATGAAGCATTAAAAAATCAAGTATTG  
ATTTTTACGTAGTTGCTACAGAGATGACATCTGGTAAACCTGAATATTTT  
AAAATTGATAGTGTATTTGAACAAATGGAAATTTTACGTGCTAGTTCAGC  
ATTACAGTAGTCTCAAAGATGGTTGATTGGCAGGGGAAAAAGTACTTAG  
ATGGTGGTTTATCTGATAGTATTCCCGTTGATTTTGCCCGTGGTTTAGGA  
TTTGACAAGTTGATTGTTGTGATGACTAGGCCGCTCAATTATCAGAAAAA  
GCCTTCAAGTGGACGATTGTATAAACTCTGTATAGGAAATATCCTAATT  
TTGTAAAGACAGCCTCGAATCGGTACCAACAGTATAATAATAGTCTTGAA  
AAGGTCATGAGCCTTGAAAAAACAGGCGATCTATTTGCAATTAGACCGAG  
TAAGAGCTTGTTATTGGCCGCTTAGAGAAGAATCCGGATAAACTTGATA  
GTATTTATCAGCTTGGTATGAAAGATGCTAAAAGTGTGATGCCTGAGCTG  
AATAGTTATCTAATGAAA

## SEQ ID NO. 7703

STRAIN A909

CCTATGTTGCTGTTGGTTTAGTTTTAGAG  
GGTGGCGGAATGAGAGGCTTTTATACTGCTGGAGTTTATAGATGCTTTTCT



## SEQUENCE LISTING

AGATGCAGGAATAAAAGTAGATGGTATCATATCTGTCTCTGCTGGTGCAT  
 TGTTTGGTGTTAATTTTGTATCTAGACAACGAGAGAGGGCTTTGCGATAC  
 AATAAAAAGTATTTATCCACCCTAAATATATGAGTCTAAGGTCATGGCT  
 TCGAACAGGGAATTTTGTAAATAAAGATTTACCTATTATGAAGTTCCTA  
 TGAAATTGGATGTATTTGACGATGAAGCATTAAAAAATCAAGTATTGAT  
 TTTTACGCGAGTTGCTACAGAGATGACATCTGGTAAACCTGAGTATTTTAA  
 AATTGATAGTGTTTTTGAACAAATGGAAATTTTACGTGCTAGTTCAGCAT  
 TACCAGTAGTCTCAAAGATGGTTGTTTGGCAGGGGAAAAAGTACTTAGAT  
 GGTGGTTTATCTGATAGTATTCCCGTTGATTTTGCCCGTGGTTTAGGATT  
 TGACAAGTTGATTGTTGTGATGACTAGGCCGCTCAATTATCAGAAAAAGC  
 CTTCAAGTGGACGATTGTATAAACTCTGTATAGGAAATATCCTAATTTT  
 GTAAAGACAGCCTCGAACCGGTACCAACAGTATAATAATAGCCTTGAAAA  
 GGTGATGAGCCTTGAAAAACAGGCGATCTATTTGCAATTAGACCAAGTA  
 AGAGCTTGGTTATTGGCCGCTTAGAGAAGAATCCGGATAAACTTGATAGT  
 ATTTATCAGCTTGGTATGAAAGATGCTAAAAGTGGGATGCCTGAGCTGAA  
 TAGTTATCTAATGAAA

## SEQ ID NO. 7704

STRAIN H36B

CCTATGTTGTCTGTTGGTTTAGTTTTAG  
 AGGGTGGCGGAATGAGAGGTCTTTATACTGCTGGAGTTTTAGATGCTTTT  
 CTAGATGCAGGAATAAAAGTAGATGGTATCATATCTGTCTCTGCTGGTGC  
 ATTGTTTGGTGTTAATTTTGTATCTAGACAACGAGAGAGGGCTTTGCGAT  
 ACAATAAAAAGTATTTATCCACCCTAAATATATGAGTCTAAGGTCATGG  
 CTTGCAACAGGGAATTTTGTAAATAAAGATTTACCTATTATGAAGTTC  
 TATGAAATTGGATGTATTTGACGATGAAGCATTAAAAAATCAAGTATTG  
 ATTTTTACGCGAGTTGCTACAGAGATGACATCTGGTAAACCTGAGTATTTT  
 AAAATTGATAGTGTTTTTGAACAAATGGAAATTTTACGTGCTAGTTCAGC  
 ATTACCAGTAGTCTCAAAGATGGTTGTTTGGCAGGGGAAAAAGTACTTAG  
 ATGGTGGTTTATCTGATAGTATTCCCGTTGATTTTGCCCGTGGTTTAGGA  
 TTTGACAAGTTGATTGTTGTGATGACTAGGCCGCTCAATTATCAGAAAA  
 GCCTTCAAGTGGACGATTGTATAAACTCTGTATAGGAAATATCCTAATT  
 TTGTAAAGACAGCCTCGAACCGGTACCAACAGTATAATAATAGCCTTGAA  
 AAGGTCATGAGCCTTGAAAAACAGGCGATCTATTTGCAATTAGACCAAG  
 TAAGAGCTTGGTTATTGGCCGCTTAGAGAAGAATCCGGATAAACTTGATA  
 GTATTTATCAGCTTGGTATGAAAGATGCTAAAAGTGGGATGCCTGAGCTG  
 AATAGTTATCTAATGAAA

## SEQ ID NO. 7705

STRAIN 18RS21

CCTATGTTGTCTGTTGGTTTAGTTTTAGAGG  
 GTGGCGGAATGAGAGGTCTTTATACTGCTGGAGTTTTAGATGCTTTTCTA  
 GATGCAGGAATAAAAATAGATGGTATCGTATCTGTCTCTGCTGGTGCATT  
 GTTTGGTGTTAATTTTGTATCTAGACAACGAGAGAGGGCTTTGCGATACA  
 ATAAAAGTATTTATCCACCCTAAATATATGAGTCTAAGGTCATGGTTT  
 CGAACAGGGAATTTTGTAAATAAAGATTTACCTATTATGAAGTTCCTAT  
 GAAATTGGATGTATTTGACGATGAAGCATTAAAAAATCAAGTATTGATT  
 TTTACGTAGTTGCTACAGAGATGACATCTGGTAAACCTGAATATTTAAA  
 ATTGATAGTGTTTTTGAACAAATGGAATTTTACGTGCTAGTTCAGCATT  
 ACCAGTAGTCTCAAAGATGGTTGATTGGCAGGGGAAAAAGTACTTAGATG  
 GTGGTTTATCTGATAGTATTCCCGTTGATTTTGCCCGTGGTTTAGGATT  
 GACAAGTTGATTGTTGTGATGACTAGGCCGCTCAATTATCAGAAAAAGCC  
 TTCAAGTGGACGATTGTATAAACTCTGTATAGGAAATATCCTAATTTTG  
 TAAAGACAGCCTCGAATCGGTACCAACAGTATAATAATAGTCTTGAAAAG  
 GTCATGAGCCTTGAAAAACAGGCGATCTATTTGCAATTAGACCGAGTAA  
 GAGCTTGGTTATTGGCCGCTTAGAGAAGAATCCGGATAAACTTGATAGTA  
 TTTATCAGCTTGGTATGAAAGATGCTAAAAGTGTGATGCCTGAGCTGAAT  
 AGTTATCTAATGAAA

## SEQ ID NO. 7706

STRAIN M732

CCTATGTTGTCTGTTGGTTTAGTTTTAGA  
 GGGTGGCGGAATGAGAGGTCTTTATACTGCTGGAGTTTTAGATGCTTTTC  
 TAGATGCAGGAATAAAAATAGATGGTATCGTATCTGTCTCTGCGGTGCA

## SEQUENCE LISTING

TTGTTTGGTGTTAATTTTGTATCTAGACAACGAGAGAGGGCTTTGCGATA  
 CAATAAAAAGTATTTATCCCACCCTGAATATATGAGTCTAAGATCATGGC  
 TTGGAACAGGGAATTTTGTAAATAAAGATTTACCTATTATGAAGTTCCCT  
 ATGAAATTGGATGTATTTGACGATGAAGCATTTAAAAAATCAAGTATTGA  
 TTTTACGTAGTTGCTACAGAGATGACATCTGGTAAACCTGAATATTTTA  
 AAATTGATAGTGTATTTTGAACAAATGGAAATTTTACGTGCTAGTTCAGCA  
 TTACCAGTAGTCTCAAAGATGGTTGATTGGCAGGGGAAAAAGTACTTAGA  
 TGGTGGTTTATCTGATAGTATTTCCCGTTGATTTGCCCGTGGTTTAGGAT  
 TTGACAAGTTGATTGTTGTGATGACTAGGCCCTCAATTATCAGAAAAAG  
 CCTTCAAGTGGACGATTGTATAAACTCTGTATAGGAAATATCCTAATTT  
 TGTAAAGACAGCCTCGAATCGGTACCAACAGTATAATAATAGTCTTGAAA  
 AGGTCATGAGCCTTGAAAAACAGGCGATCTATTTGCAATTAGACCGAGT  
 AAGAGCTTGGTTATTGGCCGCTTAGAGAAGAATCCGGATAAACTTGATAG  
 TATTTATCAGCTTGGTATGAAATATGCTAAAAGTGTGATGCCTGAGCTGA  
 ATAGTTATCTAATGAAA

## SEQ ID NO. 7707

STRAIN COH1

CCTATGTTGTCTGTTGGTTTAGTTTTA  
 GAGGGTGGCGGAATGAGAGGTCTTTATACTGCTGGAGTTTTAGATGCTTT  
 TCTAGATGCAGGAATAAAAATAGATGGTATCGTATCTGTCTCTGCGGGTG  
 CATTGTTTGGTGTTAATTTTGTATCTAGACAACGAGAGAGGGCTTTGCCGA  
 TACAATAAAAAGTATTTATCCCACCCTGAATATATGAGTCTAAGATCATG  
 GCTTCGAACAGGGAATTTTGTAAATAAAGATTTACCTATTATGAAGTTC  
 CTATGAAATTGGATGTATTTGACGATGAAGCATTTAAAAAATCAAGTATT  
 GATTTTACGTAGTTGCTACAGAGATGACATCTGGTAAACCTGAATATTT  
 TAAAAATTGATAGTGTATTTGAACAAATGGAAATTTTACGTGCTAGTTCAG  
 CATTACCAGTAGTCTCAAAGATGGTTGATTGGCAGGGGAAAAAGTACTTA  
 GATGGTGGTTTATCTGATAGTATTCCCGTTGATTTGCCCGTGGTTTAGG  
 ATTTGACAAGTTGATTGTTGTGATGACTAGGCCGCTCAATTATCAGAAAA  
 AGCCTTCAAGTGGACGATTGTATAAACTCTGTATAGGAAATATCCTAAT  
 TTTGTAAAGACAGCCTCGAATCGGTACCAACAGTATAATAATAGTCTTGA  
 AAAGGTCATGAGCCTTGAAAAACAGGCGATCTATTTGCAATTAGACCGA  
 GTAAGAGCTTGGTTATTGGCCGCTTAGAGAAGAATCCGGATAAACTTGAT  
 AGTATTTATCAGCTTGGTATGAAATATGCTAAAAGTGTGATGCCTGAGCT  
 GAATAGTTATCTAATGAAA

## SEQ ID NO. 7708

STRAIN M781

CCTATGTTGTCTGTTGGTTTAGTTTTAG  
 AGGGTGGCGGAATGAGAGGTCTTTATACTGCTGGAGTTTTAGATGCTTTT  
 CTAGATGCAGGAATAAAAATAGATGGTATCGTATCTGTCTCTGCGGGTG  
 ATTGTTTGGTGTTAATTTTGTATCTAGACAACGAGAGAGGGCTTTGCGAT  
 ACAATAAAAAGTATTTATCCCACCCTGAATATATGAGTCTAAGATCATGG  
 CTTGGAACAGGGAATTTTGTAAATAAAGATTTACCTATTATGAAGTTCC  
 TATGAAATTGGATGTATTTGACGATGAAGCATTTAAAAAATCAAGTATTG  
 ATTTTACGTAGTTGCTACAGAGATGACATCTGGTAAACCTGAATATTTT  
 AAAATTGATAGTGTATTTGAACAAATGGAAATTTTACGTGCTAGTTCAGC  
 ATTACCAGTAGTCTCAAAGATGGTTGATTGGCAGGGGAAAAAGTACTTAG  
 ATGGTGGTTTATCTGATAGTATTCCCGTTGATTTGCCCGTGGTTTAGGA  
 TTTGACAAGTTGATTGTTGTGATGACTAGGCCGCTCAATTATCAGAAAA  
 GCCTTCAAGTGGACGATTGTATAAACTCTGTATAGGAAATATCCTAATT  
 TTGTAAAGACAGCCTCGAATCGGTACCAACAGTATAATAATAGTCTTGAA  
 AAGGTCATGAGCCTTGAAAAACAGGCGATCTATTTGCAATTAGACCGAG  
 TAAGAGCTTGGTTATTGGCCGCTTAGAGAAGAATCCGGATAAACTTGATA  
 GTATTTATCAGCTTGGTATGAAATATGCTAAAAGTGTGATGCCTGAGCTG  
 AATAGTTATCTAATGAAA

## SEQ ID NO. 7709

STRAIN CJB110

CCTATGTTGTCTGTTGGTTTAGTTTTA  
 GAGGGTGGCGGAATGAGAGGTCTTTATACTGCTGGAGTTTTAGATGCTTT  
 TCTAGATGCAGGAATAAAAATAGATGGTATCGTATCTGTCTCTGCTGGTG  
 CATTGTTTGGTGTTAATTTTGTATCTAGACAACGAGAGAGGGCTTTGCCGA

## SEQUENCE LISTING

TACAATAAAAAGTATTTATCCCACCCTAAATATATGAGTCTAAGGTCATG  
 GTTTCGAACAGGGAATTTTGTAAATAAGATTTACCTATTATGAAGTTC  
 CTATGAAATTGGATGTATTTGACGATGAAGCATTAAAAAATCAAGTATT  
 GATTTTACGTAGTTGCTACAGAGATGACATCTGGTAAACCTGAATATTT  
 TAAAATTGATAGTGTTTTGAACAAATGGAAATTTACGTGCTAGTTTACG  
 CATACCAGTAGTCTCAAAGATGGTTGATTGGCAGGGGAAAAAGTACTTA  
 GATGGTGGTTTATCTGATAGTATTTCCCGTTGATTTGCCCCGTGGTTAGG  
 ATTTGACAAGTTGATTGTTGTGATGACTAGGCCGCTCAATTATCAGAAAA  
 AGCCTTCAAGTGGACGATTGTATAAACTCTGTATAGGAAATATCCTAAT  
 TTTGTAAAGACAGCCTCGAATCGGTACCAACAGTATAATAATAGTCTTGA  
 AAAGGTCATGAGCCTTGAAAAACAGGCGATCTATTTGCAATTAGACCGA  
 GTAAGAGCTTGGTTATTGGCCGCTTAGAGAAGAATCCGGATAAACTTGAT  
 AGTATTTATCAGCTTGGTATGAAAGATGCTAAAAGTGTGATGCCTGAGCT  
 GAATAGTTATCTAATGAAA

## SEQ ID NO. 7710

STRAIN 1169NT

CCTATGTTGTCTGTTGGTTTAGTTTTAGAGGGTG  
 GCGGAATGAGAGGTCCTTATACTGCTGGAGTTTATAGATGCTTTTCTAGAT  
 GCAGGAATAAAAATAGATGGTATCGTATCTGTCTCTGCGGGTGCATTGTT  
 TGGTGTAAATTTTGTATCTAGACAACGAGAGAGGGCTTTGCGATACAATA  
 AAAAGTATTTATCCCACCCTAAATATATGAGTCTAAGATCATGGCTTCGA  
 ACAGGGAATTTTGTAAATAAGATTTACCTATTATGAAGTTCCTATGAA  
 ATTGGATGTATTTGACGATGAAGCATTTAAAAAATCAAGTATTGATTTT  
 ACGCAGTTGCTACAGAGATGACATCTGGTAAACCTGAATATTTTAAAT  
 GATAGTGTCTTTGAACAAATGGAAATTTACGTGCTAGTTTACGATTACC  
 AGTAGTCTCAAAGATGGTTGATTGGCAGGGGAAAAAGTACTTAGATGGTG  
 GTTTATCTGATAGTATCCCCGTGATTTTGGCCGTGGTTTAGGATTGAC  
 AAGTTGATTGTTGTGATGACTAGGCCGCTCAATTATCAGAAAAAGCCTTC  
 AAGTGGACGATTGTATAAACTCTGTATAGGAAATATCCTAATTTTGTAA  
 AGACAGCCTCGAATCGGTACCAACAGTATAATAATAGCCTTGAAAAGGTC  
 ATGAGCCTTGAAAAACAGGCGATCTATTTGCAATTAGGCCGAGTAAAAG  
 CTTGGTTATTGTCCGCTTAGAGAAGAATCCGGATAAACTTGATAGTATTT  
 ATCAGCTTGGTATGAAAGATGCTAAAAGTGTGATGCCTGAGCTGAATAGT  
 TATCTAATGAAA

## SEQ ID NO. 7711

STRAIN JM9130013

CCTATGTTGTCTGTTGGTTTAGTTTTAGAG  
 GGTGGCGGAATGAGAGGTCCTTATACTGCTGGAGTTTATAGATGCTTTTCT  
 AGATGCAGGAATAAAGTAGATGGTATCATATCTGTCTCTGCTGGTGCA  
 TGTGTTGGTTAATTTTGTATCTAGACAACGAGAGAGGGCTTTGCGATAC  
 AATAAAAAGTATTTATCCCACCCTAAATATATGAGTCTAAGGTCATGGCT  
 TCGAACAGGGAATTTTGTAAATAAGATTTACCTATTATGAAGTTCCTA  
 TGAAATTGGATGTATTTGACGATGAAGCATTTAAAAAATCAAGTATTGAT  
 TTTTACGCAGTTGCTACAGAGATGACATCTGGTAAACCTGAGTATTTTAA  
 AATTGATAGTGTGTTTGAACAAATGGAAATTTTACGTGCTAGTTTACGCAT  
 TACCAGTAGTCTCAAAGATGGTTGTTTGGCAGGGGAAAAAGTACTTAGAT  
 GGTGGTTTATCTGATAGTATTTCCCGTTGATTTTGGCCGTGGTTTAGGATT  
 TGACAAGTTGATTGTTGTGATGACTAGGCCGCTCAATTATCAGAAAAAGC  
 CTTCAAGTGGACGATTGTATAAACTCTGTATAGGAAATATCCTAATTTT  
 GTAAAGACAGCCTCGAACCCTGACCAACAGTATAATAATAGCCTTGAAAA  
 GGTGATGAGCCTTGAAAAACAGGCGATCTATTTGCAATTAGACCAAGTA  
 AGAGCTTGGTTATTGGCCGCTTAGAGAAGAATCCGGATAAACTTGATAGT  
 ATTTATCAGCTTGGTATGAAAGATGCTAAAAGTGGGATGCCTGAGCTGAA  
 TAGTTATCTAATGAAA

## SEQ ID NO. 7712

STRAIN 2603 frame: 1

PMLSVGLVLEGGMRGLYTAGVLDLDAFLDAGIKIDGIVSVSAGALFGVNFVSRQRERALRY  
 NKKYLSHPKYSLSWFRGTGNEFNKDFTYEYVPMKLDVFDDEAFKSSIDFYVVATEMTS  
 GKPEYFKIDSVEFQMEILRSSALPVSVMVDWQGGKYLDGGLSDSIPVDFARGLGFDKL  
 IVMTRPLNYQKKPSSGRLYKTLRYKYPNFVKTASNRYQQYNNLSLEKVMSEKTDGLFAI  
 RPSKSLVIGRLEKNPDKLDLSIYQLGMKDAKSMPELNSYLMK

## SEQUENCE LISTING

## SEQ ID NO. 7713

STRAIN 090 frame: 1

PMLSVGLVLEGGGMRGLYTAGVLDNFLDAGIKIDGIVSVSAGALFGVNFVSRQRERALRY  
NKKYL SHPKYMSLR SWLRTGNFVNKDFTYEVEPMKLDVDFDEAFKKSSIDFYV VATEMTS  
GKPEYFKIDS VFEQMEILRASSALPVVSKMVDWQGKKYLDGGLSDSIPVDFARGLGFDKL  
IVVMTRPLNYQKKPSSGRLYKTLRKYPNFVK TASNRYQQYNNSLEKVM SLEKTGDLFAI  
RPSKSLVIGRLEKNPDKLDSIYQLGMKDAKSVMP ELNSYLMK

## SEQ ID NO. 7714

STRAIN A909 frame: 1

PMLSVGLVLEGGGMRGLYTAGVLDNFLDAGIKVDGIISVSAGALFGVNFVSRQRERALRY  
NKKYL SHPKYMSLR SWLRTGNFVNKDFTYEVEPMKLDVDFDEAFKKSSIDFYV VATEMTS  
GKPEYFKIDS VFEQMEILRASSALPVVSKMVDWQGKKYLDGGLSDSIPVDFARGLGFDKL  
IVVMTRPLNYQKKPSSGRLYKTLRKYPNFVK TASNRYQQYNNSLEKVM SLEKTGDLFAI  
RPSKSLVIGRLEKNPDKLDSIYQLGMKDAKSGMPELNSYLMK

## SEQ ID NO. 7715

STRAIN H36B frame: 1

PMLSVGLVLEGGGMRGLYTAGVLDNFLDAGIKVDGIISVSAGALFGVNFVSRQRERALRY  
NKKYL SHPKYMSLR SWLRTGNFVNKDFTYEVEPMKLDVDFDEAFKKSSIDFYV VATEMTS  
GKPEYFKIDS VFEQMEILRASSALPVVSKMVDWQGKKYLDGGLSDSIPVDFARGLGFDKL  
IVVMTRPLNYQKKPSSGRLYKTLRKYPNFVK TASNRYQQYNNSLEKVM SLEKTGDLFAI  
RPSKSLVIGRLEKNPDKLDSIYQLGMKDAKSGMPELNSYLMK

## SEQ ID NO. 7716

STRAIN 18RS21 frame: 1

PMLSVGLVLEGGGMRGLYTAGVLDNFLDAGIKIDGIVSVSAGALFGVNFVSRQRERALRY  
NKKYL SHPKYMSLR SWLRTGNFVNKDFTYEVEPMKLDVDFDEAFKKSSIDFYV VATEMTS  
GKPEYFKIDS VFEQMEILRASSALPVVSKMVDWQGKKYLDGGLSDSIPVDFARGLGFDKL  
IVVMTRPLNYQKKPSSGRLYKTLRKYPNFVK TASNRYQQYNNSLEKVM SLEKTGDLFAI  
RPSKSLVIGRLEKNPDKLDSIYQLGMKDAKSVMP ELNSYLMK

## SEQ ID NO. 7717

STRAIN M732 frame: 1

PMLSVGLVLEGGGMRGLYTAGVLDNFLDAGIKIDGIVSVSAGALFGVNFVSRQRERALRY  
NKKYL SHPEYMSLR SWLRTGNFVNKDFTYEVEPMKLDVDFDEAFKKSSIDFYV VATEMTS  
GKPEYFKIDS VFEQMEILRASSALPVVSKMVDWQGKKYLDGGLSDSIPVDFARGLGFDKL  
IVVMTRPLNYQKKPSSGRLYKTLRKYPNFVK TASNRYQQYNNSLEKVM SLEKTGDLFAI  
RPSKSLVIGRLEKNPDKLDSIYQLGMKYAKSVMP ELNSYLMK

## SEQ ID NO. 7718

STRAIN COH1 frame: 1

PMLSVGLVLEGGGMRGLYTAGVLDNFLDAGIKIDGIVSVSAGALFGVNFVSRQRERALRY  
NKKYL SHPEYMSLR SWLRTGNFVNKDFTYEVEPMKLDVDFDEAFKKSSIDFYV VATEMTS  
GKPEYFKIDS VFEQMEILRASSALPVVSKMVDWQGKKYLDGGLSDSIPVDFARGLGFDKL  
IVVMTRPLNYQKKPSSGRLYKTLRKYPNFVK TASNRYQQYNNSLEKVM SLEKTGDLFAI  
RPSKSLVIGRLEKNPDKLDSIYQLGMKYAKSVMP ELNSYLMK

## SEQ ID NO. 7719

STRAIN M781 frame: 1

PMLSVGLVLEGGGMRGLYTAGVLDNFLDAGIKIDGIVSVSAGALFGVNFVSRQRERALRY  
NKKYL SHPEYMSLR SWLRTGNFVNKDFTYEVEPMKLDVDFDEAFKKSSIDFYV VATEMTS  
GKPEYFKIDS VFEQMEILRASSALPVVSKMVDWQGKKYLDGGLSDSIPVDFARGLGFDKL  
IVVMTRPLNYQKKPSSGRLYKTLRKYPNFVK TASNRYQQYNNSLEKVM SLEKTGDLFAI  
RPSKSLVIGRLEKNPDKLDSIYQLGMKYAKSVMP ELNSYLMK

## SEQ ID NO. 7720

STRAIN CJB110 frame: 1

PMLSVGLVLEGGGMRGLYTAGVLDNFLDAGIKIDGIVSVSAGALFGVNFVSRQRERALRY  
NKKYL SHPKYMSLR SWLRTGNFVNKDFTYEVEPMKLDVDFDEAFKKSSIDFYV VATEMTS  
GKPEYFKIDS VFEQMEILRASSALPVVSKMVDWQGKKYLDGGLSDSIPVDFARGLGFDKL  
IVVMTRPLNYQKKPSSGRLYKTLRKYPNFVK TASNRYQQYNNSLEKVM SLEKTGDLFAI  
RPSKSLVIGRLEKNPDKLDSIYQLGMKDAKSVMP ELNSYLMK

## SEQUENCE LISTING

## SEQ ID NO. 7721

STRAIN JM9130013 frame: 1

PMLSVGLVLEGGMRGLYTAGVLDAGIKVDGIISVSAGALFGVNFVSRQERERALRY  
 NKKYL SHPKYMSLR SWLRTGNFVNKDFTYYEVPKLDVFDDEAFKSSIDFYAVATEMTS  
 GKPEYFKIDSVFEQMEILRASSALPVVSKMVVWQKKYLDGGLSDSIPVDFARGLGFDKL  
 IVVMTRPLNYQKKPSSGRLYKTLRKYPNFVKTASNRYQQYNNSLEKVMSEKTDGLFAI  
 RPSKSLVIGRLEKNPDKLDSIYQLGMKDAKSGMPELNSYLMK

## SEQ ID NO. 7722

STRAIN 1169NT frame: 1

PMLSVGLVLEGGMRGLYTAGVLDAGIKIDGIVSVSAGALFGVNFVSRQERERALRY  
 NKKYL SHPKYMSLR SWLRTGNFVNKDFTYYEVPKLDVFDDEAFKSSIDFYAVATEMTS  
 GKPEYFKIDSVFEQMEILRASSALPVVSKMVDWQKKYLDGGLSDSIPVDFARGLGFDKL  
 IVVMTRPLNYQKKPSSGRLYKTLRKYPNFVKTASNRYQQYNNSLEKVMSEKTDGLFAI  
 RPSKSLVIVRLEKNPDKLDSIYQLGMKDAKSVMPPELNSYLMK

## SEQ ID NO. 7801

STRAIN 2603

ATGAAAGTTTTAGTAGTTGATGATGAACCAAGTTGCACGTAACGAATTAATTTACCTTCTT  
 AATAAGTATGATTCTAACCTCGTTATAGCAGAGGCGCATGATATGGCTACTGCATTAGCT  
 ATTTTACTTAGAGAACTTTTGATGATGACTGTTAGATATCCATCTCAGAGATGATTCT  
 GGGTTGCAATTAGCAGAGTATATCAATAAAATGCCCAAACCACTATTGATATTTGCG  
 ACTGCTTATGATCAATATGCTATTTCAGGCTTTTGAGCATGATGCGCGTGATTATTGTTA  
 AAACCTATGATTTTGATAGGCTAAAGCAAGCTATGGATAGAGTAAAGGAGCGCTAAGT  
 ACATCTACAATTATAGAGAGCGTAACCTCCGGTCTCTCTTCAAGCAACAGTATCCATTG  
 ACAGTAGAAGATCGAATCTATCTGGTGTGCGCGGATGATATCCTTTTGATTGAAGCTATG  
 CAAGGAAAACCTGATTATACAAACACCTGATAAAAATTATGAAATTGATGGCTCTCTACAA  
 CAATGGCAAGATAAACTACCATCATCTCAATTTGTACGGGTACATCGCTCTTACATTGTG  
 AACATTAATGCTATTAAACGATTGAACCTTGGTTTAAACCAACACTTCAGTTACACCTT  
 TGTAATAAAATAACAGTTTCTGTAGCAGAGCAAATGTAAAACCCCTAAAACAAATGTTA  
 GGCATATCTACC

## SEQ ID NO. 7802

STRAIN 090

AAAGTTTTAGTAGTTGATGATGAACCAAGTTGCACGTAA  
 CGAATTAATTTACCTTCTTAATAAGTATGATTCTAACCTCGTTATAGCAG  
 AGGCGCATGATATGGCTACTGCATTAGCTATTTTACTTAGAGAACTTTT  
 GATGTAGCACTGTTAGATATCCATCTCAGAGATGATTCTGGGTTGCAATT  
 AGCAGAGTATATCAATAAAATGCCCAAACCACTATTGATATTTGCGA  
 CTGCTTATGATCAATATGCTATTTCAGGCTTTTGAGCATGATGCGCGTGAT  
 TATTTGTTAAACCTATGATTTTGATAGGCTAAAGCAAGCTATGGATAG  
 AGTAAAGGAGCGCTAAGTACATCTACAATTATAGAGAGCGTAACCTCCG  
 GTCCTCTCTTCAAGCAACAGTATCCATTGACAGTAGAAGATCGAATCTAT  
 CTGGTGTGCGCGGATGATATCCTTTTGATTGAAGCTATGCAAGGAAAAC  
 GATTATACAAACACCTGATAAAAATTATGAAATTGATGGCTCTCTACAAC  
 AATGGCAAGATAAACTACCATCATCTCAATTTGTACGGGTACATCGCTCT  
 TACATTGTGAACATTAATGCTATTAAACGATTGAACCTTGGTTTAAACCA  
 AACACTTCAGTTACACCTTTGTAATAAAATAACAGTTCTGTAGCAGAG  
 CAAATGTAAAACCCCTAAAACAAATGTTAGGCATATCTACC

## SEQ ID NO. 7803

STRAIN A909

AAAGTTTTAGTAGTTGATGATGAACCAAGTTGCACGTAAAC  
 GAATTAATTTACCTTCTTAATAAGTATGATTCTAACCTCGTTATAGCAGA  
 GCGCATGATATGGCTACTGCATTAGCTATTTTACTTAGAGAACTTTTG  
 ATGTAGCACTGTTAGATATCCATCTCAGAGATGATTCTGGGTTGCAATTA  
 GCAGAGTATATCAATAAAATGCCCAAACCACTATTGATATTCGCGAC  
 TGCTTATGATCAATATGCTATTCAAGCTTTTGAGCATGATGCGCGTGATT  
 ATTTGTTAAACCCCTATGAGTTTGATAGGCTAAAGCAAGCTATGGATAGA  
 GTAAAAGGAGCGCTAAGTACATCTACAATTATAGAGAGCGTAACCTCCG  
 CCTCTCTTCAAGCAACAGTATCCATTGACAGTAGAAGATCGAATCTATC  
 TGGTGTGCGCGGATGATATCCTTTTGATTGAAGCTATGCAAGGAAAACG  
 ATTATACAAACACCTGATAAAAATTATGAAATTGATGGCTCTCTACAACA

## SEQUENCE LISTING

ATGGCAAGATAAACTACCATCATCTCAATTTGTACGGGTGCACCGCTCTT  
 ACATTGTGAATATTAATGCTATTAACGATTGAACCTTGGTTAAACAA  
 ACACTTCAGTTACACCTTTGTAATAAAATAACAGTTCCTGTTAGCAGAGC  
 AAATGTAAACCCCTAAACAAATGTTAGGCATATCTACC

## SEQ ID NO. 7804

STRAIN H36B

AAAGTTTTAGTAGTTGATGATGAACCAAGTTGCACGT  
 AACGAATTAATTTACCTTCTTAATAAGTATGATTCTAACCTCGTTATAGC  
 AGAGGCGCATGATATGGCTACTGCATTAGCTATTTACTTAGAGAACTT  
 TTGATGTAGCACTGTTAGATATCCATCTCAGAGATGATTCTGGGTTGCAA  
 TTAGCAGAGTATATCAATAAAATGCCCAAACCACCATTATTGATATTGCG  
 GACTGCTTATGATCAATATGCTATTTCAAGCTTTTGTAGCATGATGCGCGTG  
 ATTTATTTGTTAAACCCCTATGAGTTTGTAGGCTAAAGCAAGCTATGGAT  
 AGAGTAAAAGGAGCGCTAAGTACATCTACAATTATAGAGAGCGTAACTTC  
 CGGCCCTCTCTTCAAGCAACAGTATCCATTGACAGTAGAAGATCGAATCT  
 ATCTGGTGTGCGCGGATGATATCCTTTTGTATTGAAGCTATGCAAGGAAAA  
 CTGATTATACAAACACCTGATAAAATTATGAAATTGATGGCTCTCTACA  
 ACAATGGCAAGATAAACTACCATCATCTCAATTTGTACGGGTGCACCGCT  
 CTTACATTGTGAATATTAAATGCTATTAACGATTGAACCTTGGTTAAAC  
 CAAACACTTCAGTTACACCTTTGTAATAAAATAACAGTTCCTGTTAGCAG  
 AGCAAATGTAAACCCCTAAACAAATGTTAGGCATATCTACC

## SEQ ID NO. 7805

STRAIN 18RS21

AAAGTTTTAGTAGTTGATGATGAACCAAGTTGCACGTAAC  
 GAATTAATTTACCTTCTTAATAAGTATGATTCTAACCTCGTTATAGCAGA  
 GGCGCATGATATGGCTACTGCATTAGCTATTTACTTAGAGAACTTTTG  
 ATGTAGCACTGTTAGATATCCATCTCAGAGATGATTCTGGGTTGCAATTA  
 GCAGAGTATATCAATAAAATGCCCAAACCACCATTATTGATATTGCGAC  
 TGCTTATGATCAATATGCTATTTCAAGCTTTTGTAGCATGATGCGCGTGATT  
 ATTTGTTAAACCCCTATGATTTTGTAGGCTAAAGCAAGCTATGGATAGA  
 GTAAAAGGAGCGCTAAGTACATCTACAATTATAGAGAGCGTAACTCCGG  
 TCCTCTCTTCAAGCAACAGTATCCATTGACAGTAGAAGATCGAATCTATC  
 TGGTGTGCGCGGATGATATCCTTTTGTATTGAAGCTATGCAAGGAAACTG  
 ATTATACAAACACCTGATAAAATTATGAAATTGATGGCTCTCTACAACA  
 ATGGCAAGATAAACTACCATCATCTCAATTTGTACGGGTACATCGCTCTT  
 ACATTGTGAACATTAAATGCTATTAACGATTGAACCTTGGTTAAACAA  
 ACACCTTCAGTTACACCTTTGTAATAAAATAACAGTTCCTGTTAGCAGAGC  
 AAATGTAAACCCCTAAACAAATGTTAGGCATATCTACC

## SEQ ID NO. 7806

STRAIN M732

AAAGTTTTAGTAGTTGATGATGAACCAAGTT  
 GCACGTAACGAATTAATTTACCTTCTTAATAAGTATGATTCTAACCTCGT  
 TATAGCAGAGGCGCATGATATGGCTACTGCATTAGCTATTTACTTAGAG  
 AAACCTTTTGTAGTAGCACTGTTAGATATCCATCTCAGAGATGATTCTGGG  
 TTGCAATTAGCAGAGTATATCAATAAAATGCCCAAACCACCATTATTGAT  
 ATTCGCGACTGCTTATGATCAATATGCTATTTCAAGCTTTTGTAGCAGGATG  
 CGCGTGATTATTTGTTAAACCCCTATGAGTTTGTAGGTTAAAGCAAGCT  
 ATGGATAGAGTAAAAGGAGCGCTAAGTACATCTACAATTATAGAGAGCGT  
 AGCTTCCGTCCTCTCTTCAAGCAACAGTATCCATTGACAGTAGAAGATC  
 GAATCTATCTGGTGTGCGCGGATGATATCCTTTTGTATTGAAGCTATGCAA  
 GGAAACTGATTATACAAACACCTGATAAAATTATGAAATTGATGGCTC  
 TCTACAACAATGGCAAGATAAACTACCATCATCTCAATTTGTACGGGTAC  
 ATCGCTCTTACATTGTGAATATTAAATGCTATTAACGATTGAACCTTGG  
 TTTAACCAACACTTCAGTTACACCTTTGTAATAAAATAACAGTTCCTGT  
 TAGCAGAGCAAATGTAAACCCCTAAACAAATGTTAGGCATATCTACC

## SEQ ID NO. 7807

STRAIN COH1

AAAGTTTTAGTAGTTGATGATGAACCAAGTTGCACGTA  
 ACGAATTAATTTACCTTCTTAATAAGTATGATTCTAACCTCGTTATAGCA  
 GAGGCGCATGATATGGCTACTGCATTAGCTATTTACTTAGAGAACTTT

## SEQUENCE LISTING

TGATGTAGCACTGTTAGATATCCATCTCAGAGATGATTCTGGGTTGCAAT  
 TAGCAGAGTATATCAATAAAATGCCCAAACCACCATTATTGATATTCGCG  
 ACTGCTTATGATCAATATGCTATTCAGGCTTTTGAGCAGGATGCGCGTGA  
 TTATTTGTTAAAACCCCTATGAGTTTGATAGGTTAAAGCAAGCTATGGATA  
 GAGTAAAAGGAGCGCTAAGTACATCTACAATTATAGAGAGCGTAGCTTCC  
 GGTCTCTCTTCAAGCAACAGTATCCATTGACAGTAGAAGATCGAATCTA  
 TCTGGTGTGCGCGGATGATATCCTTTTGATTGAAGCTATGCAAGGAAAAC  
 TGATTATACAAACACCTGATAAAAATTATGAAATTGATGGCTCTCTACAA  
 CAATGGCAAGATAAACTACCATCATCTCAATTTGTACGGGTACATCGCTC  
 TTACATTGTGAATATTAATGCTATTAAACGATTGAACCTTGGTTTAACC  
 AAACACTTCAGTTACACCTTTGTAATAAAATACAGTTTCTGTTAGCAGA  
 GCAAATGTAAAACCCCTAAAACAAATGTTAGGCATATCTACC

## SEQ ID NO. 7808

STRAIN M781

AAAGTTTTAGTAGTTGATGATGAACCAGTTGCACGTAAC  
 GAATTAATTTACCTTCTTAATAAGTATGATTCTAACCTCGTTATAGCAGA  
 GGCGCATGATATGGCTACTGCATTAGCTATTTTACTTAGAGAACTTTTG  
 ATGTAGCACTGTTAGATATCCATCTCAGAGATGATTCTGGGTTGCAATTA  
 GCAGAGTATATCAATAAAATGCCCAAACCACCATTATTGATATTCGCGAC  
 TGCTTATGATCAATATGCTATTCAGGCTTTTGAGCAGGATGCGCGTGATT  
 ATTTGTTAAAACCCCTATGAGTTTGATAGGTTAAAGCAAGCTATGGATAGA  
 GTAAAAGGAGCGCTAAGTACATCTACAATTATAGAGAGCGTAGCTTCCGG  
 TCCTCTCTTCAAGCAACAGTATCCATTGACAGTAGAAGATCGAATCTATC  
 TGGTGTGCGCGGATGATATCCTTTTGATTGAAGCTATGCAAGGAAAAC  
 ATTATACAAACACCTGATAAAAATTATGAAATTGATGGCTCTCTACAACA  
 ATGGCAAGATAAACTACCATCATCTCAATTTGTACGGGTACATCGCTCTT  
 ACATTGTGAATATTAATGCTATTAAACGATTGAACCTTGGTTTAACCAA  
 ACACCTTCAGTTACACCTTTGTAATAAAATAACAGTTTCTGTTAGCAGAGC  
 AAATGTAAAACCCCTAAAACAAATGTTAGGCATATCTACC

## SEQ ID NO. 7809

STRAIN CJB110

CTTAATAAGTATGATTCTAACCTCGTTATAGCAGAGGCGCATGATATGGC  
 TACTGCATTAGCTATTTTACTTAGAGAACTTTTGATGTAGCACTGTTAG  
 ATATCCATCTCAGAGATGATTCTGGGTTGCAATTAGCAGAGTATATCAAT  
 AAAATGCCCAAACCACCATTATTGATATTCGCGACTGCTTATGATCAATA  
 TGCTATTCAAGCTTTTGAGCATGATGCGCGTGATTATTTGTTAAAACCCCT  
 ATGAGTTTGATAGGCTAAAGCAAGnTATGGATAGAGTAAAGGAGCGCTA  
 AGTACATCTACAATTATAGAGAGCGTAACTTCCGGCCCTCTCTTCAAGCA  
 ACAGTATCCATTGACAGTAGAAGATnGAATCTATCTGGTGTGCGCGGATG  
 ATATCTCTTTGATTGAAGCTATGCAAGGAAAACCTGATTATACAAACACCT  
 GATAAAAATTATGAATTTGATGGCTCTCTACAACAATGGCAAGATAAACT  
 ACCATCATCTCAATTTGTACGGGTGCACCGCTCTTACATTGTGAATATTA  
 ATGCTATTAAACGATTGAACCTTGGTTTAACCAAACACTTCAGTTACAC  
 CTTTGTAAATAAAATAACAGTTTCTGTTAGCAGAGCAAATGTAAAACCCCT  
 AAAACAAATGTTAGG

## SEQ ID NO. 7810

STRAIN 1169NT

AAAGTTTTAGTAGTTGATGATGAACCAG  
 TTGCACGTAACGAATTAATTTATCTTCTTAATAAGTATGATTCTAACCTC  
 GTTATAGCAGAGGCGCATGATATAGCTACTGCATTAGCTATTTTACTTAG  
 AGAACTTTTGATGTAGCACTGTTAGATATCCATCTCAGAGATGATTCTG  
 GGTGCAATTAGCAGAGTATATCAATAAAATGCCCAAACCACCATTATTG  
 ATATTGCGGACTGCTTATGATCAATATGCTATTCAGGCTTTTGAGCATGA  
 TGCGCGTGATTATTTGTTAAAACCCCTATGAGTTTGATAGGCTAAAGCAAG  
 CTATGGATAGAGTAAAGGAGCGCTAAGTACATCTACAATTATAGAGAGC  
 GTAACCTCCGGCCCTCTCTTCAAGCAACAGTATCCATTGACAGTAGAAGA  
 TCGAATCTATCTGGTGTGCGCGGATGATATCCTTTTGATTGAAGCTATGC  
 AAGGAAAACCTGATTATACAAACACCTGATAAAAATTATGAAATTGATGGC  
 TCTCTACAACAATGGCAAGATAAACTACCATCATCTCAATTTGTACGGGT  
 GCACCGCTCTTACATTGTGAATATTAATGCTATTAAACGATTGAACCTT  
 GGTTTAACCAAACACTTCAGTTACACCTTTGTAATAAAATAACAGTTTCT

## SEQUENCE LISTING

GTTAGCAGAGCAAATGTAAAACCCCTAAAACAAATGTTAGGCATATCTAC  
C

## SEQ ID NO. 7811

STRAIN JM9130013

AAAGTTTTAGTAGTTGATGATGAACCACT

TGCACGTAACGAATTAATTTACCTTCTTAATAAGTATGATTCTAACCTCG  
TTATAGCAGAGGCGCATGATATGGCTACTGCATTAGCTATTTTACTTAGA  
GAACTTTTGTAGTAGCACTGTTAGATATCCATCTCAGAGATGATTCTGG  
GTTGAATTAGCAGAGTATATCAATAAAATGCCCAAACCACTTATTGA  
TATTCGCGACTGCTTATGATCAATATGCTATTCAAGCTTTTGAGCATGAT  
GCGCGTGATTATTTGTTAAAACCCCTATGAGTTTGATAGGCTAAAGCAAGC  
TATGGATAGAGTAAAAGGAGCGCTAAGTACATCTACAATTATAGAGAGCG  
TAACTTCCGGCCCTCTCTTCAAGCAACAGTATCCATTGACAGTAGAAGAT  
CGAATCTATCTGGTGTGCGCGGATGATATCCTTTTGATTGAAGCTATGCA  
AGGAAAAGTATTATACAAACACCTGATAAAAATTATGAAATTGATGGCT  
CTCTACAACAATGGCAAGATAAACTACCATCATCTCAATTTGTACGGGTG  
CACCGCTCTTACATTGTGAATATTAATGCTATTAAAACGATTGAACCTTG  
GTTTAACCAAACACTTCAGTTACACCTTTGTAATAAAATAACAGTTCCTG  
TTAGCAGAGCAAATGTAAAACCCCTAAAACAAATGTTAGGCATATCTAC

## SEQ ID NO. 7812

STRAIN 2603 frame: 1

KVLVVDDEPVARNELIYLLNKYDSNLVIAEAHDMATALAAILLRETDFDVALLDIHLRDDSG  
LQLAEYINKMPKPPLLIFATAYDQYAIQAFEHARDYLLKPYDFDRLKQAMDRVKGALST  
STIIESVTSGPLFKQYPLTVEDRIYLVSAADDILLIEAMQGKLIQTPDKNYEIDGSLQQ  
WQDKLPSSQFVRVHRSYIVNINAIKTIEPWFNQTLQLHLCNKITVPVSRANVKPLKQMLG  
IST

## SEQ ID NO. 7813

STRAIN 090 frame: 1

KVLVVDDEPVARNELIYLLNKYDSNLVIAEAHDMATALAAILLRETDFDVALLDIHLRDDSG  
LQLAEYINKMPKPPLLIFATAYDQYAIQAFEHARDYLLKPYDFDRLKQAMDRVKGALST  
STIIESVTSGPLFKQYPLTVEDRIYLVSAADDILLIEAMQGKLIQTPDKNYEIDGSLQQ  
WQDKLPSSQFVRVHRSYIVNINAIKTIEPWFNQTLQLHLCNKITVPVSRANVKPLKQMLG  
IST

## SEQ ID NO. 7814

STRAIN A909 frame: 1

KVLVVDDEPVARNELIYLLNKYDSNLVIAEAHDMATALAAILLRETDFDVALLDIHLRDDSG  
LQLAEYINKMPKPPLLIFATAYDQYAIQAFEHARDYLLKPYDFDRLKQAMDRVKGALST  
STIIESVTSGPLFKQYPLTVEDRIYLVSAADDILLIEAMQGKLIQTPDKNYEIDGSLQQ  
WQDKLPSSQFVRVHRSYIVNINAIKTIEPWFNQTLQLHLCNKITVPVSRANVKPLKQMLG  
IST

## SEQ ID NO. 7815

STRAIN H36B frame: 1

KVLVVDDEPVARNELIYLLNKYDSNLVIAEAHDMATALAAILLRETDFDVALLDIHLRDDSG  
LQLAEYINKMPKPPLLIFATAYDQYAIQAFEHARDYLLKPYDFDRLKQAMDRVKGALST  
STIIESVTSGPLFKQYPLTVEDRIYLVSAADDILLIEAMQGKLIQTPDKNYEIDGSLQQ  
WQDKLPSSQFVRVHRSYIVNINAIKTIEPWFNQTLQLHLCNKITVPVSRANVKPLKQMLG  
IST

## SEQ ID NO. 7816

STRAIN 18RS21 frame: 1

KVLVVDDEPVARNELIYLLNKYDSNLVIAEAHDMATALAAILLRETDFDVALLDIHLRDDSG  
LQLAEYINKMPKPPLLIFATAYDQYAIQAFEHARDYLLKPYDFDRLKQAMDRVKGALST  
STIIESVTSGPLFKQYPLTVEDRIYLVSAADDILLIEAMQGKLIQTPDKNYEIDGSLQQ  
WQDKLPSSQFVRVHRSYIVNINAIKTIEPWFNQTLQLHLCNKITVPVSRANVKPLKQMLG  
IST

## SEQ ID NO. 7817

STRAIN M732 frame: 1

KVLVVDDEPVARNELIYLLNKYDSNLVIAEAHDMATALAAILLRETDFDVALLDIHLRDDSG



## SEQUENCE LISTING

LQLAEYINKMPKPELLIFATAYDQYAIQAFEQDARDYLLKPYEFDRKQAMDRVKGALST  
STIIESVASGPLFKQQYPLTVEDRIYLVSAADDILLIEAMQGKLIQTPDKNYEIDGSLQQ  
WQDKLPSSQFVRVHRSYIVNINAIKTIEPWFNQTLQLHLCNKITVPVSRANVKPLKQMLG  
IST

## SEQ ID NO. 7818

STRAIN COH1 frame: 1

KVLVVDDEPVARNELIYLLNKYDSNLVIAEAHDMATALAAILLRETFDVALLDIHLRDDSG  
LQLAEYINKMPKPELLIFATAYDQYAIQAFEQDARDYLLKPYEFDRKQAMDRVKGALST  
STIIESVASGPLFKQQYPLTVEDRIYLVSAADDILLIEAMQGKLIQTPDKNYEIDGSLQQ  
WQDKLPSSQFVRVHRSYIVNINAIKTIEPWFNQTLQLHLCNKITVPVSRANVKPLKQMLG  
IST

## SEQ ID NO. 7819

STRAIN M781 frame: 1

KVLVVDDEPVARNELIYLLNKYDSNLVIAEAHDMATALAAILLRETFDVALLDIHLRDDSG  
LQLAEYINKMPKPELLIFATAYDQYAIQAFEQDARDYLLKPYEFDRKQAMDRVKGALST  
STIIESVASGPLFKQQYPLTVEDRIYLVSAADDILLIEAMQGKLIQTPDKNYEIDGSLQQ  
WQDKLPSSQFVRVHRSYIVNINAIKTIEPWFNQTLQLHLCNKITVPVSRANVKPLKQMLG  
IST

## SEQ ID NO. 7820

STRAIN CJB110 frame: 1

LNKYDSNLVIAEAHDMATALAAILLRETFDVALLDIHLRDDSG LQLAEYINKMPKPELLIF  
ATAYDQYAIQAFEHDARDYLLKPYEFDRKQXMDRVKGALSTSTIIESVTSGPLFKQQYP  
LTVEDXIYLVSAADDILLIEAMQGKLIQTPDKNYEIDGSLQQWQDKLPSSQFVRVHRSYI  
VNINAIKTIEPWFNQTLQLHLCNKITVPVSRANVKPLKQML

## SEQ ID NO. 7821

STRAIN 1169NT frame: 1

KVLVVDDEPVARNELIYLLNKYDSNLVIAEAHDIATALAAILLRETFDVALLDIHLRDDSG  
LQLAEYINKMPKPELLIFATAYDQYAIQAFEHDARDYLLKPYEFDRKQAMDRVKGALST  
STIIESVTSGPLFKQQYPLTVEDRIYLVSAADDILLIEAMQGKLIQTPDKNYEIDGSLQQ  
WQDKLPSSQFVRVHRSYIVNINAIKTIEPWFNQTLQLHLCNKITVPVSRANVKPLKQMLG  
IST

## SEQ ID NO. 7822

STRAIN JM9130013 frame: 1

KVLVVDDEPVARNELIYLLNKYDSNLVIAEAHDMATALAAILLRETFDVALLDIHLRDDSG  
LQLAEYINKMPKPELLIFATAYDQYAIQAFEHDARDYLLKPYEFDRKQAMDRVKGALST  
STIIESVTSGPLFKQQYPLTVEDRIYLVSAADDILLIEAMQGKLIQTPDKNYEIDGSLQQ  
WQDKLPSSQFVRVHRSYIVNINAIKTIEPWFNQTLQLHLCNKITVPVSRANVKPLKQMLG  
IST

## SEQ ID NO. 7901

STRAIN 2603

ATGGGAATTGAATTTAAAAATGTAAGTTATACCTATCAAGCCGGCACTCCTTTTGAAGGG  
CGTGCCCTTTTGTACGTCAATCTGAAAATTGAAGATGCTTCCTATACCGGTTTCATTGGG  
CACACAGGTTCTGGAAAATCAACTATTATGCAACTTTTGAATGGTTTACATATTCCTACA  
AAAGGTGAGGTAATTGTCGATGATTTTCTATTAAAGCAGGGGACAAGAACAAGAAATC  
AAATTTATAAGGCAAAAAGTTGGTTTAGTTTTTCAATTTCCAGAAAGTCAGCTTTTGA  
GAGACAGTTTTAAAGGATGTTGCTTTTGGACCACAAAATTTTGGTATTTCTCAGATTGAA  
GCTGAAAGGCTGGCTGAAGAAAATTAAGGTTAGTTGGTATCAGTGAGGATTTATTCGAT  
AAAAATCCATTTGAACTTTCTGGAGGGCAGATGAGCGGGGTTGCTATAGCTGGTATTTTA  
CGCATGGAACCCAAAGTACTAGTACTGGATGAGCCAAACAGCTGGACTTGATCCTAAGGGA  
AGAAAAGAATTAATGACTCTTTTTTAAAAATCTTCATAAAAAAGGAATGACTATCGTCTTA  
GTGACTCACTTAATGGACGATGTAGCGGATTATGCTGACTATGTGTATGTTTTAGAAGCA  
GGGAAAGTAACCTTATCAGGACAACCAAAACAGATTTTCAAGAAGTAGAACTTTTAGAA  
AGTAAACAATTAGGAGTTCCCAAAATCACCAGTTTGCTCAAAGACTATCTCATAAGGGA  
TTAAATTTACCTAGTTTACCAATTACTATTAAACGAATTTGTGGAGGCTATTAAGCATGGA

## SEQ ID NO. 7902

STRAIN 090

GGAATTGAATTTAAAAATGTAAGTTATACCTATCAAGCC

## SEQUENCE LISTING

GGCACTCCTTTTGAAGGGCGTGCCCTTTTGGACGTCAATCTGAAAATTGA  
 AGATGCTTCTATACCGCGTTCATTGGGCACACAGGTTCTGGAAAATCAA  
 CTATTATGCAACTTTTGAATGGTTTACATATTCCTACAAAAGGTGAGGTA  
 ATTGTCGATGATTTTTCTATTAAAGCAGGGGACAAGAACAAAGAAATCAA  
 ATTTATAAGGCAAAAAGTTGGTTTAGTTTTTCAATTTCCAGAAAGTCAGC  
 TTTTGAAGAGACAGTTTTTAAAGGATGTTGCTTTTGGACCACAAAATTTT  
 GGTATTTCTCAGATTGAAGCTGAAAGGCTGGCTGAAGAAAAATTAAGGTT  
 AGTTGGTATCAGTGAGGATTATTTCGATAAAAATCCATTTGAACTTTCTG  
 GAGGGCAGATGAGGCGGGTTGCTATAGCTGGTATTTTAGCGATGGAACCC  
 AAAGTACTAGTACTGGATGAGCCAACAGCTGGACTTGATCCTAAGGGAAG  
 AAAAGAATTAATGACTCTTTTAAAAATCTTCATAAAAAAGGAATGACTA  
 TCGTCTTAGTGACTCACTTAATGGACGATGTAGCGGATTATGCTGACTAT  
 GTGTATGTTTTAGAAGCAGGGAAAGTAACCTTATCAGGACAACCAAAACA  
 GATTTTTCAAGAAGTAGAACTTTTAGAAAGTAAACAATTAGGAGTCCCA  
 AAATCACCAAGTTTGCTCAAAGACTATCTCATAAGGGATTAAATTTACCT  
 AGTTTACCAATTACTATTAAACGAATTTGTGGAGGCTATTAAGCATGGA

## SEQ ID NO. 7903

STRAIN A909

GGAATTGAATTTAAAAATGTAAGTTATACCTATCAA  
 GCCGGCACTCCTTTTGAAGGGCGTGCCCTTTTGGACGTCAATCTGAAAAT  
 TGAAGATGCTTCTATACCGCGTTCATTGGGCACACAGGTTCTGGAAAAT  
 CAACTATTAAGCAACTTTTGAATGGTTTACATATTCCTACAAAAGGTGAG  
 GTAATTGTCGATGATTTTTCTATTAAAGCAGGGGACAAGAACAAAGAAAT  
 CAAATTTATAAGGCAAAAAGTTGGTTTAGTTTTTCAATTTCCAGAAAGTC  
 AGCTTTTTGAAGAGACAGTTTTTAAAGATGTTGCTTTTGGACCACAAAAT  
 TTTGGTATTTCTCAGATTGAAGCTGAAAGGCTGGCTGAAGAAAAATTAAG  
 GTTAGTTGGTATCAGTGAGGATTATTTCGATAAAAATCCATTTGAACTTT  
 CTGGAGGGCAGATGAGGCGGGTTGCTATAGCTGGTATTTTAGCGATGGAA  
 CCCAAAGTACTAGTACTAGATGAGCCAACAGCTGGACTTGATCCTAAGGG  
 AAGAAAAGAATTAATGACTCTTTTAAAAATCTTCATAAAAAAGGAATGA  
 CTATCGTCTTAGTGACTCACTTAATGGACGATGTAGCGGATTATGCTGAC  
 TATGTGTATGTTTTAGAAGCAGGGAAAGTAACCTTATCAGGACAACCAAA  
 GCAGATTTTTCAAGAAGTAGAACTTTTAGAAAGTAAACAATTAGGAGTTT  
 CCAAAATCACCAAGTTTGCTCAAAGGCTATCTCATAAGGGATTAAATTTA  
 CCTAGTTTACCAATTACTATTAAACGAATTTGTGGAGGCTATTAAGCATGG  
 A

## SEQ ID NO. 7904

STRAIN H36B

GGAATTGAATTTAAAAATGTAAGTTATAC  
 CTATCAAGCCGGCACTCCTTTTGAAGGGCGTGCCCTTTTGGACGTCAATC  
 TGAAAATTGAAGATGCTTCTATACCGCGTTCATTGGGCACACAGGTTCT  
 GGAAAATCAACTATTATGCAACTTTTGAATGGTTTACATATTCCTACAAA  
 AGGTGAGGTAATTGTCGATGATTTTTCTATTAAAGCAGGGGACAAGAACA  
 AAGAAATCAAATTTATAAGGCAAAAAGTTGGTTTAGTTTTTCAATTTCCA  
 GAAAGTCAGCTTTTTGAAGAGACAGTTTTTAAAGATGTTGCTTTTGGACC  
 ACAAATTTTGGTATTTCTCAGATTGAAGCTGAAAGGCTGGCTGAAGAAA  
 AATTAAGTTAGTTGGTATCAGTGAGGATTATTTCGATAAAAATCCATTT  
 GAACTTTCTGGAGGGCAGATGAGGCGGGTTGCTATAGCTGGTATTTAGC  
 GATGGAACCCAAAGTACTAGTACTAGATGAGCCAACAGCTGGACTTGATC  
 CTAAGGGAAGAAAAGAATTAATGACTCTTTTAAAAATCTTCATAAAAAA  
 GGAATGACTATCGTCTTAGTGACTCACTTAATGGACGATGTAGCGGATTA  
 TGCTGACTATGTGTATGTTTTAGAAGCAGGGAAAGTAACCTTATCAGGAC  
 AACCAAGCAGATTTTTCAAGAAGTAGAACTTTTAGAAAGTAAACAATTA  
 GGAGTTCCCAAAATCACCAAGTTTGCTCAAAGGCTATCTCATAAGGGATT  
 AAATTTACCTAGTTTACCAATTACTATTAAACGAATTTGTGGAGGCTATTA  
 AGCATGGA

## SEQ ID NO. 7905

STRAIN 18RS21

GGAATTGAATTTAAAAATGTAAGTTATAC  
 CTATCAAGCCGGCACTCCTTTTGAAGGGCGTGCCCTTTTGGACGTCAATC  
 TGAAAATTGAAGATGCTTCTATACCGCGTTCATTGGGCACACAGGTTCT

## SEQUENCE LISTING

GGAAAATCAACTATTATGCAACTTTTGAATGGTTTACATATTCCTACAAA  
 AGGTGAGGTAATTGTCGATGATTTTTCTATTAAAGCAGGGGACAAGAACA  
 AAGAAATCAAATTTATAAGGCAAAAAGTTGGTTTAGTTTTTCAATTTCCA  
 GAAAGTCAGCTTTTTGAAGAGACAGTTTTAAAGGATGTTGCTTTTGGACC  
 ACAAATTTTGGTATTTCTCAGATTGAAGCTGAAAGGCTGGCTGAAGAAA  
 AATTAAAGTTAGTTGGTATCAGTGAGGATTTATTCGATAAAAAATCCATTT  
 GAACTTTCTGGAGGGCAGATGAGGCGGGTTGCTATAGCTGGTATTTTAGC  
 GATGGAACCCAAAGTACTAGTACTGGATGAGCCAACAGCTGGACTTGATC  
 CTAAGGGAAGAAAAGAATTAATGACTCTTTTTAAAAATCTTCATAAAAAA  
 GGAATGACTATCGTCTTAGTGACTCACTTAATGGACGATGTAGCGGATTA  
 TGCTGACTATGTGTATGTTTTAGAACGAGGAAAGTAACCTTATCAGGAC  
 AACCAAAACAGATTTTTCAAGAAGTAGAACTTTTAGAAAGTAAACAATTA  
 GGAGTTCCCAAATCACCAAGTTTGCTCAAAGACTATCTCATAAGGGATT  
 AAATTTACCTAGTTTACCAATTACTATTAACGAATTTGTGGAGGCTATTA  
 AGCATGGA

SEQ ID NO. 7906

STRAIN M732

GGAATTGAATTTAAAAATGTAAGTTATAC  
 CTATCAAGCCGGCACTCCTTTTTGAAGGGCGTGCCCTTTTTGACGTCAATC  
 TGAAAATTGAAGATGTTTCCTATACCGCGTTCATTGGGCACACAGGTTCT  
 GGAAAATCAACTATTATGCAACTTTTGAATGGTTTACATATTCCTACAAA  
 AGGTGAGGTAATTGTCGATGATTTTTCTATTAAAGCAGGGGACAAGAACA  
 AAGAAATCAAATTTATAAGGCAAAAAGTTGGTTTAGTTTTTCAATTTCCA  
 GAAAGTCAGCTTTTTGAAGAGACAGTTTTAAAGGATGTTGCTTTTGGACC  
 ACAAATTTTGGTATTTCTCAGATTGAAGCTGAAAGGCTGGCTGAAGAAA  
 AATTAAAGTTAGTTGGTATCAGTGAGGATTTATTCGATAAAAAATCCATTT  
 GAACTTTCTGGAGGGCAGATGAGGCGGGTTGCTATAGCTGGTATTTTAGC  
 GATGGAACCCAAAGTACTAGTACTGGATGAGCCAACAGCTGGACTTGATC  
 CTAAGGGAAGAAAAGAATTAATGACTCTTTTTAAAAATCTTCATAAAAAA  
 GGAATGACTATCGTCTTAGTGACTCACTTAATGGACGATGTAGCGGATTA  
 TGCTGACTATGTGTATGTTTTAGAACGAGGAAAGTAACCTTATCAGGAC  
 AACCAAAACAGATTTTTCAAGAAGTAGAACTTTTAGAAAGTAAACAATTA  
 GGAGTTCCCAAATCACCAAGTTTGCTCAAAGACTATCTCATAAGGGATT  
 AAATTTACCTAGTTTACCAATTACTATTAACGAATTTGTGGAGGCTATTA  
 AGCATGGA

SEQ ID NO. 7907

STRAIN COH1

GGAATTGAATTTAAAAATGTAAGTTATACCTATCAAGCC  
 GGCACCTCCTTTTGAAGGGCGTGCCCTTTTTGACGTCAATCTGAAAATTGA  
 AGATGTTTCTTATACCGCGTTCATTGGGCACACAGGTTCTGGAATCAA  
 CTATTATGCAACTTTTGAATGGTTTACATATTCCTACAAAAGGTGAGGTA  
 ATTGTCGATGATTTTTCTATTAAAGCAGGGGACAAGAACAAGAAATCAA  
 ATTTATAAGGCAAAAAGTTGGTTTAGTTTTTCAATTTCCAGAAAGTCAGC  
 TTTTGAAGAGACAGTTTTAAAGGATGTTGCTTTTGGACCACAAAATTTT  
 GGTATTTCTCAGATTGAAGCTGAAAGGCTGGCTGAAGAAAAATTAAGGTT  
 AGTTGGTATCAGTGAGGATTTATTCGATAAAAAATCCATTTGAACTTTCTG  
 GAGGGCAGATGAGGCGGGTTGCTATAGCTGGTATTTAGCGATGGAACCC  
 AAAGTACTAGTACTGGATGAGCCAACAGCTGGACTTGATCCTAAGGGAAG  
 AAGAATTAATGACTCTTTTTAAAAATCTTCATAAAAAAGGAATGACTA  
 TCGTCTTAGTGACTCACTTAATGGACGATGTAGCGGATTATGCTGACTAT  
 GTGTATGTTTTAGAACGAGGAAAGTAACCTTATCAGGACAACCAAAACA  
 GATTTTTCAAGAAGTAGAACTTTTAGAAAGTAAACAATTAGGAGTTCCCA  
 AAATCACCAAGTTTGCTCAAAGACTATCTCATAAGGGATTAAATTTACCT  
 AGTTTACCAATTACTATTAACGAATTTGTGGAGGCTATTAAGCATGGA

SEQ ID NO. 7908

STRAIN M781

GGAATTGAATTTAAAAATGTAAGTTATAC  
 CTATCAAGCCGGCACTCCTTTTTGAAGGGCGTGCCCTTTTTGACGTCAATC  
 TGAAAATTGAAGATGTTTCCTATACCGCGTTCATTGGGCACACAGGTTCT  
 GGAAAATCAACTATTATGCAACTTTTGAATGGTTTACATATTCCTACAAA  
 AGGTGAGGTAATTGTCGATGATTTTTCTATTAAAGCAGGGGACAAGAACA

## SEQUENCE LISTING

AAGAAATCAAATTTATAAGGCAAAAAGTTGGTTAGTTTTTCAATTTCCA  
GAAAGTCAGCTTTTTGAAGAGACAGTTTTAAAGGATGTTGCTTTTGACC  
ACAAAATTTTGGTATTTCTCAGATTGAAGCTGAAAGGCTGGCTGAAGAAA  
AATTAAGGTTAGTTGGTATCAGTGAGGATTTATTTCGATAAAAATCCATTT  
GAACTTTCTGGAGGGCAGATGAGGCGGGTTGCTATAGCTGGTATTTAGC  
GATGGAACCCAAAGTACTAGTACTGGATGAGCCAACAGCTGGACTTGATC  
CTAAGGGAAGAAAAGAATTAATGACTCTTTTTAAAAATCTTCATAAAAAA  
GGAATGACTATCGTCTTAGTGACTCACTTAATGGACGATGTAGCGGATTA  
TGCTGACTATGTGTATGTTTTAGAAGCAGGGAAAGTAACTTATCAGGAC  
AACCAAAACAGATTTTTCAAGAAGTAGAACTTTTAGAAAGTAAACAATTA  
GGAGTTCCCAAATCACCAAGTTTGCTCAAAGACTATCTCATAAGGGATT  
AAATTTACCTAGTTTACCAATTACTATTAACGAATTTGTGGAGGCTATTA  
AGCATGGA

## SEQ ID NO. 7909

STRAIN CJB110

GGAATTGAATTTAAAAATGTAAGTTATAC  
CTATCAAGCCGGCACTCCTTTTGAAGGGCGTGCCCTTTTGGACGTCAATC  
TGAAAATTGAAGATGCTTCTCTATACCGCGTTCATTGGGCACACAGTTCT  
GGAATCAACTATTATGCAACTTTTGAATGGTTTACATATTCTTACAAA  
AGGTGAGGTAATTGTGATGATTTTTCTATTAAAGCAGGGGACAAGAACA  
AAGAAATCAAATTTATAAGGCAAAAAGTTGGTTTGTAGTTTTTCAATTTCCA  
GAAAGTCAGCTTTTTGAAGAGACAGTTTAAAGGATGTTGCTTTTGGACC  
ACAAAATTTTGGTATTTCTCAGATTGAAGCTGAAAGGCTGGCTGAAGAAA  
AATTAAGGTTAGTTGGTATCAGTGAGGATTTATTTCGATAAAAATCCATTT  
GAACTTTCTGGAGGGCAGATGAGGCGGGTTGCTATAGCTGGTATTTAGC  
GATGGAACCCAAAGTACTAGTACTGGATGAGCCAACAGCTGGACTTGATC  
CTAAGGGAAGAAAAGAATTAATGACTCTTTTTAAAAATCTTCATAAAAAA  
GGAATGACTATCGTCTTAGTGACTCACTTAATGGACGATGTAGCGGATTA  
TGCTGACTATGTGTATGTTTTAGAAGCAGGGAAAGTAACCTTATCAGGAC  
AACCAAAACAGATTTTTCAAGAAGTAGAACTTTTAGAAAGTAAACAATTA  
GGAGTTCCCAAATCACCAAGTTTGCTCAAAGACTATCTCATAAGGGATT  
AAATTTACCTAGTTTACCAATTACTATTAACGAATTTGTGGAGGCTATTA  
AGCATGGA

## SEQ ID NO. 7910

STRAIN 1169NT

GGAATTGAATTTAAAAATGTAA  
GTTATACCTATCAAGCCGGCACTCCTTTTGAAGGGCGTGCCCTTTTGGAC  
GTCAATCTGAAAATTGAAGATGCTTCTCTATACCGCGTTCATTGGGCACAC  
AGGTTCTGGAAAATCAACTATTATGCAACTTTTGAATGGTTTACATATTC  
CTACAAAAGGTGAGGTAAATTTGTGATGATTTTTCTATTAAAGCAGGGGAC  
AAGAACAAGAAATCAAATTTATAAGGCAAAAAGTTGGTTTGTAGTTTTTCA  
ATTTCCAGAAAGTCAGCTTTTTGAAGAGACAGTTTTAAAGGATGTTGCTT  
TTGGACCACAAAATTTTGGTATTTCTCAGATTGAAGCTGAAAGGCTGGCT  
GAAGAAAATTAAGGTTAGTTGGTATCAGTGAGGATTTATTTCGATAAAAA  
TCCATTTGAACTTTCTGGAGGGCAGATGAGGCGGGTTGCTATAGCTGGTA  
TTTTAGCGATGGAACCCAAAGTACTAGTACTGGATGAGCCAACAGCTGGA  
CTTGATCCTAAGGGAAGAAAAGAATTAATGACTCTTTTTAAAAATCTTCA  
TAAAAAAGGAATGACTATCGTCTTAGTGACTCACTTAATGGACGATGTAG  
CGGATTATGCTGACTATGTGTATGTTTTAGAAGCAGGGAAAGTAACCTTA  
TCAGGACAACCAACAGATTTTTCAAGAAGTAGAACTTTTAGAAAGTAA  
ACAATTAGGAGTTCCCAAATCACCAAGTTTGCTCAAAGACTATCTCATA  
AGGGATTAAATTTACCTAGTTTACCAATTACTATTAACGAATTTGTGGAG  
GCTATTAAGCATGGA

## SEQ ID NO. 7911

STRAIN JM9130013

GGAATTGAATTTAAAAATGTAAGTT  
ATACCTATCAAGCCGGCACTCCTTTTGAAGGGCGTGCCCTTTTGGACGTT  
AATCTGAAAATTGAAGATGCTTCTCTATACCGCATTCATTGGGCACACAGG  
TTCTGGAAAATCAACTATTATGCAACTTTTGAATGGTTTACATATTCCTA  
CAAAAGGTGAGGTAATTGTGATGATTTTTCTATTAAAGCAGGGGACAAG  
AACAAAGAAATCAAATTTATAAGGCAAAAAGTTGGTTTGTAGTTTTTCAATT

## SEQUENCE LISTING

TCCAGAAAGTCAGCTTTTTGAAGAGACAGTTTTAAAGGATGTTGCTTTTG  
 GACCACAAAATTTTGGTATTTCTCAGATTGAAGCTGAAAGGCTGGCTGAA  
 GAAAAATTAAGGTTAGTTGGTATTAGTGAGGATTATTTCGATAAAAATCC  
 ATTTGAACCTTTCTGGAGGGCAGATGAGGCGGGTGTCTATAGCTGGTATTT  
 TAGCGATGGAACCCAAAGTACTAGTACTGGATGAGCCAACAGCTGGACTT  
 GATCCTAAGGGAAGAAAAGAATTAATGACTCTTTTAAAAATCTTCATAA  
 AAAAGGAATGACTATCGTCTTAGTGACTCACTTAATGGACGATGTAGCGG  
 ATTATGCTGACTATGTGTATGTTTTAGAAGCAGGGAAGTAACCTTATCA  
 GGACAACCAAAACAGATTTTCAAGAAGTAGAAGTTTGTAGAAAGTAAACA  
 ATTAGGAGTTCCCAAATCACCAGTTTGCTCAAAGACTATCTCATAAGG  
 GATTAAATTTACCTAGTTTACCAATTACTATTAACGAATTTGTGAGGCT  
 ATTAAGCATGGA

## SEQ ID NO. 7912

STRAIN 2603 frame: 1

MGIEFKNVSYTYQAGTPFEGRALFDVNLKIEDASYTAFIGHTGSGKSTIMQLLNLHIPTK  
 GEVIVDDFSIKAGDKNKEIKFIRQKVLVFPFESQLFEETVLKDVAFGPQNFQISQIEA  
 ERLAEKLRRLVGISEDLDKPNPFELSGGQMRRAIAGILAMEPKVLVLDEPTAGLDPKGR  
 KELMTLFKNLHKKGMTIVLVTHLMDVDVADYADYVYVLEAGKVTLSGQPKQIFQEVVELLES  
 KQLGVPKITKFAQRLSHKGLNLPSLPITINEFVEAIKHG

## SEQ ID NO. 7913

STRAIN 090 frame: 1

GIEFKNVSYTYQAGTPFEGRALFDVNLKIEDASYTAFIGHTGSGKSTIMQLLNLHIPTK  
 GEVIVDDFSIKAGDKNKEIKFIRQKVLVFPFESQLFEETVLKDVAFGPQNFQISQIEA  
 ERLAEKLRRLVGISEDLDKPNPFELSGGQMRRAIAGILAMEPKVLVLDEPTAGLDPKGR  
 KELMTLFKNLHKKGMTIVLVTHLMDVDVADYADYVYVLEAGKVTLSGQPKQIFQEVVELLES  
 KQLGVPKITKFAQRLSHKGLNLPSLPITINEFVEAIKHG

## SEQ ID NO. 7914

STRAIN 090 frame: 1

GIEFKNVSYTYQAGTPFEGRALFDVNLKIEDASYTAFIGHTGSGKSTIMQLLNLHIPTK  
 GEVIVDDFSIKAGDKNKEIKFIRQKVLVFPFESQLFEETVLKDVAFGPQNFQISQIEA  
 ERLAEKLRRLVGISEDLDKPNPFELSGGQMRRAIAGILAMEPKVLVLDEPTAGLDPKGR  
 KELMTLFKNLHKKGMTIVLVTHLMDVDVADYADYVYVLEAGKVTLSGQPKQIFQEVVELLES  
 KQLGVPKITKFAQRLSHKGLNLPSLPITINEFVEAIKHG

## SEQ ID NO. 7915

STRAIN H36B frame: 1

GIEFKNVSYTYQAGTPFEGRALFDVNLKIEDASYTAFIGHTGSGKSTIMQLLNLHIPTK  
 GEVIVDDFSIKAGDKNKEIKFIRQKVLVFPFESQLFEETVLKDVAFGPQNFQISQIEA  
 ERLAEKLRRLVGISEDLDKPNPFELSGGQMRRAIAGILAMEPKVLVLDEPTAGLDPKGR  
 KELMTLFKNLHKKGMTIVLVTHLMDVDVADYADYVYVLEAGKVTLSGQPKQIFQEVVELLES  
 KQLGVPKITKFAQRLSHKGLNLPSLPITINEFVEAIKHG

## SEQ ID NO. 7916

STRAIN 18RS21 frame: 1

GIEFKNVSYTYQAGTPFEGRALFDVNLKIEDASYTAFIGHTGSGKSTIMQLLNLHIPTK  
 GEVIVDDFSIKAGDKNKEIKFIRQKVLVFPFESQLFEETVLKDVAFGPQNFQISQIEA  
 ERLAEKLRRLVGISEDLDKPNPFELSGGQMRRAIAGILAMEPKVLVLDEPTAGLDPKGR  
 KELMTLFKNLHKKGMTIVLVTHLMDVDVADYADYVYVLEAGKVTLSGQPKQIFQEVVELLES  
 KQLGVPKITKFAQRLSHKGLNLPSLPITINEFVEAIKHG

## SEQ ID NO. 7917

STRAIN M732 frame: 1

GIEFKNVSYTYQAGTPFEGRALFDVNLKIEDVSYTAFIGHTGSGKSTIMQLLNLHIPTK  
 GEVIVDDFSIKAGDKNKEIKFIRQKVLVFPFESQLFEETVLKDVAFGPQNFQISQIEA  
 ERLAEKLRRLVGISEDLDKPNPFELSGGQMRRAIAGILAMEPKVLVLDEPTAGLDPKGR  
 KELMTLFKNLHKKGMTIVLVTHLMDVDVADYADYVYVLEAGKVTLSGQPKQIFQEVVELLES  
 KQLGVPKITKFAQRLSHKGLNLPSLPITINEFVEAIKHG

## SEQ ID NO. 7918

STRAIN COH1 frame: 1

GIEFKNVSYTYQAGTPFEGRALFDVNLKIEDVSYTAFIGHTGSGKSTIMQLLNLHIPTK

## SEQUENCE LISTING

GEVIVDDFSIKAGDKNKEIKFIRQKVGLVFQFPESQLFEETVLKDVAFGPQNFQISQIEA  
 ERLAEKLRVLVGISEDLFDPKNPFELSGGQMRRAIAGILAMEPKVLVLDEPTAGLDPKGR  
 KELMTLTKNLHKKGMTIVLVTHLMDVDVADYADYVYVLEAGKVTLSGQPKQIFQEVVELLES  
 KQLGVPKITKFAQRLSHKGLNLPITINEFVEAIKHG

## SEQ ID NO. 7919

STRAIN M781 frame: 1

GIEFKNVSYTYQAGTPFEGRALFDVNLKIEDVSYTAFIGHTGSGKSTIMQLLNLHIPTK  
 GEVIVDDFSIKAGDKNKEIKFIRQKVGLVFQFPESQLFEETVLKDVAFGPQNFQISQIEA  
 ERLAEKLRVLVGISEDLFDPKNPFELSGGQMRRAIAGILAMEPKVLVLDEPTAGLDPKGR  
 KELMTLTKNLHKKGMTIVLVTHLMDVDVADYADYVYVLEAGKVTLSGQPKQIFQEVVELLES  
 KQLGVPKITKFAQRLSHKGLNLPITINEFVEAIKHG

## SEQ ID NO. 7920

STRAIN CJB110 frame: 1

GIEFKNVSYTYQAGTPFEGRALFDVNLKIEDASYTAFIGHTGSGKSTIMQLLNLHIPTK  
 GEVIVDDFSIKAGDKNKEIKFIRQKVGLVFQFPESQLFEETVLKDVAFGPQNFQISQIEA  
 ERLAEKLRVLVGISEDLFDPKNPFELSGGQMRRAIAGILAMEPKVLVLDEPTAGLDPKGR  
 KELMTLTKNLHKKGMTIVLVTHLMDVDVADYADYVYVLEAGKVTLSGQPKQIFQEVVELLES  
 KQLGVPKITKFAQRLSHKGLNLPITINEFVEAIKHG

## SEQ ID NO. 7921

STRAIN 1169NT frame: 1

GIEFKNVSYTYQAGTPFEGRALFDVNLKIEDASYTAFIGHTGSGKSTIMQLLNLHIPTK  
 GEVIVDDFSIKAGDKNKEIKFIRQKVGLVFQFPESQLFEETVLKDVAFGPQNFQISQIEA  
 ERLAEKLRVLVGISEDLFDPKNPFELSGGQMRRAIAGILAMEPKVLVLDEPTAGLDPKGR  
 KELMTLTKNLHKKGMTIVLVTHLMDVDVADYADYVYVLEAGKVTLSGQPKQIFQEVVELLES  
 KQLGVPKITKFAQRLSHKGLNLPITINEFVEAIKHG

## SEQ ID NO. 7922

STRAIN JM9130013 frame: 1

GIEFKNVSYTYQAGTPFEGRALFDVNLKIEDASYTAFIGHTGSGKSTIMQLLNLHIPTK  
 GEVIVDDFSIKAGDKNKEIKFIRQKVGLVFQFPESQLFEETVLKDVAFGPQNFQISQIEA  
 ERLAEKLRVLVGISEDLFDPKNPFELSGGQMRRAIAGILAMEPKVLVLDEPTAGLDPKGR  
 KELMTLTKNLHKKGMTIVLVTHLMDVDVADYADYVYVLEAGKVTLSGQPKQIFQEVVELLES  
 KQLGVPKITKFAQRLSHKGLNLPITINEFVEAIKHG

## SEQ ID NO. 8001

STRAIN 2603

GTGAACCACTTACTTAACCTCAGTAAAGAAAATATAGCTAAAATAGATTTTGGACTTTCTT  
 AATGAGGCACCTTAATGCAAATATTCGTTTGAAAGAATTAGTAGATGAACATAAAATTTCA  
 AAAGAAGTGGACAGTAAAGTTGGTCCAAAAAGACTCTCGAACGATAAAATCTTGATC  
 GATGGCCTTATCAATAAACATATAGTTTCCCTAGATCGTGCAGATTATAACATTATCCAA  
 GTCATTCCATTGCTAATGTACATGTACTACTGTTTTTAATACCAGAAAGGGAGAATTCT  
 AAAAATTATAGAAATATACAACCTACAGTGATTATGAAATGGAGTTAATCAATGAGGATAGG  
 CAACAATTTTCAAATATGAAACAGTTGATTGACCAATTGATACTTGTTGATATTTTT  
 AATATTGATGACTACATTTTCATCATATTTAACAATA

## SEQ ID NO. 8002

STRAIN H36B

AACCACTTACTTAACCTCAGTAAAGAAAATATAGCT  
 AAAATAGATTTTGGACTTTCTTAATGAGGCACCTTAATGCAAATATTCGTTT  
 GAAAGAATTAGTAGATGAACATAAAATTTCAAAGAAGTGGACAGTAAAG  
 GTTGGTCCAAAAAGACTCTCGAACGATAAAATCTTGATGATGGCCTT  
 ATCAATAAACATATAGTTTCCCTAGATCGTGCAGATTATAACATTATCCA  
 AGTCATTCCATTGCTAATGTACATGTACTACTGTTTTTAATACCAGAAA  
 GGGAGAATTCTAAAATATATAGAAATATACAACCTACAGTGATTATGAAATG  
 GAGTTAATCAATGAGGATAGGCAACAATTTCAAATATGAAACAGTTGA  
 TTTAGACCAATTGATACTTGTTGATATTTTTAATATTGATGACTACATTT  
 CATCATATTTAACAATA

## SEQ ID NO. 8003

STRAIN 18RS21

AACCACTTACTTAACCTCAGTAAAGAAAATATAG

## SEQUENCE LISTING

CTAAAATAGATTTTGACTTTCTTAATGAGGCACCTTAATGCAAATATTCGT  
 TTGAAAGAATTAGTAGATGAACTAAAAATTTCAAAGAAGCTGGACAGTAA  
 AGGTTGGTCCAAAAAGACTCTCGAACGATAAAAAATCTTGACGATGGCC  
 TTATCAATAAACATATAGTTTTCCCTAGATCGTGCAGATTATAACATTATC  
 CAAGTCATTCCATTGCTAATGTACATGTACTACTGTTTTTAATACCAGA  
 AAGGGAGAATTTCTAAAAAATTATAGAATATACAACCTACAGTGATTATGAAA  
 TGGAGTTAATCAATGAGGATAGGCAACAATTTTCAAATATGAAACAGTT  
 GATTAGACCAATTGATACTTGTGATATTTTAATATTGATGACTACAT  
 TTCATCATATTTAACAATA

## SEQ ID NO. 8004

STRAIN 2603 frame: 1

VNHLNLSKENIAKIDFDLNEALNANIRLDELKISKELDSKGWSKKDSRTIKILY  
 DGLINKHIVSLDRADYNIQVIPFANVHVLLFLIPERENSKNYRIYNSDYEMELINEDR  
 QFSKYETVDLDQLILVDIFNIDDISSYLT

## SEQ ID NO. 8005

STRAIN H36B frame: 1

NHLNLSKENIAKIDFDLNEALNANIRLDELKISKELDSKGWSKKDSRTIKILYD  
 GLINKHIVSLDRADYNIQVIPFANVHVLLFLIPERENSKNYRIYNSDYEMELINEDRQ  
 QFSKYETVDLDQLILVDIFNIDDISSYLT

## SEQ ID NO. 8006

STRAIN 18RS21 frame: 1

NHLNLSKENIAKIDFDLNEALNANIRLDELKISKELDSKGWSKKDSRTIKILYD  
 GLINKHIVSLDRADYNIQVIPFANVHVLLFLIPERENSKNYRIYNSDYEMELINEDRQ  
 QFSKYETVDLDQLILVDIFNIDDISSYLT

## SEQ ID NO. 8101

STRAIN 090

AGCAAGCCTAATGTTGTTTCAGTTAAA  
 TAATCAATATATTAACGATGAGAATCTAAAAAACGTTACGAAGCTGAGG  
 AGTTACGCCGAAAAAATCGTTTAATGGGTTGGGTTCTTATTTTTGTCATG  
 CTTTTATTTATTTTACCCACTTATAATTTAGTTAAGAGTTACAGAACTTT  
 ACAAGAACGTCGTCAAGAAGTTGTAAAATTAACGAAAGACTATCAGACAT  
 TAATAATAGAACTGAGAACCAGAAGTTGCTAGCAAAACAATAAAAAAT  
 CCAGATTACGTTCAAAAATATGCTCGAGCTAAGTATTATTTCTCTAAGAC  
 CGGCGAAATGATTTACCCATTACCAGACCTTTTACCAAAA

## SEQ ID NO. 8102

STRAIN A909

AGCAAGCCTAATGTTGTTTCAGTTAAATAATCAATA  
 TATTAACGATGAGAATCTAAAAAACGTTACGAAGCTGAGGAGTTACGCCGAAAAAATCG  
 TTTAATGGGTTGGGTTCTTATTTTTGTCATGCTTTTATTTTACCCACTTATAATTT  
 AGTTAAGAGTTACAGAACTTTACAAGAAGTCGTCAAGAAGTTGTAAAATTAACGAAAGA  
 CTATCAGACATTAATAATAGAACTGAGAACCAGAAGTTACTAGCAAAACAATAAAAAA  
 TCCAGATTACGTTCAAAAATATGCTCGAGCTAAGTATTATTTCTCTAAGACCGGCGAAAT  
 GATTTACCCATTACCAGACCT

## SEQ ID NO. 8103

STRAIN H36B

AGCAAGCCTAATGTTGTTTCAGTTAAA  
 TAATCAATATATTAACGATGAGAATCTAAAAAACGTTACGAAGCTGAGG  
 AGTTACGCCGAAAAAATCGTTTAATGGGTTGGGTTCTTATTTTTGTCATG  
 CTTTTATTTATTTTACCCACTTATAATTTAGTTAAGAGTTACAGAACTTT  
 ACAAGAACGTCGTCAAGAAGTTGTAAAATTAACGAAAGACTATCAGACAT  
 TAATAATAGAACTGAGAACCAGAAGTTACTAGCAAAACAATAAAAAAT  
 CCAGATTACGTTCAAAAATATGCTCGAGCTAAGTATTATTTCTCTAAGAC  
 CGGCGAAATGATTTACCCATTACCAGACCTTTTACCAAAA

## SEQ ID NO. 8104

STRAIN 18RS21

AGCAAGCCTAATGTTGTTTCAGTTAAATAATCAATATATTAACGATGAGAATCTAAAAA  
 CGTTACGAAGCTGAGGAGTTACGCCGAAAAAATCGTTTAATGGGTTGGGTTCTTATTTTT

## SEQUENCE LISTING

GTCATGCTTTTATTTATTTTACCCACTTATAATTTAGTTAAGAGTTACAGAACTTTACAA  
GAACGTCGTCAAGAAGTTGTAAAATTAACGAAAGACTATCAGACATTAACTAATAGAAGT  
GAGAACCAGAAAGTTGCTAGCAAAACAACTAAAAATCCAGATTACGTTCAAAAATATGCT  
CGAGCTAAGTATTATTTCTCTAAGACCGGCGAAATGATTTACCCATTACCAGACCTTTTA  
CCAAAA

SEQ ID NO. 8105

STRAIN M732

AGCAAGCCTAATGTTGTTTCAGTTAAA  
TAATCAATATATTAACGATGAGAATCTAAAAAACGTTACGAAGCTGAGG  
AGTTACGCCGAAAAAATCGTTTAAATGGGTTGGGTTCTTATTTTGTTCATG  
CTTTTATTTATTTTACCCACTTATAATTTAGTTAAGAGTTACAGAACTTT  
ACAAGAACGTCGTCAAGAAGTTGTAAAATTAACGAAAGACTATCAGACAT  
TAACTAATAGAAGTGAAGAACGAGTTACTAGCAAAACAACTAAAAAT  
CCAGATTACGTTCAAAAATATGCTCGAGCGAAGTATTATTTCTCTAAGAC  
CGGCGAAATGATTTACCCATTACCAGACCTTTTACCAAAA

SEQ ID NO. 8106

STRAIN COH1

AGCAAGCCTAATGTTGTTTCAGTTAAATAATC  
AATATATTAACGATGAGAATCTAAAAAACGTTACGAAGCTGAGGAGTTA  
CGCCGAAAAAATCGTTTAAATGGGTTGGGTTCTTATTTTGTTCATGCTttt  
ATTTATTTTACCCACTTATAATTTAGTTAAGAGTTACAGAACTTTACAAG  
AACGTCGTCAAGAAGTTGTAAAATTAACGAAAGACTATCAGACATTAAGT  
AATAGAAGTGAAGAACGAGTTACTAGCAAAACAACTAAAAATCCAGA  
TTACGTTCAAAAATATGCTCGAGCGAAGTATTATTTCTCTAAGACCGGCG  
AAATGATTTACCCATTACCAGACCTTTTACCAAAA

SEQ ID NO. 8107

STRAIN M781

AGCaAGCCTAATGTTGTTTCAGTT  
AAATAATCAATATaTTAACGATGAGAATCTAAAAAACGTTACGAAGCTG  
AGGAGTTACGCCGAAAAAATCGTTTAAATGGGTTGGGTTCTTATTTTGTTC  
ATGCTTTTATTTATTTTACCCACTTATAATTTAGTTAAGAGTTACAGAAC  
TTTACAAGAACGTCGTCAAGAAGTTGTAAAATTAACGAAAGACTATCAGA  
CATTAAGTAACTAGAACTGAGAACCAGAAGTTACTAGCAAAACAACTAAAA  
AATCCAGATTACGTTCAAAAATATGCTCGAGCGAAGTATTATTTCTCTAA  
GACCGGCGAAATGATTTACCCATTACCAGACCTTTTACCAAAA

SEQ ID NO. 8108

STRAIN CJB110

AGCAAGCCTAATGTTGTTTCAGTTAAATAATC  
AATATATTAACGATGAGAATCTAAAAAACGTTACGAAGCTGAGGAGTTA  
CGCCGAAAAAATCGTTTAAATGGGTTGGGTTCTTATTTTGTTCATGCTttt  
ATTTATTTTACCCACTTATAATTTAGTTAAGAGTTACAGAACTTTACAAG  
AACGTCGTCAAGAAGTTGTAAAATTAACGAAAGACTATCAGACATTAAGT  
AATAGAAGTGAAGAACGAGTTGCTAGCAAAACAACTAAAAATCCAGA  
TTACGTTCAAAAATATGCTCGAGCTAAGTATTATTTCTCTAAGACCGGCG  
AAATGATTTACCCATTACCAGACCTTTTACCAAAA

SEQ ID NO. 8109

STRAIN 1169NT

AGCAAGCCTAATGTTGTTTCAGTTAAA  
TAATCAATATATTAACGATGAGAATCTAAAAAACGTTACGAAGCTGAGG  
AGTTACGCCGAAAAAATCGTTTAAATGGGTTGGGTTCTTATTTTGTTCATG  
CTTTTATTTATTTTACCCACTTATAATTTAGTTAAGAGTTACAGAACTTT  
ACAAGAACGTCGTCAAGAAGTTGTAAAATTAACGAAAGACTATCAGACAT  
TAACTAATAGAAGTGAAGAACGAGTTACTAGCAAAACAACTAAAAAT  
CCAGATTACGTTCAAAAATATGCTCGAGCTAAGTATTATTTCTCTAAGAC  
CGGCGAAATGATTTACCCATTACCAGACCTTTTACCAAAA

SEQ ID NO. 8110

STRAIN JM9130013

AGCaAGCCTAATGTTGTTTCAGTTAAA



## SEQUENCE LISTING

TAATCAATATATTAACGATGAGAATCTAAAAAACGTTACGAAGCTGAGG  
 AGTTACGCCGAAAAAATCGTTTAAATGGGTTGGGTTCTTATTTTTGTCATG  
 CTTTATTTTATTTTACCCACTTATAATTTAGTTAAGAGTTACAGAACTTT  
 ACAAGAACGTCGTCAGAAGTTGTAAAATTAACGAAAGACTATCAGACAT  
 TAAC TAATAGAAGTGAACAGAGTTACTAGCAAAACAAC TAAAAAAT  
 CCAGATTACGTTCAAAAATATGCTCGAGCGAAGTATTATTTCTCTAAGAC  
 TGGCGAAATGATTTACCCATTACCAGACCTTTTACCAAAA

## SEQ ID NO. 8111

STRAIN 2603

agcaagcctaattgttgcagttaaataatcaatatattaacgatgagaa  
 tctaaaaaacgttacgaagctgaggagttacgccgaaaaaatcgtttaa  
 tgggttgggttcttattttgtcatgcttttatttttaccacttat  
 aatttagttaagagttacagaactttacaagaacgtcgtaagaagttgt  
 aaaattaacgaaagactatcagacattaactaatagaactgagaaccaga  
 agttgctagcaaaaactaaaaatccagattacgttcaaaaatgct  
 cgagctaagttattttcttaagaccggcgaaatgatttaccattacc  
 agaccttttaccaaaa

## SEQ ID NO. 8112

STRAIN 090

SKPNVVQLNNQYINDENLKKRYEAEELRRKNRLMGWVLI FVMLLFILPTYNL  
 VKSYRTLQERRQEVVKLT KDYQTLTNRTENQKLLAKQLKNPDYVQKYARAKYYFSKTGEM  
 IYPLPDLLPK

## SEQ ID NO. 8113

STRAIN A909

SKPNVVQLNNQYINDENLKKRYEAEELRRKNRLMGWVLI FVMLLFILPTYNL  
 VKSYRTLQERRQEVVKLT KDYQTLTNRTENQKLLAKQLKNPDYVQKYARAKYYFSKTGEM  
 IYPLPD

## SEQ ID NO. 8114

STRAIN H36B

SKPNVVQLNNQYINDENLKKRYEAEELRRKNRLMGWVLI FVMLLFILPTYNL  
 VKSYRTLQERRQEVVKLT KDYQTLTNRTENQKLLAKQLKNPDYVQKYARAKYYFSKTGEM  
 IYPLPDLLPK

## SEQ ID NO. 8115

STRAIN 18RS21

SKPNVVQLNNQYINDENLKKRYEAEELRRKNRLMGWVLI FVMLLFILPTYNLVKSYRTLQ  
 ERRQEVVKLT KDYQTLTNRTENQKLLAKQLKNPDYVQKYARAKYYFSKTGEM IYPLPDLL  
 PK

## SEQ ID NO. 8116

STRAIN M732

SKPNVVQLNNQYINDENLKKRYEAEELRRKNRLMGWVLI FVMLLFILPTYNL  
 VKSYRTLQERRQEVVKLT KDYQTLTNRTENQKLLAKQLKNPDYVQKYARAKYYFSKTGEM  
 IYPLPDLLPK

## SEQ ID NO. 8117

STRAIN COH1

SKPNVVQLNNQYINDENLKKRYEAEELRRKNRLMGWVLI FVMLLFILPTYNLVK  
 SYRTLQERRQEVVKLT KDYQTLTNRTENQKLLAKQLKNPDYVQKYARAKYYFSKTGEM IY  
 PLPDLLPK

## SEQ ID NO. 8118

STRAIN M781

SKPNVVQLNNQYINDENLKKRYEAEELRRKNRLMGWVLI FVMLLFILPTYN  
 LVKSYRTLQERRQEVVKLT KDYQTLTNRTENQKLLAKQLKNPDYVQKYARAKYYFSKTGE  
 MIYPLPDLLPK

## SEQ ID NO. 8119

STRAIN CJB110

SKPNVVQLNNQYINDENLKKRYEAEELRRKNRLMGWVLI FVMLLFILPTYNLVK

## SEQUENCE LISTING

SYRTLQERRQEVVKLT KDYQTLTNRTENQKLLAKQLKNPDYVQKYARAKYYFSKTGEM  
IYPLDLLPK

## SEQ ID NO. 8120

STRAIN 1169NT

SKPNVVQLNNQYINDENLKKRYEAEELRRKNRLMGWVLIFVMLLFILPTYNL  
VKSRTLQERRQEVVKLT KDYQTLTNRTENQKLLAKQLKNPDYVQKYARAKYYFSKTGEM  
IYPLDLLPK

## SEQ ID NO. 8121

STRAIN JM9130013

SKPNVVQLNNQYINDENLKKRYEAEELRRKNRLMGWVLIFVMLLFILPTYNL  
VKSRTLQERRQEVVKLT KDYQTLTNRTENQKLLAKQLKNPDYVQKYARAKYYFSKTGEM  
IYPLDLLPK

## SEQ ID NO. 8122

STRAIN 2603

SKPNVVQLNNQYINDENLKKRYEAEELRRKNRLMGWVLIFVMLLFILPTYNLVKSRTLQ  
ERRQEVVKLT KDYQTLTNRTENQKLLAKQLKNPDYVQKYARAKYYFSKTGEM IYPLDLL  
PK

## SEQ ID NO. 8201

STRAIN 2603

ATGAAAAATTTATTGTTAAATGTAAGGATAAGAAGGTTAAAGCATTTACACTTTTAGAA  
TGTTTGGTAGCATTTGGTTACAATCACAGGAGCTTTACTAGTTTATCAAGGACTGACAAAA  
TTGTTGGCTCAACAGATAGTAGTGATGTCTTCTCCAGTCAGTCTGAATGGGTGTTATTA  
ACTCAGCAACTAAATGCAGAAATTTGAAGGCGCTCATCTGGAATATTTAAGACAGAACAAA  
CTTTATTTACGTAAGCAAGATAAGATTGTAACCTTTGGCAAATCTAATAAAGATGATTTC  
CGTAAGACAGGTTATGATGGTCGAGGTTATCAACCAATGGTTTATGGGTTAGACAATTGT  
CAAATGAGTCAGACCAAAAGTATGGTAAACTTGTTTTTTATTTAAGGACGGGTAAAA  
AGGACATTTTACTATGATTTTAAAGAAGAACTTAA

## SEQ ID NO. 8202

STRAIN 090

AATTCGAAGGCGCTCACTTGGAATATTTAAGACAGAACAACTTTATTTA  
CGTAAGCAAGATAAGATTGTAACCTTTGGCAAATCTAATAAAGATGATTT  
CCGTAAGACAGGTTATGATGGTCGAGGTTATCAACCAATGGTTTATGGGT  
TAGACAATTGTCAAATGAGTCAAACCAAAAGTATGGTAAACTTGTTTTT  
TATTTTAAGGACGGGTAAAAAGGACATTTTACTATGATTTTAAAGAAGA  
AACT

## SEQ ID NO. 8203

STRAIN A909

CAGAAATTTGAAGGCGCTCATCTGGAATATTTAAGACAGAACAACTTTAT  
TTACGTAAGCAAGATAAGATTGTAACCTTTGGCAAATCTAATAAAGATGA  
TTTCCGTAAGACAGGTTATGATGGTCGAGGTTATCAACCAATGGTTTATG  
GGTTAGACAATTGTCAAATGAGTCAGACCAAAAGTATGGTAAACTTGT  
TTTTATTTAAGGACGGGTAAAAAGGACATTTTACTATGATTTTAAAGA  
AGAACT

## SEQ ID NO. 8204

STRAIN H36B

ATGCAGAAATTTGAAGGCGCTCATCTGGAATATTTAAGACAGAACAACTT  
TATTTACGTAAGCAAGATAAGATTGTAACCTTTGGCAAATCTAATAAAGA  
TGATTTCCGTAAGACAGGTTATGATGGTCGAGGTTATCAACCAATGGTTT  
ATGGGTTAGACAATTGTCAAATGAGTCAGACCAAAAGTATGGTAAACTT  
GTTTTTTATTTAAGGACGGGTAAAAAGGACATTTTACTATGATTTTAA  
AGAAGAACT

## SEQ ID NO. 8205

STRAIN 18RS21

AGAATTTGAAGGCGCTCATCTGGAATATTTAAGACAGAACAACTTTATT  
TACGTAAGCAAGATAAGATTGTAACCTTTGGCAAATCTAATAAAGATGAT  
TTCCGTAAGACAGGTTATGATGGTCGAGGTTATCAACCAATGGTTTATGG

## SEQUENCE LISTING

GTTAGACAATTGTCAAATGAGTCAGACCAAAGTATGGTAAACTTGTTT  
 TTTATTTTAAGGACGGGTAAAAAGGACATTTTACTATGATTTTAAAGAA  
 GAAACT

## SEQ ID NO. 8206

STRAIN M732

CAGAATTCGAAGGCGCTCACTTGGAAATATTTAAGACAGAACAACTTTAT  
 TTACGTAAGCAAGATAAGATTGTAACCTTTGGCAAATCTAATAAAGATGA  
 TTCCGTAAGACAGGTATAATGGTCGAGGTATCAACCAATGGTTTATG  
 GGTTAGACAATTGTCAAATGAGTCAGACCAAAGTATGGTAAACTTGTT  
 TTTATTTTAAGGACGGGTAAAAAGGACATTTTACTATGATTTTAAAGA  
 AGAAACT

## SEQ ID NO. 8207

STRAIN COH1

GAATTCGAAGGCGCTCACTTGGAAATATTTAAGACAGAACAACTTTATTT  
 ACGTAAGCAAGATAAGATTGTAACCTTTGGCAAATCTAATAAAGATGATT  
 TCCGTAAGACAGGTATAATGGTCGAGGTATCAACCAATGGTTTATGGG  
 TTAGACAATTGTCAAATGAGTCAGACCAAAGTATGGTAAACTTGTTTT  
 TTATTTTAAGGACGGGTAAAAAGGACATTTTACTATGATTTTAAAGAAG  
 AACT

## SEQ ID NO. 8208

STRAIN M781

AGAATTCGAAGGCGCTCACTTGGAAATATTTAAGACAGAACAACTTTATT  
 TACGTAAGCAAGATAAGATTGTAACCTTTGGCAAATCTAATAAAGATGAT  
 TTCCGTAAGACAGGTATAATGGTCGAGGTATCAACCAATGGTTTATGG  
 GTTAGACAATTGTCAAATGAGTCAGACCAAAGTATGGTAAACTTGTTTT  
 TTTATTTTAAGGACGGGTAAAAAGGACATTTTACTATGATTTTAAAGAA  
 GAAACT

## SEQ ID NO. 8209

STRAIN CJB110

GAATTCGAAGGCGCTCACTTGGAAATATTTAAGACAGAACAACTTTATTT  
 ACGTAAGCAAGATAAGATTGTAACCTTTGGCAAATCTAATAAAGATGATT  
 TCCGTAAGACAGGTATGATGGTCGAGGTATCAACCAATGGTTTATGGG  
 TTAGACAATTGTCAAATGAGTCAAACCAAAGTATGGTAAACTTGTTTT  
 TTATTTTAAGGACGGGTAAAAAGGACATTTTACTATGATTTTAAAGAAG  
 AACT

## SEQ ID NO. 8210

STRAIN 1169NT

TCGAAGGCGCTCACTTGGAAATATTTAAGACAGAACAACTTTATTTACGT  
 AAGCAAGATAAGATTGTAACCTTTGGCAAATCTAATAAAGATGATTTTCG  
 TAAGACAGGTATGATGGTCGAGGTATCAACCAATGGTTTATGGGTTAG  
 ACAATTGTCAAATGAGTCAAACCAAAGTATGGTAAACTTGTTTTTTAT  
 TTTAAGGACGGGTAAAAAGGACATTTTACTATGATTTTAAAGAAGAAAC  
 T

## SEQ ID NO. 8211

STRAIN JM9130013

TGCAGAAATTTGAAGGCGCTCATCTGGAATATTTAAGACAGAACAACTTT  
 ATTTACGTAAGCAAGATAAGATTGTAACCTTTGGCAAATCTAATAAAGAT  
 GATTTCCGTAAGACAGGTATGATGGTCGAGGTATCAACCAATGGTTTA  
 TGGGTTAGACAATTGTCAAATGAGTCAGACCAAAGTATGGTAAACTTG  
 TTTTTTATTTAAGGACGGGTAAAAAGGACATTTTACTATGATTTTAA  
 GAAGAACT

## SEQ ID NO. 8212

STRAIN 2603 frame: 1

MKNLLKCKDKKVKAFLLLECLVALVTITGALLVYQGLTKLLAQQIVMSSSSQSEWVLL  
 TQQLNAEFEGAHLEYLRQNKLYLRQDKIVTFGKSNKDDFRKTGYDGRGYQPMVYGLDNC  
 QMSQTKSMVKLVFYFKDGLKRTFYDFKEET.

## SEQUENCE LISTING

## SEQ ID NO. 8213

STRAIN 090 frame: 3

FEGAHLEYLRQNKLYLRKQDKIVTFGKSNKDDFRKTGYDGRGYQPMVYGLDNCQMSQTKS  
MVKLVFYFKDGLKRTFFYYDFKEET

## SEQ ID NO. 8214

STRAIN A909 frame: 3

EFEGAHLEYLRQNKLYLRKQDKIVTFGKSNKDDFRKTGYDGRGYQPMVYGLDNCQMSQTK  
SMVKLVFYFKDGLKRTFFYYDFKEET

## SEQ ID NO. 8215

STRAIN H36B frame: 3

AEFEGAHLEYLRQNKLYLRKQDKIVTFGKSNKDDFRKTGYDGRGYQPMVYGLDNCQMSQT  
KSMVKLVFYFKDGLKRTFFYYDFKEET

## SEQ ID NO. 8216

STRAIN 18RS21 frame: 2

EFEGAHLEYLRQNKLYLRKQDKIVTFGKSNKDDFRKTGYDGRGYQPMVYGLDNCQMSQTK  
SMVKLVFYFKDGLKRTFFYYDFKEET

## SEQ ID NO. 8217

STRAIN M732 frame: 3

EFEGAHLEYLRQNKLYLRKQDKIVTFGKSNKDDFRKTGYNGRGYQPMVYGLDNCQMSQTK  
SMVKLVFYFKDGLKRTFFYYDFKEET

## SEQ ID NO. 8218

STRAIN COH1 frame: 1

EFEGAHLEYLRQNKLYLRKQDKIVTFGKSNKDDFRKTGYNGRGYQPMVYGLDNCQMSQTK  
SMVKLVFYFKDGLKRTFFYYDFKEET

## SEQ ID NO. 8219

STRAIN M781 frame: 2

EFEGAHLEYLRQNKLYLRKQDKIVTFGKSNKDDFRKTGYNGRGYQPMVYGLDNCQMSQTK  
SMVKLVFYFKDGLKRTFFYYDFKEET

## SEQ ID NO. 8220

STRAIN CJB110 frame: 1

EFEGAHLEYLRQNKLYLRKQDKIVTFGKSNKDDFRKTGYDGRGYQPMVYGLDNCQMSQTK  
SMVKLVFYFKDGLKRTFFYYDFKEET

## SEQ ID NO. 8221

STRAIN 1169NT frame: 3

EGAHLEYLRQNKLYLRKQDKIVTFGKSNKDDFRKTGYDGRGYQPMVYGLDNCQMSQTKSM  
VKLVFYFKDGLKRTFFYYDFKEET

## SEQ ID NO. 8222

STRAIN JM9130013 frame: 2

AEFEGAHLEYLRQNKLYLRKQDKIVTFGKSNKDDFRKTGYDGRGYQPMVYGLDNCQMSQT  
KSMVKLVFYFKDGLKRTFFYYDFKEET

## SEQ ID NO. 8301

STRAIN 2603

atgaaaaagattcgattatcaaagtttattaaaaatgattgttggtattttgtttttaatt  
agtgtagcagctagttttttttttccacgttgcccaagttcgagatgataaatccttt  
atttcaaattggtcaacgtaagccttggaactctttatatgtttatgataaatcctttgat  
aagctattaaagcaaaaaaatagaaaatgacaaaccaaataaaagcaagttgcttggtat  
gttcctgctgttaagaaaactcataagacagctgttgctgcttcattggttttgcaatagc  
aaagagaatatgaaggcatatggttggtgtttcataagttaggatataaatgttcttatg  
cctgacaatatgtcacatggtgaaagtcattgggcagttgataggctatggctggaacgac  
cgcgagaacattatcaaattggacagaaatgatagttgataagaatccatcaagccaaatt  
actttatttggtgttttcaatgggtggagcaacagtcattggttagtggtgaaaaatta  
cctagtcagggtgttaatatcattgaagattgcggttattctagtggtttgggatgaatta  
aaatttcaggctaaagagatgtatggtttaccagccttccactcttatatgaagtttca  
acaattttctaaaaatcagagcaggtttttcgtatggacaagcaagtagtgctgaacaattg

## SEQUENCE LISTING

aaaaagaataattttaccagccctctttattcatggtgataaggataattttgttccaaca  
 agtatggtttatgacaactataaagctacagcaggttaagaaagagctttatattgtaaaa  
 ggggcaaaacatgcgaaatcttttgaaacagagccagaaaaatatgagaaacgtatctct  
 agttttttgaaaaatatgaaaaa

## SEQ ID NO. 8302

## STRAIN 090

GCTAGTTTTTATTTTTTCCACGTTGCCCAAGTTTCG  
 AGATGATAAATCCTTTATTTCAAATGGTCAACGTAAGCCTGGAAACTCTT  
 TATATGCTTATGATAAATCCTTTTGATAAGCTATTAAAGCAAAAAATAGAA  
 ATGACAAACCAAAATATAAAGCAAGTTGCTTGGTATGTTCTGCTGCTAA  
 GAAACTCATAAGACAGCTGTTGTCGTTTCATGGTTTTGCGAATAgCAAAG  
 AGAATATGAAGGCATATGGTTGGCTGTTTCATAAGTTAGGATACAATGTT  
 cTTATGCTTGACAATATTGCACATGGtGAAAGTCATGGGCAGTTGATAGG  
 CTATGGCTGGAACGACCGCGAGAACATTATCaAATGGACAGAAATGATAG  
 TTGATAAGAATCCATCAAGCCAAATTACTTtaTTTGGTGTTCATGGGT  
 GGAGCAACAGTCATGATGGCTAGTGGTGAAAAATTACCTAGTCAGGTTGT  
 TAATATCATTGAAGATTGCGGTATTCTAGTGTGGGATGAATTAATAA  
 TTTAGGCTAAAGAGATGTATGGTTTACCAGCCTTCCACTCTTATATGAA  
 GTTTCAACAATTTCTAAAATCAGAGCAGGTTTTTCGTATGGACAAGCAAG  
 TAGTGTGGAACAATTGAAAAAGAATAATTTACCAGCCCTCTTTATTCATG  
 GTGATAAGGATAATTTGTTCCAACAAGTATGGTTTATGACAACATATAAA  
 GCTACAGCAGGTAAAGAAAGAGCTTTATATTGTAAGGGGGCAAAACATGC  
 GAAATCTTTTGAACAGAGCCAGAAAAATATGAGAAACGTATCTCTAGTT  
 TTTTGAAAAAATATGAAAAA

## SEQ ID NO. 8303

## STRAIN A909

AATCCTTTATTTCAAATGGTCAACGTAAGCCTGGAAACTCTTTATATGCT  
 TATGATAAATCCTTTGATAAGCTATTAAAGCAAAAAATAGAAATGACAAA  
 CCAAAATATAAAGCAAGTTGCTTGGTATGTTCTGCTGCTAAGAAAATC  
 ATAAGACAGCTGTTGTCGTTTCATGGTTTTGCGAATAGCAAAGAGAATATG  
 AAGGCATATGGTTGGCTGTTTCATAAGTTAGGATACAATGTTCTTATGCC  
 TGACAACATTGCACATGGTGAAAGTCATGGGCAGTTGATAGGCTATGGCT  
 GGAACGACCGCGAGAACATTATCAAAATGGACAGAAATGATAGTTGATAAG  
 AATTCATCAAGCCAAATTACTTTATTTGGTGTTCATGGGTGGAGCAAC  
 AGTCATGATGGCTAGTGGTGAAAAATTACCTAGTCAGGTTGTTAATATCA  
 TTGAAGATGCGGTATTCTGGTGTGGGATGAATTAATAATTCAGGCT  
 AAAGAGATGTATGGTTTACCAGCCTTCCACTCTTATATGAAGTTTCAAC  
 AATTTCTAAAATCAGAGCAGGTTTTTCGTATGGACAAGCAAGTAGTGTG  
 AACAATTGAAAAAGAATAATTTACCAGCCCTCTTTATTCATGGTGATAAG  
 GATAATTTGTTTCCACAAGTATGGTTTATGACAACATATAAAGCTACAGC  
 AGGTAAGAAAGAGCTTTATATTGTAAGGGGGCAAAACATGCGAAATCTT  
 TTGAACAGAGCCAGAAAAATATGAGAAACGTATCTCTAGTTTTTTGAAA  
 AAATATGAAAAA

## SEQ ID NO. 8304

## STRAIN H36B

AGTTTTTATTTTTTCCACGTTGCCCAAGTTGAGATGATAAATCCTTTAT  
 TTCAAATGGTCAACGTAAGCCTGGAAACTCTTTATATGCTTATGATAAAT  
 CCTTTGATAAGCTATTAAAGCAAAAAATAGAAATGACAAACCAAAATATA  
 AAGCAAGTTGCTTGGTATGTTCTGCTGCTAAGAAAATCATAAGACAGC  
 TGTTGTCGTTTCATGGTTTTGCGAATAGCAAAGAGAATATGAAGGCATATG  
 GTTGGCTGTTTCATAAGTTAGGATACAATGTTcTTATGCTTGACAACATT  
 GCACATGGTGAAAGTCATGGGCAGTTGATAGGCTATGGCTGGAACGACCG  
 CGAGAACATTATCAAAATGGACAGAAATGATAGTTGATAAGAATTCATCAA  
 GCCAAATTACTTTATTTGGTGTTCATGGGTGGAGCAACAGTCATGATG  
 GCTAGTGGTGAAAAATTACCTAGTCAGGTTGTTAATATCATTGAAGATTG  
 CGGTTATTCTGGTGTGGGATGAATTAATAATTCAGGCTAAAGAGATGT  
 ATGGTTTACCAGCCTTCCACTCTTATATGAAGTTTCAACAATTTCTAAA  
 ATCAGAGCAGGTTTTTCGTATGGACAAGCAAGTAGTGTGGAACAATTGAA  
 AAAGAATAATTTACCAGCCCTCTTTATTCATGGTGATAAGGATAATTTTG  
 TTCCAACAAGTATGTTTATGACAACATATAAAGCTACAGCAGGTAAGAAA  
 GAGCTTTATATTGTAAGGGGGCAAAACATGCGAAATCTTTGAAACAGA

## SEQUENCE LISTING

GCCAGAAAAATATGAGAAACGTATCTCTAGTTTTTTGAAAAAaTATgAAA  
AA

## SEQ ID NO. 8305

STRAIN 18RS21

GCTAGTTTTTATTTTTCCACGTTGCCCAAGTTCGA  
GATGATAAATCCTTTATTTCAAATGGTCAACGTAAGCCTGGAAACTCTTT  
ATATGCTTATGATAAATCCTTTGATAAGCTATTAAAGCAAAAAATAGAAA  
TGACAAACCAAAATATAAAGCAAGTTGCTTGGTATGTTCTGCTGTTAAG  
AAAACTCATAAGACAGCTGTTGTCGTTTCATGGTTTTGCGAATAGCAAAGA  
GAATATGAAGGCATATGGTTGGCTGTTTCATAAGTTAGGATACAATGTTT  
TTATGCCTGACAAATATTGCACATGGTGAAAGTCATGGGCAGTTGATAGGC  
TATGGCTGGAACGACCGCGAGAACATTATCAAATGGACAGAAATGATAGT  
TGATAAGAATCCATCAAGCCAAATTACTTTATTTGGTGTTTCAATGGGTG  
GAGCAACAGTCATGATGGCTAGTGGTGAAAAATTACCTAGTCAGGTGTT  
AATATCATTGAAGATTGCGGTTATTCTAGTGGTTGGGATgAATTAAAAAT  
TCAGGCTAAAGAGATGTATGGTTTACCAGCCTTCCCACTCTTATATGAAG  
TTTCAACAATTTCTAAAATCAGAGCAGGTTTTTTCGTATGGACAAGCAAGT  
AGTGTGCAACAATTGAAAAAGAATAAATTACCAGCCCTCTTATTCATGG  
TGATAAGGATAAATTTGTTCCAACAAGTATGGTTTTATGACAACTATAAAG  
CTACAGCAGGTAAGAAAGAGCTTTATATTGTAAGGGGGCAAAACATGCG  
AAATCTTTTGAAaCAGAGCCAGAAAAATATGAGAAACGTATCTCTAGTTT  
TTTGAAAAAATATGAAAAA

## SEQ ID NO. 8306

STRAIN M732

GCTAGTTTTTATTTTTCCACGTTGCCCAAGTTCGA  
GATGATAAATCCTTTATTTCAAATGGTCAACGTAAGCCTGGAAACTCTTT  
ATATGCTTATGATAAATCCTTTGATAAGCTATTAAAGCAAAAAATAGAAA  
TGACAAACCAAAATATAAAGCAAGTTGCTTGGTATGTTCTGCTGCTAAG  
AAAACTCATAAGACAGTTGTTGTCGTTTCATGGTTTTGCGAATAGCAAAGA  
GAATATGAAGGCATATGGTTGGCTGTTTCATAAGTTAGGATACAATGTTT  
TTATGCCTGACAAATTCACATGGTGAAAGTCATGGGCAGTTGATAGGC  
TATGGCTGGAACGACCGCGAGAACATTATCAAATGGACAGAAATGATAGT  
GGATAAGAATCCATCAAGCCAAATTaCTTTATTTGGTGTTTCAATGGGTG  
GAGCAACAGTCATGATGGCTAGTGGTGAAAAATTACCTAGTCAGGTGTT  
AATATCATTGAAGATTGTGGTTATTCTAGTGGTTGGGATGAATTAAAAAT  
TCAGGCTAAAGAGATGTATGGTTTACCAGCCTTCCCACTCTTATATGAAG  
TTTCAACAATTTCTAAAATCAGAGCAGGTTTTTTCGTATGGACAAGCAAGT  
AGTGTGCAACAATTGAAAAAGAATAAATTACCAGCCCTCTTATTCATGG  
TGATAAGGATAAATTTGTTCCAACAAGTATGGTTTTATGACAACTATAAAG  
CTACAGCAGGTAAGAAAGAGCTTTATATTGTAAGGGGGCAAAACATGCG  
AAATCTTTTGAAACAGAGCCAGAAAAATATGAGAAACGTATCTCTAGTTT  
TTTGAAAAAATATGAAAAA

## SEQ ID NO. 8307

STRAIN COH1

GCTAGTTTTTATTTTTCCACGTTGCCCAAGTTC  
GAGATGATAAATCCTTTATTTCAAATGGTCAACGTAAGCCTGGAAACTCT  
TTATATGCTTATGATAAATCCTTTGATAAGCTATTAAAGCAAAAAATAGA  
AATGaCAAACCAAAATATAAAGCAAGTTGCTTGGTATGTTCTGCTGCTA  
AGAAAACTCATAAGACAGTTGTTGTCGTTTCATGGTTTTGCGAATAGCAAA  
GAGAATATGAAGGCATATGGTTGGCTGTTTCATAAGTTAGGATACAATGT  
TCTTATGCCTGACAACATTGCACATGGTGAAAGTCATGGGCAGTTGATAG  
GCTATGGCTGGAACGACCGCGAGAACATTATCAAATGGACAGAAATGATA  
GTGGATAAGAATCCATCAAGCCAAATTACTTTATTTGGTGTTTCAATGGG  
TGGAGCAACAGTCATGATGGCTAGTGGTGAAAAATTACCTAGTCAGGTG  
TTAATATCATTGAAGATTGTGGTTATTCTAGTGGTTGGGATgAATTAAAA  
TTTCAGGCTAAAGAGATGTATGGTTTACCAGCCTTCCCACTCTTATATGA  
AGTTTCAACAATTTCTAAAATCAGAGCAGGTTTTTTCGTATGGACAAGCAA  
GTAGTGTGGAACAATTGAAAAAGAATAAATTACCAGCCCTCTTATTCAT  
GGTGATAAGGATAAATTTGTTCCAACAaGTATGGTTTTATGACAACTATAA  
AGCTACAGCAGGTAAGAAAGAGCTTTATATTGTAAGGGGGCAAAACATG  
CGAAATCTTTTGAAaCAGAGCCAGAAAAATATGAGAAACGTATCTCTAGT

## SEQUENCE LISTING

TTTTTGAAAAAATATGAAAAA

SEQ ID NO. 8308

STRAIN M781

GCTAGTTTTATTTTTTCCACGTTGCCCAAGTTCG  
 AGATGATAAATCCTTTATTTCAAATGGTCAACGTAAGCCTGGAAACTCTT  
 TATATGCTTATGATAAATCCTTTGATAAGCTATTAAAGCAAAAAATAGAA  
 ATGACAAACCAAAATATAAAGCAAGTTGCTTGGTATGTTCTGCTGCTAA  
 GAAACTCATAAGACAGTTGTTGTCGTTTCATGGTTTTGCGAATAGCAAAG  
 AGAATATGAAGGCATATGGTTGGCTGTTTCATAAGTTAGGATACAATGTT  
 CTTATGCCTGACAACATTGCACATGGTGAAAGTCATGGGCAGTTGATAGG  
 CTATGGCTGGAACGACCGCGAGAACATTATCAAATGGACAGAAATGATAG  
 TGGATAAGAATCCATCAAGCCAAATTaCTTTATTTGGTGTTCATGGGT  
 GGAGCAACAGTCATGATGGCTAGTGGTGAAAAATTACCTAGTCAGGTTGT  
 TAATATCATTGAAGATTGTTGTTATTcTAGTGTTTGGGATgAATTAAAA  
 TTCAGGcTAAAGAGATGTATGGTTTTACCAGCCTTCCCACTcTTATATGaA  
 GTTTCAaCAATTTcTAAATcAgAGCAGGTTTTTCGTATGGACaAgCAAG  
 TAgtGTGCAACAATtGAAAAAGAATAATTTACCAGCCCTcTTTATTCATG  
 GTGATAAGGATAATTTGTTCCAACAaGTATGGTTTATGaCAaCTATAAA  
 CTACAGCAGGTAAGAAAGAGCTTTATATTGTAAAAGGGGCAAAACATGC  
 GAAATCTTTTGAAaCAGAGCCAGAAaAATATGAGAAACGTATCTCTAGTT  
 TTTTGAAAAAATATGAAAAA

SEQ ID NO. 8309

STRAIN CJB110

GCTAGTTTTATTTTTTCCACGTTGCCCAAGTTCGAG  
 ATGATAAATCCTTTATTTCAAATGGTCAACGTAAGCCTGGAAACTCTTTA  
 TATGCTTATGATAAATCCTTTGATAAGCTATTAAAGCAAAAAATAGAAAT  
 GACAAACCAAAATATAAAGCAAGTTGCTTGGTATGTTCTGCTGCTAAGA  
 AAACCTCATAAGACAGCTGTTGTCGTTTCATGGTTTTGCGAATAGCAAAGAG  
 AATATGAAGGCATATGGTTGGCTGTTTCATAAGTTAGGATACAATGTTcT  
 TATGCCCTGACAATATTGCACATGGTGAAAGTCATGGGCAGTTGATAGGCT  
 ATGGCTGGAACGACCGCGAGAACATTATCAAATGGACAGAAATGATAGTT  
 GATAAGAATCCATCAAGCCAAATTACTTTATTTGGTGTTCATGGGTGG  
 AGCAACAGTCATGATGGCTAGTGGTGAAAAATTACCTAGTCAGGTTGTTA  
 ATATCATTGAAGATTGCGGTTATTcTAGTGTTTGGGATgAATTAAATTT  
 CAGGCTAAAGAGATGTATGGTTTTACCAGCCTTCCCACTCTTATATGAAGT  
 TTCAACAATTTCTAAAATCAGAGCAGGTTTTTCGTATGGACAAGCAAGTA  
 gTGTGCAACAATTGAAAAAGAATAATTTACCAGCCCTcTTTATTCATGGT  
 GATAAGGATAATTTTGTTCACAAGTATGGTTTATGACAATAAAGC  
 TACAGCAGGTAAGAAAGAGCTTTATATTGTAAAAGGGGCAAAACATGCGA  
 AATCTTTTGAAACAGAGCCAGAAAAATATGAGAAACGTATCTCTAGTTTT  
 TTGAAAAAATATGAAAAA

SEQ ID NO. 8310

STRAIN 1169NT

GCTAGTTTTATTTTTTCCACGTTGCCCAAGTTCGA  
 GATGATAAATCCTTTATTTCAAATGGTCAACGTAAGCCTGGAAACTCTTT  
 ATATGCTTATGATAAATCCTTTGATAAGCTATTAAAGCAAAAAATAGAAA  
 TGACAAACCaaAATATAAAGCAAGTTGCTTGGTATGTTCTGCTGCTAAG  
 AAAACTCATAAGACAGCTGTTGTCGTTTCATGGTTTTGCGAATAGCAAAGA  
 gAATATGAAGGCATATGGTTGGCTGTTTCATAAGTTAGGATACAATGTTc  
 TTATACCTGACAATATTGCACATGGTGAAAGTCATGGGCAGTTGATAGGC  
 TATGGCTGGAACGACCGCGAGAACATTATCAAATGGACAGAAATGATAGT  
 TGATAAGAATCCATCAAGCCAAATTACTTTATTTGGTGTTCATGGGTG  
 GAGCAACAGTCATGATGGCTAGTGGTGAAAAATTACCTAGTCAGGTTGTT  
 AATATCATTGAAGATTgCGGTTATTcTAGTGTTTGGGATgAATTAAATTT  
 TCAGGCTAaAGAGATGTATGGTTTaCCAGCCTTCCCACTcTTATATGAAG  
 TTTCAACAATTTCTAAAATCAGAGCAGGTTTTTCGTATGGACAAGCAAGT  
 AGTGTAGAACAATTGAAAAAGAATAATTTACCAGCCCTCTTTATTCATGG  
 TGATAAGGATAAATTTGTTCCAACAAGTATGGTTTATGACAATAAAG  
 CTACAGCAGGTAAGAAAGAGCTTTATATTGTAAAAGGGGCAAAACATGCG  
 AAATCTTTTGAAaCAGAGCCAGAAAAATATGAGAAACGTATCTCTAGTTT  
 TTTGAAAAAATATGAAAAA

## SEQUENCE LISTING

## SEQ ID NO. 8311

STRAIN JM9130013

GCTAGTTTTTATTTTTTCCACGTTGCCCAAGTTCG  
 AGATGATAAATCCTTTATTTCAAATGGTCAACGTAAGCCTGGAAACTCTT  
 TATATGCTTATGATAAATCCTTTGATAAGCTATTAAAGCAAAAAATAGAA  
 ATGaCAAACCAAAATATAAAGCAAGTTGCTTGGTATGTTCTGCTGTTAA  
 GAAAACTCATAAGACAGCTGTTGTCGTTTCATGGTTTTGCGAATAGCAAAG  
 AGAATATGAAGGCATATGGTTGGCTGTTTCATAAGTTAGGATACAATGTT  
 CTTATGCCTGACAATATGACATGGTGAAAGTCATGGGCAGTTGATAGG  
 CTATGGCTGGAACGACCGCGAGAACATTATCaAATGGACAGAAATGATAG  
 TTGATAAGAATCCATCAAGCCAAATTaCTTTATTTGGTGTTCATGGGT  
 GGAGCAACAGTCATGATGGCTAGTGGTGAAAAATTACCTAGTCAGGTGT  
 TAATATCATTGAAGATTGCGGTATTcTAGTGTGGGATgAATTAAAT  
 TTCAGGCTAAAGAGATGTATGGTTTACCAGCCTTCCCACTCTTATATGAA  
 GTTTCACAATTTCTAAAATCAGAGCAGGTTTTTCGTATGGACAAGCAAG  
 TAGTGTGAACAATTGAAAAAGAATAATTTACCAGCCTCTTTATTCATG  
 GTGATAAGGATAATTTTGTTCACAAGTATGGTTTTATGACAACTATAAA  
 GCTACAGCAGGTAAGAAAGAGCTTTATATTGTAAGGGGCAAAACATGC  
 GAAATCTTTTGAACAGAGCCAGAAAAATATGAGAAACGTATCTCTAGTT  
 TTTTGA AAAAATATGAAAAA

## SEQ ID NO. 8312

STRAIN 2603 frame: 1

MKKIRLSKFIKMIVILFLISVAASFYFFHVAQVRDDKSFISNGQRKPGNSLYAYDKSFD  
 KLLKQKIEMTNQNIKQVAVYVPAVKKTHKTA VVVHGFANSKENMKAYGWL FHKLGYNVLM  
 PDNIAHGESHGQLIGYGWNDRENI IKWTEMIVDKNPSSQITLFGVSMGGATVMMASGEKL  
 PSQVVNIIEDCGYSSVWDELKFQAKEMYGLPAFPLLYEVSTISKIRAGFSYGOASSVEQL  
 KKNL PALFIHGDKDNFVPTSMVYDNYKATAGKKELYIVKGAKHAKSFETEPEKYEKRIS  
 SFLKKYEK

## SEQ ID NO. 8313

STRAIN 090 frame: 1

ASFYFFHVAQVRDDKSFISNGQRKPGNSLYAYDKSFDKLLKQKIEMTNQNIKQVAVYVPA  
 AKKTHKTA VVVHGFANSKENMKAYGWL FHKLGYNVLM PDNIAHGESHGQLIGYGWNDRENI  
 IKWTEMIVDKNPSSQITLFGVSMGGATVMMASGEKLPSQVVNIIEDCGYSSVWDELKFQ  
 AKEMYGLPAFPLLYEVSTISKIRAGFSYGOASSVEQLKKNL PALFIHGDKDNFVPTSMV  
 YDNYKATAGKKELYIVKGAKHAKSFETEPEKYEKRIS SFLKKYEK

## SEQ ID NO. 8314

STRAIN A909 frame: 3

SFISNGQRKPGNSLYAYDKSFDKLLKQKIEMTNQNIKQVAVYVPAKKTHKTA VVVHGFAN  
 SKENMKAYGWL FHKLGYNVLM PDNIAHGESHGQLIGYGWNDRENI IKWTEMIVDKNSSS  
 QITLFGVSMGGATVMMASGEKLPSQVVNIIEDCGYSGVWDELKFQAKEMYGLPAFPLLYE  
 VSTISKIRAGFSYGOASSVEQLKKNL PALFIHGDKDNFVPTSMVYDNYKATAGKKELYI  
 VKGAKHAKSFETEPEKYEKRIS SFLKKYEK

## SEQ ID NO. 8315

STRAIN H36B frame: 1

SFYFFHVAQVRDDKSFISNGQRKPGNSLYAYDKSFDKLLKQKIEMTNQNIKQVAVYVPA  
 KKTHKTA VVVHGFANSKENMKAYGWL FHKLGYNVLM PDNIAHGESHGQLIGYGWNDRENI  
 IKWTEMIVDKNSSS QITLFGVSMGGATVMMASGEKLPSQVVNIIEDCGYSGVWDELKFQ  
 KEMYGLPAFPLLYEVSTISKIRAGFSYGOASSVEQLKKNL PALFIHGDKDNFVPTSMVY  
 DNYKATAGKKELYIVKGAKHAKSFETEPEKYEKRIS SFLKKYEK

## SEQ ID NO. 8316

STRAIN 18RS21 frame: 1

ASFYFFHVAQVRDDKSFISNGQRKPGNSLYAYDKSFDKLLKQKIEMTNQNIKQVAVYVPA  
 VKKTHKTA VVVHGFANSKENMKAYGWL FHKLGYNVLM PDNIAHGESHGQLIGYGWNDRENI  
 IKWTEMIVDKNPSSQITLFGVSMGGATVMMASGEKLPSQVVNIIEDCGYSSVWDELKFQ  
 AKEMYGLPAFPLLYEVSTISKIRAGFSYGOASSVEQLKKNL PALFIHGDKDNFVPTSMV  
 YDNYKATAGKKELYIVKGAKHAKSFETEPEKYEKRIS SFLKKYEK

## SEQ ID NO. 8317



## SEQUENCE LISTING

## STRAIN M732 frame: 1

ASFYFFHVAQVRDDKSFISNGQRKPGNSLYAYDKSFDKLLKQKIEMTNQNIQVAVYVPA  
 AKKTHKTVVVVHGFANSKENMKAYGWL FHKLGYNVLM PDNIAHGESHGQLIGYGWNDREN  
 IIKWTEMIVDKNPSSQITLFGVSMGGATVMMASGEKLP SQVVNI IEDCGYSSVWDELKFQ  
 AKEMYGLPAFPPLLYEVSTISKIRAGFSYGOASSVEQLKKNL PALFIHGDKDNFVPTSMV  
 YDNYKATAGKKELYIVKGAKHAKSFETEPEKEYEKRISSFLKKYEK

## SEQ ID NO. 8318

## STRAIN COH1 frame: 1

ASFYFFHVAQVRDDKSFISNGQRKPGNSLYAYDKSFDKLLKQKIEMTNQNIQVAVYVPA  
 AKKTHKTVVVVHGFANSKENMKAYGWL FHKLGYNVLM PDNIAHGESHGQLIGYGWNDREN  
 IIKWTEMIVDKNPSSQITLFGVSMGGATVMMASGEKLP SQVVNI IEDCGYSSVWDELKFQ  
 AKEMYGLPAFPPLLYEVSTISKIRAGFSYGOASSVEQLKKNL PALFIHGDKDNFVPTSMV  
 YDNYKATAGKKELYIVKGAKHAKSFETEPEKEYEKRISSFLKKYEK

## SEQ ID NO. 8319

## STRAIN M781 frame: 1

ASFYFFHVAQVRDDKSFISNGQRKPGNSLYAYDKSFDKLLKQKIEMTNQNIQVAVYVPA  
 AKKTHKTVVVVHGFANSKENMKAYGWL FHKLGYNVLM PDNIAHGESHGQLIGYGWNDREN  
 IIKWTEMIVDKNPSSQITLFGVSMGGATVMMASGEKLP SQVVNI IEDCGYSSVWDELKFQ  
 AKEMYGLPAFPPLLYEVSTISKIRAGFSYGOASSVEQLKKNL PALFIHGDKDNFVPTSMV  
 YDNYKATAGKKELYIVKGAKHAKSFETEPEKEYEKRISSFLKKYEK

## SEQ ID NO. 8320

## STRAIN CJB110 frame: 1

ASFYFFHVAQVRDDKSFISNGQRKPGNSLYAYDKSFDKLLKQKIEMTNQNIQVAVYVPA  
 AKKTHKTVVVVHGFANSKENMKAYGWL FHKLGYNVLM PDNIAHGESHGQLIGYGWNDREN  
 IIKWTEMIVDKNPSSQITLFGVSMGGATVMMASGEKLP SQVVNI IEDCGYSSVWDELKFQ  
 AKEMYGLPAFPPLLYEVSTISKIRAGFSYGOASSVEQLKKNL PALFIHGDKDNFVPTSMV  
 YDNYKATAGKKELYIVKGAKHAKSFETEPEKEYEKRISSFLKKYEK

## SEQ ID NO. 8321

## STRAIN 1169NT frame: 1

ASFYFFHVAQVRDDKSFISNGQRKPGNSLYAYDKSFDKLLKQKIEMTNQNIQVAVYVPA  
 AKKTHKTVVVVHGFANSKENMKAYGWL FHKLGYNVLM PDNIAHGESHGQLIGYGWNDREN  
 IIKWTEMIVDKNPSSQITLFGVSMGGATVMMASGEKLP SQVVNI IEDCGYSSVWDELKFQ  
 AKEMYGLPAFPPLLYEVSTISKIRAGFSYGOASSVEQLKKNL PALFIHGDKDNFVPTSMV  
 YDNYKATAGKKELYIVKGAKHAKSFETEPEKEYEKRISSFLKKYEK

## SEQ ID NO. 8322

## STRAIN JM9130013 frame: 1

ASFYFFHVAQVRDDKSFISNGQRKPGNSLYAYDKSFDKLLKQKIEMTNQNIQVAVYVPA  
 VKKTHKTVVVVHGFANSKENMKAYGWL FHKLGYNVLM PDNIAHGESHGQLIGYGWNDREN  
 IIKWTEMIVDKNPSSQITLFGVSMGGATVMMASGEKLP SQVVNI IEDCGYSSVWDELKFQ  
 AKEMYGLPAFPPLLYEVSTISKIRAGFSYGOASSVEQLKKNL PALFIHGDKDNFVPTSMV  
 YDNYKATAGKKELYIVKGAKHAKSFETEPEKEYEKRISSFLKKYEK

## SEQ ID NO. 8401

## STRAIN 2603

ATGATGAAAGTTTTAGCCTTTGATACCTCAAGCAAAGCACTATCAGTGGCTGTACTAAAC  
 AATATGGAATGTTTAGCGACTGTCACTATCAATATCAAAAAGAATCATAGCATTAAATTG  
 ATGCCAGCCATTGATTTTTTAATGCAATCAATTGATTAGAACCTCAAGATTTGGACCGT  
 ATCGTAGTAGCAGAGGGTCCAGGATCTTATACGGGCTTACGTGTAGCTGTTGCTACAGCA  
 AAAATGCTAGCTTATACGCTTAAGATTGACTTAGTTGGAGTATCTAGCCTGTACGCTTTA  
 ACAAATGGATTTTCAGAAAATGATTTATTGGTACCACTTATAGATGCACGACGTAATAAT  
 GTTTATGTTGGTTTCTGATCAAAATGGTGATACTGTTAAACCAGACTGTACACTTCTCTT  
 GAAGAAGTCTTACAAGAGTGGGGAATAAAGCCAATGTTCAATTTGTGCGAGAGGTTGCA  
 GCATTTTTTGATCAGATTAAGAAAGCCTTACCACATGCTAAAATTACAGAACTTTACCT  
 TGTGCAGTAGCAATTGGGCCCAAAGGACAAAAATGAAAAGCGTTAATGTAGATGCGTTT  
 GTTCCACGATACTTAAACGTGTTGAAGCTGAGGAAAATTGGTTAAAAAACCACTGTGAA  
 ACGAATACAGAAGAATATATTAAGAGAGTT

## SEQ ID NO. 8402

## STRAIN 090

AAAGTTTTAGCCTTTGATACCTTCAAGCAAAGCACTATCAGTGGCTGTACT  
AAACAATATGGAATGTTTAGGCACCTGTCACTaTCAATATCAAAAAGAATC  
ATAGCAATTAATTTGATGCCAGCATTGATTTTATGAATGCAATCAATTGA  
TTAGAACCTCAAGATTTGGACCGTATCGTAGTTGGCAGAGGGTCAGGATC  
TTATACGGGGCTTACGTGTAGCTGTTGCTACAGCAAAAATGCTAGCTTATA  
CGCTTAAGATTGACTTATTTGGAGTATCTAGCCTGTACGCTTTAAACAAT  
GGATTTTCAGAAAATGATTTGTTGGTACCATTATAGATGCAGCAGGTAA  
CAATGTTTTATGTTGGTTTCTATCAAAATGGTGATACTGTTAAACCAgACT  
GTCACACTTCTCTTGAAGAAGTCTTACAAGAGTTGGGGAATAAAGCCAAT  
GTTCAATTTTGTGGAGAGTTGCAGCATTTTTGTATCAGATTAaAgAAGC  
CTTACCACATGCTAAAATTACAGAAACTTTACCTGTGTGCAGTGGCAATTG  
GGCGCAAAGGACAAAAATGGAAGCGTTAATGTAGATGCGTTTGTTCCA  
CGATACTTAAaACGAGTTGAAGCTGAGGAAAATTGGTAAAAAACCACTG  
TGAAACGAAT

STRAIN A909

SEQ ID NO. 8404

STRAIN H36B

SEQ ID NO. 8405

STRAIN 18RS21

363

## SEQUENCE LISTING

AAAAACCACTGTGAAACGAATACAGAAGAATATATTAAGAGAGTT

SEQ ID NO. 8406

STRAIN M732

AAAGTTTGTAGCCTTTGATACTTCAAGCAAAGCACTATCA  
GTGGCTGTACTAAACAATATGGAATGTTTAGCGACTGTCACTATCAATAT  
CAAAAAGAATCATAGCATTAAATTTGATGCCAGCCATTGATTTTTTAATGC  
AATCAATTGATTTAGAACCTCAAGATTTGGACCGTATCGTAGTAGCAGAG  
GGTCCAGGATCTTATACGGGCTTACGTGTAGCTGTTGCTACAGCAAAAAT  
GCTAGCTTATACGCTTAAGATTGACTTAGTTGGAGTATCTAGCCTGTACG  
CTTTAACAAATGGATTTTCAGAAAATGATTTATTGGTACCACCTTATAGAT  
GCACGACGTAAACAATGTTTATGTTGGTTCTATCAAATGGTGATACTGT  
TAAACCAGACTGTCACACTTCTCTTGAAGAAGTCTTACAAGAGGTGGGGA  
ATAAAGCCAATGTTCAATTTTGTGCGAGAGGTTGCAGCATTTTTTTGATCAG  
ATTAAGAAAGCCTTACCACATGCTAAAATTACAGAACTTTACCTTGTGC  
AGTAGCAATTGGGCGCAAAGGACAAAAATGAAAAGCGTTAATGTAGAnn  
CGTTTGTTCACGATACTTAAACGTGTTGAAGCTGAGGAAAATTGGTTA  
AAAAACCACTGTGAAACGAATACAGAAGAATATATTAAGAGAGTT

SEQ ID NO. 8407

STRAIN COH1

AAAGTTTGTAGCCTTTGATACTTCAAGCAAAGCAC  
TATCAGTGGCTGTACTAAACAATATGGAATGTTTAGCGACTGTCACTATC  
AATATCAAAAAGAATCATAGCATTAAATTTGATGCCAGCCATTGATTTTTT  
AATGCAATCAATTGATTTAGAACCTCAAGATTTGGACCGTATCGTAGTAG  
CAGAGGTTCCAGGATCTTATACGGGCTTACGTGTAGCTGTTGCTACAGCA  
AAAATGCTAGCTTATACGCTTAAGATTGACTTAGTTGGAGTATCTAGCCT  
GTACGCTTTAACAAATGGATTTTCAGAAAATGATTTATTGGTACCACCTTA  
TAGATGCACGACGTAACAATGTTTATGTTGGTTCTATCAAATGGTGAT  
ACTGTTAAACCAGACTGTCACACTTCTCTTGAAGAAGTCTTACAAGAGGT  
GGGGAATAAAGCCAATGTTCAATTTTGTGCGAGAGGTTGCAGCATTTTTTG  
ATCAGATTAAGAAAGCCTTACCACATGCTAAAATTACAGAACTTTACCT  
TGTGCACTAGCAATTGGGCGCAAAGGACAAAAATGAAAAGCGTTAATGT  
AGATGCGTTTGTTCACGATACTTAAACGTGTTGAAGCTGAGGAAAATT  
GGTTAAAAAACCACTGTGAAACGAATACAGAAGAATATATTAAGAGAGTT

SEQ ID NO. 8408

STRAIN M781

AAAGTTTGTAGCCTTTGATACTTCAAGCAAAGCACTA  
TCAGTGGCTGTACTAAACAATATGGAATGTTTAGCGACTGTCACTATCAA  
TATCAAAAAGAATCATAGCATTAAATTTGATGCCAGCCATTGATTTTTTAA  
TGCAATCAATTGATTTAGAACCTCAAGATTTGGACCGTATCGTAGTATCA  
GAGGGTCCAGGATCTTATACGGGCTTACGTGTAGCTGTTGCTACAGCAAA  
AATGCTAGCTTATACGCTTAAGATTGACTTAGTTGGAGTATCTAGCCTGT  
ACGCTTTAACAAATGGATTTTCAGAAAATGATTTATTGGTACCACCTTATA  
GATGCACGACGTAACAATGTTTATGTTGGTTCTATCAAATGGTGATAC  
TGTTAAACCAGACTGTCACACTTCTCTTGAAGAAGTCTTACAAGAGGTGG  
GGAATAAAGCCAATGTTCAATTTTGTGCGAGAGGTTGCAGCATTTTTTGAT  
CAGATTAAGAAAGCCTTACCACATGCTAAAATTACAGAACTTTACCTTG  
TGCAGTAGCAATTGGGCGCAAAGGACAAAAATGAAAAGCGTTAATGTAG  
ATGCGTTTGTTCACGATACTTAAACGTGTTGAAGCTGAGGAAAATTGG  
TTAAAAAACCACTGTGAAACGAATACAGAAGAATATATTAAGAGAGTT

SEQ ID NO. 8409

STRAIN CJB110

AAAGTTTGTAGCCTTTGATACTTCAAGCAAAGCACTATCA  
GTGGCTGTACTAAACAATATGGAATGTTTAGCGACTGTCACTATCAATAT  
CAAAAAGAATCATAGCATTAAATTTGATGCCAGCCATTGATTTTTTAATGC  
AATCAATTGATTTAGAACCTCAAGATTTGGACCGTATCGTAGTGGCAGAG  
GGTCCAGGATCTTATACGGGCTTACGTGTAGCTGTTGCTACAGCAAAAAT  
GCTAGCTTATACGCTTAAGATTGACTTAGTTGGAGTATCTAGCCTGTACG  
CTTTAACAAATGGATTTTCAGAAAATGATTTGTTGGTACCACCTTATAGAT  
GCACGACGTAACAATGTTTATGTTGGTTCTATCAAATGGTGATACTGT  
TAAACCAGACTGTCACACTTCTCTTGAAGAAGTCTTACAAGAGGTGGGGA

## SEQUENCE LISTING

ATAAAGCCAATGTTTCATTTTGTGCGGAGAGGTTGCAGCATTTCATgATCAG  
 ATTAAGAAAGCCTTACCACATGCTAAAATTACAGAACTTTACCTTGTGC  
 AGTGGCAATTGGGCGCAAAGGACAAAAAATGGAAAGCGTTAATGTAgATG  
 CGTTTGTTCACGATACTTAAACGAGTTGAAGCTGAGGAAAATTGGTTA  
 AAAAACCCTGTGAAACGAATACAGAAGAATATATTAAGAGAGTT

## SEQ ID NO. 8410

STRAIN 1169NT

AAAGTTTGTAGCCTTTGATACTTCAAGCAAAGCACTATCA  
 GTGGCTGTACTAAACAATATGGAATGTTTAGCGACTGTCACTATCAATAT  
 CAAAAAGAATCATAGCATTAAATTTGATGCCAGCCaTTGATTTTAAATGC  
 AATCAATTGATTTAGAACCTCAAGATTTGGACCGTATCGTAGTAGCAGAG  
 GGTCCAGGATCTTATACGGGCTTACGTGTAGCTGTGCTACAGCAAAAAT  
 GCTAGCTTATACGCTTAAGATTGACTTAGTTGGAGTATCTAGCCTGTACG  
 CTTTAACAAATGGATTTCAGAAAATGATTTATTGGTACCCTTATAGAT  
 GCACGACGTAACAATGTTTATGTTGGTTTCTATCAAAATGGTGATACTGT  
 TAAACCAGACTGTCACACTTCTCTGAAGAAGTCTACAAGAGGTGGGGA  
 ATAAAGCCAATGTTTCATTTTGTGCGGAgAGGTTGCAGCATTTCATTGACCAG  
 ATTAAGAAAGCTTTACCACATGCTAAAATTACAGAACTTTACCTTGTGC  
 AGTGGCAATTGGGCGCAAAGGACAAAAAATGGAAAGCGTTAATGTAgATG  
 CGTTTGTTCACGATACTTAAACGTTGAAGCTGAGGAAAATTGGTTA  
 AAAAACCCTGTGAAACGAATACAGAAGAATATATTAAGAGAGTT

## SEQ ID NO. 8411

STRAIN JM9130013

AAAGTTTGTAGCCTTTGATACTTCAAGCAAAGCACTATCA  
 GTGGCTGTACTAAACAATATGGAATGTTTAGCGACTGTCACTATCAATAT  
 CAAAAAGAATCATAGCATTAAATTTGATGCCAGCCATTGATTTTAAATGC  
 AATCAATTGATTTAGAACCTCAAGATTTGGACCGTATCGTAGTAGCAGAG  
 GGTCCAGGATCTTATACGGGCTTACGTGTAGCTGTGCTACAGCAAAAAT  
 gCTAGCTTATACGCTTAAGATTGACTTAGTTGGAGTATCTAGCCTGTACG  
 CTTTAACAAATGGATTTCAGAAAATGATTTATTGGTACCCTTATAGAT  
 GCACGACGTAACAATGTTTATGTTGGTTTCTATCAAAATGGAGATACTGT  
 TAAACCAGACTGTCACACTTCTCTGAAGAAGTCTACAAGAGGTGGGGA  
 ATAAAGCCAATGTTTCATTTTGTGCGGAGAGGTTGCAGCATTTCATTGACCAG  
 ATTAAGAAAGTTTACCACATGCTAAAATTACAGAACTTTACCTTGTGC  
 AGTGGCAATTGGGCGCAAAGGACAAAAAATGAAAAGCGTTAATGTAGATG  
 CGTTTGTTCACGATACTTAAACGTTGAAGCTGAGGAAAATTGGTTA  
 AGAAACCCTGTGAAACGAATACAGAAGAATATATTAAGAGAGTT

## SEQ ID NO. 8412

STRAIN 2603 frame: 1

MMKVLAFDTSSKALSVAVLNNMECLATVTINIKKNHSINLMPAIDFLMQSIDLEPQDLDR  
 IVVAEGPGSYTGLRVAVATAKMLAYTLKIDLVGVSSLYALTNGFSENDLLVPLIDARRNN  
 VYVGFYQNGDTPKPDCHTSLEEVLQEVGNKANVHFVGEVAAFFDQIKKALPHAKITETLP  
 CAVAIGRKGQKMKSVNVDAFVPRYLKRVEAEENWLKNHCETNTEYIKRV

## SEQ ID NO. 8413

STRAIN 090 frame: 1

KVLAFDTSSKALSVAVLNNMECLATVTINIKKNHSINLMPAIDFLMQSIDLEPQDLDRIV  
 VAEGPGSYTGLRVAVATAKMLAYTLKIDLVGVSSLYALTNGFSENDLLVPLIDARRNNVY  
 VGFYQNGDTPKPDCHTSLEEVLQEVGNKANVHFVGEVAAFFDQIKKALPHAKITETLPCA  
 VAIGRKGQKMESVNVDAFVPRYLKRVEAEENWLKNHCETN

## SEQ ID NO. 8414

STRAIN A909 frame: 1

KVLAFDTSSKALSVAVLNNMECLATVTINIKKNHSINLMPAIDFLMQSIDLEPQDLDRIV  
 VAEGPGSYTGLRVAVATAKMLAYTLKIDLVGVSSLYALTNGFSENDLLVPLIDARRNNVY  
 VGFYQNGDTPKPDCHTSLEEVLQEVGNKANVHFVGEVAAFFDQIKKALPHAKITETLPCA  
 VAIGRKGQKMKSVNVDAFVPRYLKRVEAEENWLKNHCETN

## SEQ ID NO. 8415

STRAIN H36B frame: 1

KVLAFDTSSKALSVAVLNNMECLATVTINIKKNHSINLMPAIDFLMQSIDLEPQDLDRIV

## SEQUENCE LISTING

VAEGPGSYTGLRVAVATAKMLAYTLKIDLVGVSSLYALTNGFSENDLLVPLIDARRNNVY  
VGFYQNGDTVKPDCHTSLEEVLQEVGNKANVHFVGEVAAAFVDQIKKVLPHAKITETLPCA  
VAIGRKGQKMKSVNVDAFVPRYLKRVEAEENWLRNHCETNTEEYIKRV

## SEQ ID NO. 8416

STRAIN 18RS21 frame: 1

KVLAFDTSSKALSVAVLNNMECLATVTINIKKNHSINLMPAIDFLMQSIDLEPQDLDRIV  
VAEGPGSYTGLRVAVATAKMLAYTLKIDLVGVSSLYALTNGFSENDLLVPLIDARRNNVY  
VGFYQNGDTVKPDCHTSLEEVLQEVGNKANVHFVGEVAAAFDQIKKALPHAKITETLPCA  
VAIGRKGQKMKSVNVDAFVPRYLKRVEAEENWLKNHCETNTEEYIKRV

## SEQ ID NO. 8417

STRAIN M732 frame: 1

KVLAFDTSSKALSVAVLNNMECLATVTINIKKNHSINLMPAIDFLMQSIDLEPQDLDRIV  
VAEGPGSYTGLRVAVATAKMLAYTLKIDLVGVSSLYALTNGFSENDLLVPLIDARRNNVY  
VGFYQNGDTVKPDCHTSLEEVLQEVGNKANVHFVGEVAAAFDQIKKALPHAKITETLPCA  
VAIGRKGQKMKSVNVXXFVPRYLKRVEAEENWLKNHCETNTEEYIKRV

## SEQ ID NO. 8418

STRAIN COH1 frame: 1

KVLAFDTSSKALSVAVLNNMECLATVTINIKKNHSINLMPAIDFLMQSIDLEPQDLDRIV  
VAEGPGSYTGLRVAVATAKMLAYTLKIDLVGVSSLYALTNGFSENDLLVPLIDARRNNVY  
VGFYQNGDTVKPDCHTSLEEVLQEVGNKANVHFVGEVAAAFDQIKKALPHAKITETLPCA  
VAIGRKGQKMKSVNVDAFVPRYLKRVEAEENWLKNHCETNTEEYIKRV

## SEQ ID NO. 8419

STRAIN M781 frame: 1

KVLAFDTSSKALSVAVLNNMECLATVTINIKKNHSINLMPAIDFLMQSIDLEPQDLDRIV  
VSEGPSTGLRVAVATAKMLAYTLKIDLVGVSSLYALTNGFSENDLLVPLIDARRNNVY  
VGFYQNGDTVKPDCHTSLEEVLQEVGNKANVHFVGEVAAAFDQIKKALPHAKITETLPCA  
VAIGRKGQKMKSVNVDAFVPRYLKRVEAEENWLKNHCETNTEEYIKRV

## SEQ ID NO. 8420

STRAIN CJB110 frame: 1

KVLAFDTSSKALSVAVLNNMECLATVTINIKKNHSINLMPAIDFLMQSIDLEPQDLDRIV  
VAEGPGSYTGLRVAVATAKMLAYTLKIDLVGVSSLYALTNGFSENDLLVPLIDARRNNVY  
VGFYQNGDTVKPDCHTSLEEVLQEVGNKANVHFVGEVAAAFDQIKKALPHAKITETLPCA  
VAIGRKGQKMKSVNVDAFVPRYLKRVEAEENWLKNHCETNTEEYIKRV

## SEQ ID NO. 8421

STRAIN 1169NT frame: 1

KVLAFDTSSKALSVAVLNNMECLATVTINIKKNHSINLMPAIDFLMQSIDLEPQDLDRIV  
VAEGPGSYTGLRVAVATAKMLAYTLKIDLVGVSSLYALTNGFSENDLLVPLIDARRNNVY  
VGFYQNGDTVKPDCHTSLEEVLQEVGNKANVHFVGEVAAAFVDQIKKALPHAKITETLPCA  
VAIGRKGQKMKSVNVDAFVPRYLKRVEAEENWLKNHCETNTEEYIKRV

## SEQ ID NO. 8422

STRAIN JM9130013 frame: 1

KVLAFDTSSKALSVAVLNNMECLATVTINIKKNHSINLMPAIDFLMQSIDLEPQDLDRIV  
VAEGPGSYTGLRVAVATAKMLAYTLKIDLVGVSSLYALTNGFSENDLLVPLIDARRNNVY  
VGFYQNGDTVKPDCHTSLEEVLQEVGNKANVHFVGEVAAAFVDQIKKALPHAKITETLPCA  
VAIGRKGQKMKSVNVDAFVPRYLKRVEAEENWLRNHCETNTEEYIKRV

## SEQ ID NO. 8501

STRAIN 2603

atgagtaaacgacaaaatttaggaattagtaaaaaaggagcaattatatcagggctctca  
gtggcactaattgtagtaaatagggtggtttttatgggtacaatctcaacctaatagagt  
gcagtaaaaaactaactacaaggtttttaatgtagagaaggaagtgttcgctcctcaact  
cttttgacaggaaaagctaaggctaatacaagaacagtagtggtattttgatgctaataaa  
ggtaactcgagcaactgtcacagtttaaagtgggtgataaaatcacagctggtcagcagtta  
gttcaatatgatacaacaactgcacaagcagcctacgacactgctaatacgtaatttaaat  
aaagtagcgcgtcagattaataatctaaagacaacaggaagtcttccagctatggaatca  
agtgatcaatcttcttcatcatcacaaggacaaggactcaatcgactagtggtgcgacg  
aatcgctctacagcaaaattatcaaagtcaagctaattgcttcatacaaccaacaactcaa

## SEQUENCE LISTING

gatttgaatgatgcttatgcagatgcacaggcagaagtaataaagcacaaaaagcattg  
aatgatactgttattacaagtgcagtatcagggacagttgttgaagttaatagtgtatatt  
gatccagcttcaaaaactagtcaagtacttgtccatgtagcaactgaaggtaaactccaa  
gtacaaggaacgatgagtgagtgatgatttggctaagtgttaaaaaagaccaggctgttaa  
ataaaaatctaaggtctatcctgacaaggaatgggaaggtaaaatttcataatctcaaat  
tatccagaagcagaagcaacaacaatgactctaataacggctctagtgtgtaaaattat  
aaatataaagtagatattactagccctctcgatgcattaaaaacaaggttttaccgtatca  
gttgaagtagttaatggagataagcaccttattgtccctacaagttctgtgataaaca  
gataataaacactttgtttgggtatacaatgattctaatacgtaaaaatttccaaagttgaa  
gtcaaaattggtaagctgatgctaagacacaagaaattttatcaggtttgaaagcagga  
caaatcgtgggttactaatccaagtaaaaccttcaaggatgggcaaaaaattgataatatt  
gaatcaatcgatcttaactctaataagaatcagaggtgaaa

## SEQ ID NO. 8502

STRAIN 090

TTTTTATGGGTACAATCTCAACCTAATAAGAGTGCAGTAAAACTAACTA  
CAAAGTTTTTAATGTTAGAGAAGGAAGTGTTCGTCCTCAACTCTTTGA  
CAGGAAAAGCTAAGGCTAATCAAGAACAGTATGTGTATTTTGATGCTAAT  
AAAGGTAATCGAGCAACTGTACAGTTAAAGTGGGTGATAAAATCACAGC  
TGGTCAGCAGTTAGTTCAATATGATACAACAACCTGCACAAGCAGCCTACG  
ACACTGCTAATCGTCAATTAATAAAGTAGCGCTCAGATTAATAATCTA  
AAGACAACAGGAAGTCTTCAGCTATGGAATTAAGTGATCAATCTTCTTC  
ATCATCACAAGGACAAGGGACTCAATCGACTAGTGGTGCGACGAATCGTC  
TACAGCAAAATTATCAAAGTCAAGCTAATGCTTCATACAACCAACACTT  
CAAGATTTGAATGATGCTTATGCAGATGCACAGGCAGAAGTAAATAAAGC  
ACAAAAGCATTGAATGATACTGTTATTACAAGTGACGTATCAGGGACAG  
TTGTTGAAGTTAATAGTGATATTGATCCAGCTTCAAAAAGTCAAGTA  
CTTGTCATGTAGCAACTGAAGGTAACTCCAAGTACAAGGAACGATGAG  
TGAGTATGATTTGGGTAATGTTAAAAAAGACCAGGCTGTTAAAAATAAAT  
CTAAGGTCTATCCTGACAAGGAATGGGAAGGTAAATTTTATATATCTCA  
AATTATCCAGAAGCAGAAGCAAACAACATGACTCTAATAACGGCTCTAG  
TGCTGTAAATTATAAATATAAAGTAGATATTACTAGCCCTCTCGATGCAT  
TAAAACAAGGTTTTTACCGTATCAGTTGAAGTAGTTAATGGAGATAAGCAC  
CTTATTGTCCCTACAAGTTCTGTGATAAAACAAGATAATAAACACTTTGT  
TTGGGTATACAATGATTCTAATCGTAAAATTTCCAAAGTTGAAGTCAAAA  
TTGGTAAAGCTGATGCTAAGACACAAGAAATTTTATCAGGTTTGAAAGCA  
GGACAAATCGTGGTTACTAATCCAAGTAAAACCTTCAAGGATGGGCAAAA  
AATTGATAATATTGAATCAATCGATCTTAAGTCTAATAAGAAATCAGAGG

## SEQ ID NO. 8503

STRAIN A909

TTTTTATGGGTACAATCTCAACCTAATAAGAGTGCAGTAAAACTAA  
CTACAAAGTTTTTAATGTTAGAGAAGGAAGTGTTCGTCCTCAACTCTTT  
TGACAGGAAAAGCTAAGGCTAATCAAGAACAGTATGTGTATTTTGATGCT  
AATAAAGGTAATCGAGCAACTGTTACAGTTAAAGTGGGTGATAAAATCAC  
AGCTGGTCAGCAGTTAGTTCAATATGATACAACAACCTGCACAAGCAGCCT  
ACGACACTGCTAATCGTCAATTAATAAAGTAGCGCTCAGATTAATAAT  
CTAAAGACAACAGGAAGTCTTCAGCTATGGAATCAAGTGATCAATCTTC  
ATCATCATCACAAGGACAAGGGGCTCAATCGACTAGTGGTGCGACGAATC  
GTCTACAGCAAAATTATCAAAGTCAAGCTAATGCTTCATACAACCAACAA  
CTTCAAGATTTGAATGATGCTTATGCAGATGCACAGGCAGAAGTAAATAA  
AGCACAAAAGCATTGAATGATACTGTTATTACAAGTGACGTATCAGGGA  
CAGTTGTTGAAGTTAATAGTGATATTGATCCAGCTTCAAAAAGTCAAA  
GTACTTGTCCATGTAGCAACTGAGGGTAACTCCAAGTACAAGGAACGAT  
GAGTGAGTATGATTTGGCTAATGTTAAAAAAGACCAGTCTGTTAAATAA  
AATCTAAGGTCTATCCTGACAAGGAATGGGAAGGTAAATTTTATATATC  
TCAAATTATCCAGAAGCAGAAGCAAACAACATGACTCTAATAACGGCTC  
TAGTGCTGTAAATTATAAATATAAAGTAGATATTACTAGCCCTCTCGATG  
CATTAAACAAGGTTTTTACTGTATCAGTTGAAGTAGTTAATGGAGATAAG  
CACCTTATTGTTCCACAGTTCTGTGACAAACAAGATAATAAACACTT  
TGTTTGGGTATACAAATGATTCTAATCGTAAAATTTCCAAAGTTGAAGTCA  
AAATTGGTAAAGCTGATGCTAAGACACAAGAAATTTTATCAGGTTTGAAA  
GCAGGACAAATCGTGGTTACTAATCCAAGCAAAACCTTCAAGGATGGGCA  
AAAAATTGATAATATTGAATCAATAGATCTTAAGTCTAATAAGAAATCAG

## SEQUENCE LISTING

AGGTGAAA

## SEQ ID NO. 8504

STRAIN H36B

TTTTTATGGGTACAATCTCAACCTAATAAGAGTGCAGTAAAACTAATTA  
CAAAGTTTTTAATGTTAGAGAAGGAAGTGTTCGTCCCTCAACTCTTTTGA  
CAGGAAAAGCTAAGGCTAATCAAGAACAGTATGTGTATTTTGATGCTAAT  
AAGGGTAATCGAGCAACTGTTACAGTTAAAGTGGGTGATAAAATCACAGC  
TGGTCAGCAGTTAGTTCAATATGATACAACAACCTGCACAAGCAGCCTACG  
ACACTGCTAATCGTCAATTAATAAAGTAGCGCGTCAGATTAATAATCTA  
AAGACAACAGGAAGTCTTCCAGCTATGGAATCAAGTGATCAATCTTCATC  
ATCATCACAAGGACAAGGGACTCAATCGACTAGTGGTGCGACGAATCGTC  
TACAGCAAAATTATCAAAGTCAAGCTAATGCTTCATACAACCAACAACCTT  
CAAGATTTGAATGATGCTTATGCAGATGCACAGGCAGAAGTAAATAAAGC  
ACAAAAGCATTGAATGATACTGTTATTACAAGTGACGTATCAGGGACAG  
TTGTTGAAGTTAATAGTGATATTGATCCAGCTTCAAAAACCTAGTCAAGTA  
CTTGTCCATGTAGCAACTGAAGGTAACTCCAAGTACAAGGAACGATGAG  
TGAGTATGATTTGGCTAATGTAAAAAAGACCAGGCTGTTAAATAAAAT  
CTAAGGTCTATCCTGACAAGGAATGGGAAGGTAAAATTTTCATATATCTCA  
AATTATCCAGAAGCAGAAGCAAAACAACATGACTCTAATAACGGCTCTAG  
TGCTGTAAATTATAAATATAAAGTAGATATTACTAGCCCTCTCGATGCAT  
TAAACCAAGGTTTTACTGTATCAGTTGAAGTAGTTAATGGAGATAAGCAC  
CTTATTGTTTCTAGAGTTCTGTGACAAACAAAGATAATAAACACTTTGT  
TTGGGTATACAATGATTCTAATCGTAAAAATTTCCAAAGTTGAAGTCAAAA  
TTGGTAAAGCTGATGCTAAGACACAAGAAATTTTATCAGGTTTGAAGCA  
GGACAAATCGTAGTTACTAATCCAAGTAAAGCTTTCAAGGATGGGCAAAA  
AATTGATAATATTGAATCAATCGATCTTAAGTCTAATAAGAAATCAGAGG  
TG

## SEQ ID NO. 8505

STRAIN 18RS21

TTTTTATGGGTACAATCTCAACCTAATAAGAGTGCAGTAAAACTAACTA  
CAAAGTTTTTAATGTTAGAGAAGGAAGTGTTCGTCCCTCAACTCTTTTGA  
CAGGAAAAGCTAAGGCTAATCAAGAACAGTATGTGTATTTTGATGCTAAT  
AAAGGTAATCGAGCAACTGTCACAGTTAAAGTGGGTGATAAAATCACAGC  
TGGTCAGCAGTTAGTTCAATATGATACAACAACCTGCACAAGCAGCCTACG  
ACACTGCTAATCGTCAATTAATAAAGTAGCGCGTCAGATTAATAATCTA  
AAGACAACAGGAAGTCTTCCAGCTATGGAATCAAGTGATCAATCTTCTTC  
ATCATCACAAGGACAAGGGACTCAATCGACTAGTGGTGCGACGAATCGTC  
TACAGCAAAATTATCAAAGTCAAGCTAATGCTTCATACAACCAACAACCTT  
CAAGATTTGAATGATGCTTATGCAGATGCACAGGCAGAAGTAAATAAAGC  
ACAAAAGCATTGAATGATACTGTTATTACAAGTGACGTATCAGGGACAG  
TTGTTGAAGTTAATAGTGATATTGATCCAGCTTCAAAAACCTAGTCAAGTA  
CTTGTCCATGTAGCAACTGAAGGTAACTCCAAGTACAAGGAACGATGAG  
TGAGTATGATTTGGCTAATGTTAAAAAAGACCAGGCTGTTAAATAAAAT  
CTAAGGTCTATCCTGACAAGGAATGGGAAGGTAAAATTTTCATATATCTCA  
AATTATCCAGAAGCAGAAGCAAAACAACATGACTCTAATAACGGCTCTAG  
TGCTGTAAATTATAAATATAAAGTAGATATTACTAGCCCTCTCGATGCAT  
TAAACCAAGGTTTTACCGTATCAGTTGAAGTAGTTAATGGAGATAAGCAC  
CTTATTGTCCCTACAAGTTCTGTGATAAACAAGATAATAAACACTTTGT  
TTGGGTATACAATGATTCTAATCGTAAAAATTTCCAAAGTTGAAGTCAAAA  
TTGGTAAAGCTGATGCTAAGACACAAGAAATTTTATCAGGTTTGAAGCA  
GGACAAATCGTGGTTACTAATCCAAGTAAACCTTCAAGGATGGGCAAAA  
AATTGATAATATTGAATCAATCGATCTTAAGTCTAATAAGAAATCAGAG

## SEQ ID NO. 8506

STRAIN M732

TTTTTATGGGTACAATCTCAACCTAATAAGAGTGCAGTAAAACTAATTA  
CAAAGTTTTTAATGTTAGAGAAGGAAGTGTTCGTCCCTCAACTCTTTTGA  
CAGGAAAAGCTAAGGCTAATCAAGAACAGTATGTGTATTTTGATGCTAAT  
AAAGGTAATCGAGCAACTGTTACAGTTAAAGTGGGTGATAAAATCACAGC  
TGGTCAGCAGTTAGTTCAATATGATACAACAACCTGCACAAGCAGCCTACG  
ACACTGCTAATCGTCAATTAATAAAGTAGCGCGTCAGATTAATAATCTA  
AAGACAACAGGGAGTTTTCCAGCTATGGAATCAAGTGATCAATCTTCATC

## SEQUENCE LISTING

ATCATCACAAAGGACAAGGGACTCAATCGACTAGTGGTGCGACGAATCGTC  
TACAGCAAAATTTATCAAAGTCAAGCTAATGCTTCATACAACCAACAACTT  
CAAGATTTGAATGATGCTTATGCAGATGCACAGGCAGAAGTAAATAAAGC  
ACAAAAAGCATTGAATGATACTGTTATTACAAGTGACGTATCAGGGACAG  
TTGTTGAAGTTAATAGTGATATTGATCCAGCTTCAAAAACTAGTCAAGTA  
CTTGTCATGTAGCAACTGAAGGTAACTCCAAGTACAAGGAACGATGAG  
TGAGTATGATTTGGCTAATGTTAAAAAAGATCAGGCTGTTAAATAAAAT  
CTAAGGTCTATCCTGACAAGGAATGGGAAGGTAAATTTTATATATCTCA  
AATTATCCAGAAGCAGAAGCAACAACAATGACTCTAATAACGGCTCTAG  
TGCTGTAAATTATAAATATAAAGTAGATATTACTAGCCCTCTCGATGCAT  
TAAACAAGGTTTTACCGTATCAGTTGAAGTAGTTAATGGAGATAAGCAC  
CTTATTGTCCCTACAAGTTCTGTGATAAACAAGATAATAAACACTTTGT  
TTGGGTATACAATGATTCTAATCGTAAATTTCCAAAGTTGAAGTCAAAA  
TTGGTAAAGCTGATGCTAAGACACAAGAAATTTTATCAGGTTTGAAAGCA  
GGACAAATCGTGGTTACTAATCCAAGCAAACTTTCAAGGATGGGCAAAA  
AATTGATAATATTGAATCAATCGATCTTAAGTCTAATAAGAAATCAGAGG  
TGAA

## SEQ ID NO. 8507

## STRAIN COH1

TTTTTATGGGTACAATCTCAACCTAATAAGAGTGCAGTAAAAAC  
TAATTACAAGTTTTTAATGTTAGAGAAGGAAGTGTTCGTCTCACTC  
TTTTGACAGGAAAAGCTAAGGCTAATCAAGAACAGTATGTGATTTTGAT  
GCTAATAAAGGTAATCGAGCAACTGTTACAGTTAAAGTGGGTGATAAAAT  
CACAGCTGGTCAGCAGTTAGTTCAATATGATACAACAACCTGCACAAGCAG  
CCTACGACACTGCTAATCGTCAATTAAATAAAGTAGCGCGTCAGATTAAT  
AATCTAAGACAAACAGGGAGTTTTCCAGCTATGGAATCAAGTGATCAATC  
TTCATCATCATCACAAAGGACAAGGGACTCAATCGACTAGTGGTGCGACGA  
ATCGTCTACAGCAAAATTTATCAAAGTCAAGCTAATGCTTCATACAACCAA  
CAACTTCAAGATTTGAATGATGCTTATGCAGATGCACAGGCAGAAGTAAA  
TAAAGCACAAAAGCATTGAATGATACTGTTATTACAAGTGACGTATCAG  
GGACAGTTGTTGAAGTTAATAGTGATATGATCCAGCTTCAAAAACTAGT  
CAAGTACTTGTCCATGTAGCAACTGAAGGTAACTCCAAGTACAAGGAAC  
GATGAGTGAGTATGATTGTTGGCTAATGTTAAAAAAGATCAGGCTGTTAAAA  
TAAATCTAAGGTCTATCCTGACAAGGAATGGGAAGGTAAATTTTATAT  
ATCTCAAATTATCCAGAAGCAGAAGCAACAACAATGACTCTAATAACGG  
CTCTAGTGCTGTAAATTATAAATATAAAGTAGATATTACTAGCCCTCTCG  
ATGCATTAAAAACAAGGTTTTACCGTATCAGTTGAAGTAGTTAATGGAGAT  
AAGCACCTTATTGTCCCTACAAGTTCTGTGATAAACAAGATAATAAACA  
CTTTGTTTGGGTATACAATGATTCTAATCGTAAATTTCCAAAGTTGAAG  
TCAAAATTTGGTAAAGCTGATGCTAAGACACAAGAAATTTTATCAGGTTTG  
AAAGCAGGACAAATCGTGGTTACTAATCCAAGCAAACTTTCAAGGATGG  
GCAAAAAATTGATAATATTGAATCAATCGATCTTAAGTCTAATAAGAAAT  
CAGAGGTGAA

## SEQ ID NO. 8507

## STRAIN M781

TTTTTATGGGTACAATCTCAACCTAATAAGAGTGCAGTAAAACTAATTA  
CAAAGTTTTTAATGTTAGAGAAGGAAGTGTTCGTCTCACTCTTTTGA  
CAGGAAAAGCTAAGGCTAATCAAGAACAGTATGTGATTTTGATGCTAAT  
AAAGGTAATCGAGCAACTGTTACAGTTAAAGTGGGTGATAAAATCACAGC  
TGGTCAGCAGTTAGTTCAATATGATACAACAACCTGCACAAGCAGCCTACG  
ACACTGCTAATCGTCAATTAAATAAAGTAGCGCGTCAGATTAATAATCTA  
AAGACAACAGGGAGTTTTCCAGCTATGGAATCAAGTGATCAATCTTCATC  
ATCATCACAAAGGACAAGGGACTCAATCGACTAGTGGTGCGACGAATCGTC  
TACAGCAAAATTTATCAAAGTCAAGCTAATGCTTCATACAACCAACAACTT  
CAAGATTTGAATGATGCTTATGCAGATGCACAGGCAGAAGTAAATAAAGC  
ACAAAAGCATTGAATGATACTGTTATTACAAGTGACGTATCAGGGACAG  
TTGTTGAAGTTAATAGTGATATTGATCCAGCTTCAAAAACTAGTCAAGTA  
CTTGTCATGTAGCAACTGAAGGTAACTCCAAGTACAAGGAACGATGAG  
TGAGTATGATTGGCTAATGTTAAAAAAGATCAGGCTGTTAAATAAAAT  
CTAAGGTCTATCCTGACAAGGAATGGGAAGGTAAATTTTATATATCTCA  
AATTATCCAGAAGCAGAAGCAACAACAATGACTCTAATAACGGCTCTAG  
TGCTGTAAATTATAAATATAAAGTAGATATTACTAGCCCTCTCGATGCAT



## SEQUENCE LISTING

TAAACAAGGTTTTACCGTATCAGTTGAAGTAGTTAATGGAGATAAGCAC  
CTTATTGTCCCTACAAGTTCTGTGATAAAACAAAGATAATAAACACTTTGT  
TTGGGTATACAATGATTCTAATCGTAAAATTTCCAAAGTTGAAGTCAAAA  
TTGGTAAAGCTGATGCTAAGACACAAGAAATTTTATCAGGTTTGAAAGCA  
GGACAAATCGTGGTTACTAATCCAAGCAAACTTTCAAGGATGGGCAAAA  
AATTGATAATATTGAATCAATCGATCTTAAGTCTAATAAGAAATCAGAGG  
TGAA

## SEQ ID NO. 8508

STRAIN CJB110

TTTTTATGGGTACAATCTCAACCTAATAAGAGTGCAGTAAAACTAACTA  
CAAAGTTTTTAATGTTAGAGAAGGAAGTGTTTCGTCTCAACTCTTTTGA  
CAGGAAAAGCTAAGGCTAATCAAGAACAGTATGTGTATTTTGATGCTAAT  
AAAGGTAATCGAGCAACTGTCACAGTTAAAGTGGGTGATAAAATCACAGC  
TGGTCAGCAGTTAGTTCAATATGATACAACAACCTGCACAAGCAGCCTACG  
ACACTGCTAATCGTCAATTAATAAAGTAGCGCGTCAGATTAATAATCTA  
AAGACAACAGGAAGTCTTCCAGCTATGGAATTAAGTGATCAATCTTCTTC  
ATCATCACAAGGACAAGGGACTCAATCGACTAGTGGTGCGACGAATCGTC  
TACAGCAAAAATTATCAAAGTCAAGCTAATGCTTCATACAACCAACACTT  
CAAGATTTGAATGATGCTTATGCAGATGACAGGCAGAAGTAAATAAAGC  
ACAAAAGCATTTGAATGATGATGTTATTACAAGTGACGTATCAGGGACAG  
TTGTTGAAGTTAATAGTGATATTGATCCAGCTTCAAAAAGTCAAGTA  
CTTGCTCCATGTAGCAACTGAAGGTAACTCCAAGTACAAGGAACGATGAG  
TGAGTATGATTTGGCTAATGTTAAAAAGACCAGGCTGTTAAATATAAAT  
CTAAGGTCTATCCTGACAAGGAATGGGAAGGTAAATTTTATATATCTCA  
AATTATCCAGAAGCAGAAGCAAAACAACATGACTCTAATAACGGCTCTAG  
TGCTGTAAATTATAAATATAAAGTAGATATTACTAGCCCTCTCGATGCAT  
TAAACCAAGGTTTTACCGTATCAGTTGAAGTAGTTAATGGAGATAAGCAC  
CTTATTGTCCCTACAAGTTCTGTGATAAAACAAAGATAATAAACACTTTGT  
TTGGGTATACAATGATTCTAATCGTAAAATTTCCAAAGTTGAAGTCAAAA  
TTGGTAAAGCTGATGCTAAGACACAAGAAATTTTATCAGGTTTGAAAGCA  
GGACAAATCGTGGTTACTAATCCAAGTAAACCTTCAAGGATGGGCAAAA  
AATTGATAATATTGAATCAATCGATCTTAAGTCTAATAAGAAATCAGAGG  
TGA

## SEQ ID NO. 8509

STRAIN 1169NT

TTTTTATGGGTACAATCTCAACCTAATAAGAGTGCAGTAAAACT  
AACTACAAAGTTTTTAATGTTAGAGAAGGAAGTGTTTCGTCTCAACTCT  
TTTGACAGGAAAAGCTAAGGCTAATCAAGAACAGTATGTGTATTTTGATG  
CTAATAAAGGTAATCGAGCAACTGTCACAGTTAAAGTGGGTGATAAAATC  
ACAGCTGGTCAGCAGTTAGTTCAATATGATACAACAACCTGCACAAGCAGC  
CTACGACACTGCTAATCGTCAATTAATAAAGTAGCGCGTCAGATTAATA  
ATCTAAAGACAACAGGAAGTCTTCCAGCTATGGAATCAAGTGATCAATCT  
TCTTCATCATCACAAGGACAAGGGAAGTCAATCGACTAGTGGTGCGACGAA  
TCGTCTACAGCAAAATTATCAAAGTCAAGCTAATGCTTCATACAACCAAC  
AACTTCAAGATTTGAATGATGCTTATGCAGATGCACAGGCAGAAGTAAAT  
AAAGCACAAAAGCATTGAATGATGTTATTACAAGTGACGTATCAGG  
GACAGTTGTTGAAGTTAATAGTGATATTGATCCAGCTTCAAAAAGTATC  
AAGTACTTGTCCATGTAGCAACTGAAGGTAACTCCAAGTACAAGGAACG  
ATGAGTGAGTATGATTTGGCTAATGTTAAAAAGACCAGGCTGTTAAAT  
AAAATCTAAGGTCTATCCTGACAAGGAATGGGAAGGTAAATTTTATATA  
TCTCAAATTTATCCAGAGCAGAAGCAAAACAACATGACTCTAATAACGGC  
TCTAGTGCTGTAATTTATAAATATAAAGTAGATATTACTAGCCCTCTCGA  
TGCATTAAAAACAAGGTTTTACCGTATCAGTTGAAGTAGTTAATGGAGATA  
AGCACCTTATTGTCCCTACAAGTTCTGTGATAAAACAAAGATAATAAACAC  
TTTGTGTTGGGTATACAATGATTCTAATCGTAAAATTTCCAAAGTTGAAGT  
CAAAATTGGTAAAGCTGATGCTAAGACACAAGAAATTTTATCAGGTTTGA  
AAGCAGGACAAATCGTGGTTACTAATCCAAGTAAACCTTCAAGGATGGG  
CAAAAATTGATAATATTGAATCAATCGATCTTAAGTCTAATAAGAAATC  
AGAGGTGAA

## SEQ ID NO. 8510

STRAIN JM9130013

## SEQUENCE LISTING

TTTTTATGGGTACAATCTCAACCTAATAAGAGTGCAGTAAAACTAATA  
 CAAAGTTTTTAAATGTTAGAGAAGGAAGTGTTCGTCCTCAACTCTTTGA  
 CAGGAAAAGCTAAGGCTAATCAAGAACAGTATGTGTATTTTGATGCTAAT  
 AAAGGTAATCGAGCAACTGTTACAGTTAAAGTGGGTGATAAAATCACAGC  
 TGGTCAGCAGTTAGTTCAATATGATACAACAACCTGCACAAGCAGCCTACG  
 ACATGCTAATCGTCAATTAAATAAAGTAGCGCGTCAGATTAATAATCTA  
 AAGACAACAGGAAGTCTTCCAGCTATGGAATCAAGTGATCAATCTTCATC  
 ATCATCACAAGGACAAGGGGCTCAATCGACTAGTGGTGCAGCAATCGTC  
 TACAGCAAAATTATCAAAGTCAAGCTAATGCTTCATACAACCAACAACTT  
 CAAGATTTGAATGATGCTTATGCAGATGCACAGGCAGAAGTAAATAAAGC  
 ACAAAAAGCATTGAATGATACTGTTATTACAAGTGACGTATCAGGGACAG  
 TTGTTGAAGTTAATAGTGATATTGATCCAGCTTCAAAAAGTCAAGTA  
 CTTGTCCATGTAGCAACTGAGGGTAACTCCAAGTACAAGGAACGATGAG  
 TGAGTATGATTTGGCTAATGTTAAAAAGACCACTCTGTTAAATATAAAT  
 CTAAGTCTATCTGACAAGGAATGGGAAGGTAATAATTCATATATCTCA  
 AATTATCCAGAAGCAGAAGCAACAACAATGACTCTAATAACGGCTCTAG  
 TGCTGTAAATTATAAATATAAAGTAGATACTACTAGCCCTCTCGATGCAT  
 TAAACAAGGTTTTACTGTATCAGTTGAAGTAGTTAATGGAGATAAGCAC  
 CTTATTGTTCTTCAAGTCTGTGTGACAAACAAGATAATAAACACTTGT  
 TTGGGTATACAAATCTAATCGTAAATTTCCAAAGTTGAAGTCAAAA  
 TTGGTAAAGCTGATGCTAAGACACAAGAAATTTTATCAGGTTTGAAGCA  
 GGACAAATCGTGGTTACTAATCCAAGCAAACTTTCAAGGATGGGCAAAA  
 AATTGATAATATTGAATCAATAGATCTTAAGTCTAATAAGAAATCAGAGG  
 TGAAA

## SEQ ID NO. 8511

STRAIN 2603 frame: 1

MSKRQNLGISKKGAIISGLSVALIVVIGGFLWVQSQPNKSAVKNTNYKVFNVREGSVSSST  
 LLTGKAKANQEYVYFDANKGNRATVTVKVGDKITAGQQLVQYDTTAQAAYDTANRQLN  
 KVARQINNLTGSLPAMESSDQSSSSSQGGTQSTSGATNRLQQNYQSQANASYNQQLQ  
 DLNDAYADAQAEVNKAQKALNDTVITSDVSGTVVEVNSDIDPASKTSQVLVHVATEGKLQ  
 VQGTMSYDLANVKKDQAVKIKSKVYPDKKEWEGKISYISNYPEAEANNNDNNNGSSAVNY  
 KYKVDITSPDLALKQGFTVSVEVVNGDKHLIVPTSSVINKDNKHFVWVYNDNRSNRKISKVE  
 VKIGKADAKTQEILSGLKAGQIVVTNPSKTFKDGQKIDNIESIDLNSNKKSEVK

## SEQ ID NO. 8512

STRAIN 090 frame: 1

FLWVQSQPNKSAVKNTNYKVFNVREGSVSSSTLLTGKAKANQEYVYFDANKGNRATVTVK  
 VGDKITAGQQLVQYDTTAQAAYDTANRQLNKVARQINNLTGSLPAMESSDQSSSSSQ  
 GGQTQSTSGATNRLQQNYQSQANASYNQQLQDLNDAYADAQAEVNKAQKALNDTVITSDV  
 SGTVVEVNSDIDPASKTSQVLVHVATEGKLQVQGTMSYDLANVKKDQAVKIKSKVYPDK  
 EWEGKISYISNYPEAEANNNDNNNGSSAVNYKYKVDITSPDLALKQGFTVSVEVVNGDKH  
 LIVPTSSVINKDNKHFVWVYNDNRSNRKISKVEVKIGKADAKTQEILSGLKAGQIVVTNPSK  
 TFKDGQKIDNIESIDLNSNKKSE

## SEQ ID NO. 8513

STRAIN A909 frame: 1

FLWVQSQPNKSAVKNTNYKVFNVREGSVSSSTLLTGKAKANQEYVYFDANKGNRATVTVK  
 VGDKITAGQQLVQYDTTAQAAYDTANRQLNKVARQINNLTGSLPAMESSDQSSSSSQ  
 GGQAQSTSGATNRLQQNYQSQANASYNQQLQDLNDAYADAQAEVNKAQKALNDTVITSDV  
 SGTVVEVNSDIDPASKTSQVLVHVATEGKLQVQGTMSYDLANVKKDQSVKIKSKVYPDK  
 EWEGKISYISNYPEAEANNNDNNNGSSAVNYKYKVDITSPDLALKQGFTVSVEVVNGDKH  
 LIVPTSSVTNKDNKHFVWVYNDNRSNRKISKVEVKIGKADAKTQEILSGLKAGQIVVTNPSK  
 TFKDGQKIDNIESIDLNSNKKSE

## SEQ ID NO. 8514

STRAIN H36B frame: 1

FLWVQSQPNKSAVKNTNYKVFNVREGSVSSSTLLTGKAKANQEYVYFDANKGNRATVTVK  
 VGDKITAGQQLVQYDTTAQAAYDTANRQLNKVARQINNLTGSLPAMESSDQSSSSSQ  
 GGQTQSTSGATNRLQQNYQSQANASYNQQLQDLNDAYADAQAEVNKAQKALNDTVITSDV  
 SGTVVEVNSDIDPASKTSQVLVHVATEGKLQVQGTMSYDLANVKKDQAVKIKSKVYPDK  
 EWEGKISYISNYPEAEANNNDNNNGSSAVNYKYKVDITSPDLALKQGFTVSVEVVNGDKH  
 LIVPTSSVTNKDNKHFVWVYNDNRSNRKISKVEVKIGKADAKTQEILSGLKAGQIVVTNPSK  
 AFKDGQKIDNIESIDLNSNKKSE

## SEQUENCE LISTING

## SEQ ID NO. 8515

STRAIN 18RS21 frame: 1

FLWVQSQPNKSAVKTNKYKVFNVREGSVSSSTLLTGKAKANQEYVYFDANKGNRATVTVK  
VGDKITAGQQLVQYDTTTAQAAYDTANRQLNKVARQINNLTGSLPAMESSDQSSSSSQ  
GQGTQSTSGATNRLQONYQSQANASYNQQLQDLNDAYADAQAEVNKAQKALNDTVITSDV  
SGTVVEVNSDIDPASKTSQVLVHVATEGKLQVQGTMSYDLANVKKDQAVKIKSKVYPDK  
EWEGKISYISNYPEAEANNNDSSNGSSAVNYKYKVDITSPLDALKQGFTVSVEVVNGDKH  
LIVPTSSVINKDNKHFVWVYNDNSNRKISKVEVKIGKADAKTQEILSGLKAGQIVVTNPSK  
TFKDGQKIDNIESIDLNSNKKSE

## SEQ ID NO. 8516

STRAIN M732 frame: 1

FLWVQSQPNKSAVKTNKYKVFNVREGSVSSSTLLTGKAKANQEYVYFDANKGNRATVTVK  
VGDKITAGQQLVQYDTTTAQAAYDTANRQLNKVARQINNLTGSLPAMESSDQSSSSSQ  
GQGTQSTSGATNRLQONYQSQANASYNQQLQDLNDAYADAQAEVNKAQKALNDTVITSDV  
SGTVVEVNSDIDPASKTSQVLVHVATEGKLQVQGTMSYDLANVKKDQAVKIKSKVYPDK  
EWEGKISYISNYPEAEANNNDSSNGSSAVNYKYKVDITSPLDALKQGFTVSVEVVNGDKH  
LIVPTSSVINKDNKHFVWVYNDNSNRKISKVEVKIGKADAKTQEILSGLKAGQIVVTNPSK  
TFKDGQKIDNIESIDLKSNKKSEV

## SEQ ID NO. 8517

STRAIN COH1 frame: 1

FLWVQSQPNKSAVKTNKYKVFNVREGSVSSSTLLTGKAKANQEYVYFDANKGNRATVTVK  
VGDKITAGQQLVQYDTTTAQAAYDTANRQLNKVARQINNLTGSLPAMESSDQSSSSSQ  
GQGTQSTSGATNRLQONYQSQANASYNQQLQDLNDAYADAQAEVNKAQKALNDTVITSDV  
SGTVVEVNSDIDPASKTSQVLVHVATEGKLQVQGTMSYDLANVKKDQAVKIKSKVYPDK  
EWEGKISYISNYPEAEANNNDSSNGSSAVNYKYKVDITSPLDALKQGFTVSVEVVNGDKH  
LIVPTSSVINKDNKHFVWVYNDNSNRKISKVEVKIGKADAKTQEILSGLKAGQIVVTNPSK  
TFKDGQKIDNIESIDLKSNKKSEV

## SEQ ID NO. 8518

STRAIN M781 frame: 1

FLWVQSQPNKSAVKTNKYKVFNVREGSVSSSTLLTGKAKANQEYVYFDANKGNRATVTVK  
VGDKITAGQQLVQYDTTTAQAAYDTANRQLNKVARQINNLTGSLPAMESSDQSSSSSQ  
GQGTQSTSGATNRLQONYQSQANASYNQQLQDLNDAYADAQAEVNKAQKALNDTVITSDV  
SGTVVEVNSDIDPASKTSQVLVHVATEGKLQVQGTMSYDLANVKKDQAVKIKSKVYPDK  
EWEGKISYISNYPEAEANNNDSSNGSSAVNYKYKVDITSPLDALKQGFTVSVEVVNGDKH  
LIVPTSSVINKDNKHFVWVYNDNSNRKISKVEVKIGKADAKTQEILSGLKAGQIVVTNPSK  
TFKDGQKIDNIESIDLKSNKKSEV

## SEQ ID NO. 8519

STRAIN M781 frame: 1

FLWVQSQPNKSAVKTNKYKVFNVREGSVSSSTLLTGKAKANQEYVYFDANKGNRATVTVK  
VGDKITAGQQLVQYDTTTAQAAYDTANRQLNKVARQINNLTGSLPAMESSDQSSSSSQ  
GQGTQSTSGATNRLQONYQSQANASYNQQLQDLNDAYADAQAEVNKAQKALNDTVITSDV  
SGTVVEVNSDIDPASKTSQVLVHVATEGKLQVQGTMSYDLANVKKDQAVKIKSKVYPDK  
EWEGKISYISNYPEAEANNNDSSNGSSAVNYKYKVDITSPLDALKQGFTVSVEVVNGDKH  
LIVPTSSVINKDNKHFVWVYNDNSNRKISKVEVKIGKADAKTQEILSGLKAGQIVVTNPSK  
TFKDGQKIDNIESIDLKSNKKSEV

## SEQ ID NO. 8520

STRAIN CJB110 frame: 1

FLWVQSQPNKSAVKTNKYKVFNVREGSVSSSTLLTGKAKANQEYVYFDANKGNRATVTVK  
VGDKITAGQQLVQYDTTTAQAAYDTANRQLNKVARQINNLTGSLPAMESSDQSSSSSQ  
GQGTQSTSGATNRLQONYQSQANASYNQQLQDLNDAYADAQAEVNKAQKALNDTVITSDV  
SGTVVEVNSDIDPASKTSQVLVHVATEGKLQVQGTMSYDLANVKKDQAVKIKSKVYPDK  
EWEGKISYISNYPEAEANNNDSSNGSSAVNYKYKVDITSPLDALKQGFTVSVEVVNGDKH  
LIVPTSSVINKDNKHFVWVYNDNSNRKISKVEVKIGKADAKTQEILSGLKAGQIVVTNPSK  
TFKDGQKIDNIESIDLNSNKKSEV

## SEQ ID NO. 8521

STRAIN 1169NT frame: 1

FLWVQSQPNKSAVKTNKYKVFNVREGSVSSSTLLTGKAKANQEYVYFDANKGNRATVTVK

## SEQUENCE LISTING

VGDKITAGQQLVQYDITTTAQAAAYDTANRQLNKVARQINNLTGSLPAMESSDQSSSSSQ  
 GGTQSTSGATNRLQONYQSQANASYNQQLQDLNDAYADAQAEVNKAQKALNDTVITSDV  
 SGTVEVNSDIDPASKTSQVLHVHATEGKLQVQGTMSYDLANVKKDQAVKIKSVYPDK  
 EWEGKISYISNYPEAEANNNDSSNGSSAVNYKYKVDITSPLDALKQGFTVSVEVVNGDKH  
 LIVPTSSVINKDNKHFVWVYNDNRKISKVEVKIGKADAKTQEILSGLKAGQIVVTNPSK  
 TFKDGQKIDNIESIDLNSNKKSEV

## SEQ ID NO. 8522

STRAIN JM9130013 frame: 1

FLWVQSOPNKS AVKTNKYKVFNVREGSVSSSTLLTGKAKANQEYVYFDANKGNRATVTVK  
 VGDKITAGQQLVQYDITTTAQAAAYDTANRQLNKVARQINNLTGSLPAMESSDQSSSSSQ  
 GQGAQSTSGATNRLQONYQSQANASYNQQLQDLNDAYADAQAEVNKAQKALNDTVITSDV  
 SGTVEVNSDIDPASKTSQVLHVHATEGKLQVQGTMSYDLANVKKDQSVKIKSVYPDK  
 EWEGKISYISNYPEAEANNNDSSNGSSAVNYKYKVDITSPLDALKQGFTVSVEVVNGDKH  
 LIVPTSSVTNKNKHFVWVYNDNRKISKVEVKIGKADAKTQEILSGLKAGQIVVTNPSK  
 TFKDGQKIDNIESIDLKSNKKSEV

## SEQ ID NO. 8601

STRAIN 2603

atgaaaaaaattggaattattgtcctcacactactgaccttcttttgggtatcttgcgga  
 caapaaactaaacaagaagcactaaaacaactatttctaaaatgcctaaaattgaaggc  
 ttcacctattatggaaaaattcctgaaaatccgaaaaagtaattaattttacatatctt  
 tacactgggtatttattaaaactaggtgttaattgtttcaagttacagtttagacttagaa  
 aaagatagccccgttttggtaaaacaactgaaagaagctaaaaaattaactgctgatgat  
 acagaagctatttgcgcacaaaaacctgatttaataatcatggttttcgatcaagatccaaac  
 atcaatactctgaaaaaaattgcaccaacttttagttattaaatatggtgcacaaaattat  
 ttagatatgatgccagccttggggaaagtattcggtaaaagaaaaagactaatcagtg  
 gttagccaatggaaaaactaaaactctcgctgtcaaaaaagatttacaccatatcttaag  
 cctaactactctttactattatggatttttatgataaaaatatctatttatatggtaat  
 aattttggacgcggtggagaactaatctatgattcactaggttatgctgccccagaaaaa  
 gtcaaaaaagatgtcttataaaaaagggtggtttaccgtttcgcaagaagcaatcggtgat  
 tacgttggagattatgcccttgttaataataacaaaacgactaaaaaagcagcttcatca  
 cttaaaagaagtgtctggaagaatttaccagctgtcaaaaaagggcacatcatagaa  
 agtaactacgacgtgttttatttctctgacctctatctttagaagctcaattaaaaatca  
 ttacaaggctatcaaagaaaatacaaat

## SEQ ID NO. 8602

STRAIN 090

GAAGGCTTCACCTATTATGAAAAAATTCCTGAAAATCCGAAAAAGTAAT  
 TAATTTACATATTCTTACACTGGGTATTTATTAAGTACAGGTGTTAATG  
 TTTCAAGTTACAGTTTAGACTTAGAAAAAGATAGCCCCGTTTTTGGTAAG  
 CAACTGAAAGAAGCTAAAAAATTAACCTGCTGATGATACAGAAAGCTATTGC  
 CGCACAAAAACCTGATTATTAATCATGGTTTTTCGATCAAGATCCAAACATCA  
 ATACTCTGAAAAAATTCACCAACTTTAGTTATTAATATGGTGCACAA  
 AATTATTTAGATATGATGCCAGCCTTGGGAAAGTATTGGTAAAGAAAA  
 AGAAGCTAATCAGTGGGTAGCCAATGGAAAACTAAACTCTCGCTGCCA  
 AAAAGATTACACCATATCTTAAAGCCTAACACTACTTTTACTATTATG  
 GATTTTTATGATAAAAAATATCTATTTATATGGTAATAATTTTGGACGCGG  
 TGGAGAACTAATCTATGATTCACTAGGTATGCTGCCCCAGAAAAAGTCA  
 AAAAGATGTCTTTAAAAAAGGGTGGTTTACCGTTTTGCAAGAAGCAATC  
 GGtGATTACGTTGGAGATTATGCCCTTGTAAATATAAACAACGACTAA  
 AAAAGCAGCTTCatcACTTAAAGAAAGTGATGTCTGGAAGAATTTACCAG  
 CTGTCAAAAAAGGGCACATCATAGAAAGTAaCTACGACGTGTTTTATTTC  
 TCTGACCTCTATCTTTAGAAGCTCAATTAAAATCATTTACAAA

## SEQ ID NO. 8603

STRAIN A909

GAAGGCTTCACCTATTATGAAAAAATTCCTG  
 AAAATCCGAAAAAGTAATTAATTTTACATATTCTTACACTGGATATTTA  
 TTAAGTACAGGTAAATGTTTCAAGTTACAGTTTAGACTTAGAAAAAGA  
 TAgCCCCGTTTTTGGTAAaCAACTGAAAGGAGCTAAAAAATTAACCTGCTG  
 ATGATACAGAAGTATTGCGGCACAAAAACCTGATTTAaTCATGGTTTTT  
 GATCAAGATCCAAACATCAATACTCTGAAAAAATTCACCAACTTTAGT  
 TATTAATATGGTGCACAAAATTATTTAgATaTGATGCCAGCTTTGGGGA

## SEQUENCE LISTING

AAGTATTTCGGTAAAGAAAAAGCTAATCAGTGGGTTAGCCAaTGGAAA  
 ACTAAAACCTCTCGCTGCCAAAAAAGATTTACACCATATCTTAAACCTAA  
 CACTACTTTTACCATTATGGATTTTATGATAAAAAATATCTATTTATATG  
 GTAATAATTTTGGACGCGGTGGAGAACTAATCTATGATTCACTAGGTTAT  
 GCTGCCCCAGAAAAAGTCAAAAAAGATGTCTTTAAAAAAGGGTGGTTTAC  
 CGTTTCGCAAGAAGCAATCGGTgATTACGTTGGAGATTATGCCCTTGTTA  
 ATATAAACAAAACGACTAAAAAAGCAGCTTCATCACTTAAAGAAAGTGAT  
 GTCTGGAAGAATTTACCAGCTGTCAAAAAAGGGCACATCATAGAAAGTAA  
 CTACGACGTGTTTTATTTCTCTGACCCTcTATCTTTAGAAGCTCAATTAA  
 AATCATTTACAAA

## SEQ ID NO. 8604

STRAIN H36B

GAAGGCTTCACCTATTATGGAAAA

ATTCTGAAAAATCCGAAAAAAGTAATTAATTTTACATATTCTTACACTGG  
 ATATTTTATTTAAACTAGGAGTTAATGTTTCAAGTTACAGTTTAGACTTAG  
 AAAAAAGATAgCCCCGTTTTTGGTAAgCAACTGAAAGGAGCTAAAAAATTA  
 ACTGCTGATGATACAGAAGCTATTGCCGCACAAAAACCTGATTTAaTCAT  
 GGTTTTTGATCAAgATCCAACATCAATACTCTGAAAAAAATGCAACCA  
 CTTTAGTTATTAATATGGTGCACAAAATTATTTAgATaTgATGCCAGCT  
 TTGGGGAAaAGTATTTCGGTAAAGAAAAAGAAGCTAATCAGTGGGTTAGCCA  
 ATGGAAAACTAAACTCTCGCTGCCAAAAAAGATTTACACCATATCTTAA  
 GGCTTaACaCTACTTTTACTATTATAGATTTTTATGATAAAAAATATCTAT  
 TTATATGGTAATAATTTTGGACGCGGTGGAgAACTAATCTATGATtCACT  
 AGGTTATGCTGCCCAgAAAAAGTCAAAAAAGATGTCTTTAAAAAAGGGT  
 GGTTTACCGTTTTcCAAGAAGCAATCGGTgATTACGTTGGAGATTATGCC  
 CTTGTTAATATAAACAAAACGACTAAAAAAGCAGCTTCaTCACTTAAAGA  
 AAGTGATGTTTTGGAGAATTTACCAGCTGTCAAAAAAGGGCACATCATAG  
 AAAGTAACTACGACGTGTTTTATTTCTCTGACCCTCTATCTTTAGAAGCT  
 CAATTAAAATCATTTACAAA

## SEQ ID NO. 8605

STRAIN 18RS21

GAAGGCTTCACCTATTATGGA

AAAAATTCCTGAAAAATCCGAAAAAAGTAATTAATTTTACATATTCTTACAC  
 TGGGTATTTTATTTAAACTAGGTGTTAATGTTTCAAGTTACAGTTTAGACT  
 TAGAAAAAGATAGCCCCGTTTTTGGTAAACAACCTGAAAGAAGCTAAAAAA  
 TTAAGTCTGATGATACAGAAGCTATTGCCGCACAAAAACCTGATTTAAT  
 CATGGTTTTTCGATCAAGATCCAACATCAATACTCTGAAAAAAATGCAAC  
 CAACTTTAGTTATTAATATGGTGCACAAAATTATTTAgATaTGATGCCA  
 GCCTTGGGGAAAGTATTTCGGTAAAGAAAAAgAAGCTAATCAGTGGGTTAG  
 CCAATGGAAAACTAAACTCTCGCTGTCAAAAAAGATTTACACCATATCT  
 TAAAGCCTAACACTACTTTTACTATTATGGATTTTATGATAAAAAATATC  
 TATTTATATGTTAATAATTTTGGACGCGGTGGAGAACTAATCTATGATTC  
 ACTAGGTTATGCTGCCCAgAAAAAGTCAAAAAAGATGTCTTTAAAAAAG  
 GGTGGTTTACCGTTTTCGCAAGAAGCAATCGGTGATTACGTTGGAGATTAT  
 GCCCTTGTTAATATAAACAAAACgACTAAAAAAGCAGCTTCATCACTTAA  
 AGAAAGTGATGTCTGGAAGAATTTACCAGCTGTCAAAAAAGGGCACATCA  
 TAGAAAGTAACTACGACGTGTTTTATTTCTCTGACCCTCTATCTTTAGAA  
 GCTCAATTAAAATCATTTACAAA

## SEQ ID NO. 8606

STRAIN M732

GAAGGCTTCACCTATTATGG

AAAAATTCCTGAAAAATCCGAAAAAAGTAATTAATTTTACATATTCTTACA  
 CTGGGTATTTATTTAAACTAGGTGTTAATGTTTCAAGTTACAGTTTAGAC  
 TTAGAAAAAGATAGCCCCGTTTTTGGTAAAGCAACTGAAAGAAGCTAAAAA  
 ATTAACCTGCTGATGATACAGAAGCTATTGCCGCACAAAAACCTGATTTAA  
 TCATGGTTTTTCGATCAAGATCCAACATCAATACTCTGAAAAAAATGCA  
 CCACTTTTAGTTATTAATATGGTGCACAAAATTATTTAgATATGATGCC  
 AGCCTTGGGGAAAGTATTTCGGTAAAGAAAAAGAAGCTAATCAGtGGGTTA  
 GCCAATGGAAAACTAAACTCTCGCTGCCAAAAAAGATTTACACCATATC  
 TTAAAGCCTAACACTACTTTTACTATTATGGATTTTATGATAAAAAATAT  
 CTATTTATATGGTAATAATTTTGGACgCGGTGGAgAACTAATCTATGATT

## SEQUENCE LISTING

CACTAGGTTATGCTGCCCCAGAAAAAGTCAAAAAAGATGTCTTTAAAAA  
GGGTGGTTTACCGTTTCGCAAGAAGCAATCGGTGATTACGTTGGAGATTA  
TGCCCTTGTTAATATAAAACAAACGACTAAAAAGCAGCTTCATCACTTA  
AAGAAAGTGATGTCTGGAAGAAATTACCAGCTGTCAAAAAGGGCACATC  
ATAGAAAGTAACTACGACGTGTTTATTTCTCTGACCCTCTATCTTTAGA  
AGCTCAATTAAATCATTTACAAA

## SEQ ID NO. 8607

STRAIN COH1

GAAGGCTTCACCTATTATG

GAAAAATTCCTGAAAATCCGAAAAAGTAATTAATTTTACATATTTCTTAC  
ACTGGGTATTTATTAAAACTAGGTGTTAATGTTTCAAGTTACAGTTTAGA  
CTTAGAAAAAGATAGCCCCGTTTTTGGTAAGCAACTGAAAGAAGCTAAAA  
AATTAAGTGTCTGATGATACAGAAGCTATTGCCGCACAAAACCTGATTTA  
ATCATGGTTTTTCGATCAAGATCCAAACATCAATACTCTGAAAAAATTGC  
ACCAACTTTAGTTATTAAATATGGTGCACAAAATTATTTAgATATGATGC  
CAGCCTTGGGGAAAGTaTTCGGTAAAGAAAAAGAAGCTAATCAGTGGGT  
AGCCAATGGAAAACTAAACTCTCGCTGCCAAAAAGATTTACACCATAT  
CTTAAAGCCTAACACTACTTTTACTATTATGGATTTTATGATAAAAAATA  
TCTATTTATATGGTAATAATTTTGGACGCGGTGGAGAACTAATCTATGAT  
TCACTAGGTTATAGTCTGCCCCAGAAAAAGTCAAAAAAGATGTCTTTAAAAA  
AGGGTGGTTTACCGTTTCGCAAGAAGCAATCGGTGATTACGTTGGAGATT  
ATGCCCTTGTTAATATAAAACAAACGACTAAAAAGCAGCTTCATCACTT  
AAAGAAAGTGATGTCTGGAAGAATTACCAGCTGTCAAAAAGGGCACAT  
CATAGAAAGTAACTACGACGTGTTTATTTCTCTGACCCTCTATCTTTAG  
AAGCTCAATTAAATCATTTACAAA

## SEQ ID NO. 8608

STRAIN M781

GAAGGCTTCACCTATTATGG

AAAAATTCCTGAAAATCCGAAAAAGTAATTAATTTTACATATTTCTTACA  
CTGGGTATTTATTAAAACTAGGTGTTAATGTTTCAAGTTACAGTTTAGAC  
TTAgAAAAAGATAGCCCCGTTTTTGGTAAGCAACTGAAAGAAGCTAAAAA<  
ATTAAGTGTCTGATGATACAGAAGCTATTGCCGCACAAAACCTGATTTAA  
TCATGGTTTTTCGATCAAGATCCAAACATCAATACTCTGAAAAAATTGCA  
CCAACCTTAGTTATTAAATATGGTGCACAAAATTATTTAgATATGATGCC  
AGCCTTGGGGAAAGTATTTCGGTAAAGAAAAAGAAGCTAATCAGTGGGTTA  
GCCAATGGAAAACTAAACTCTCGCTGCCAAAAAGATTTACACCATATC  
TTAAAGCCTAACACTACTTTTACTATTATGGATTTTATGATAAAAAATAT  
CTATTTATATGGTAATAATTTTGGACGCGGTGGAGAACTAATCTATGATT  
CACTAGGTTATGCTGCCCCAGAAAAAGTCAAAAAAGATGTCTTTAAAAA  
GGGTGGTTTACCGTTTCGCAAGAAGCAATCGGTGATTACGTTGGAGATTA  
TGCCCTTGTTAATATAAAACAAACGACTAAAAAGCAGCTTCATCACTTA  
AAGAAAGTGATGTCTGGAAGAATTACCAGCTGTCAAAAAGGGCACATC  
ATAGAAAGTAACTACGACGTGTTTTATTTCTCTGACCCTCTATCTTTAGA  
AGCTCAATTAAATCATTTACAAA

## SEQ ID NO. 8609

STRAIN CJB110

GAAGGCTTCACCTATTATGGA

AAAATTCCTGAAAATCCGAAAAAGTAATTAATTTTACATATTTCTTACAC  
TGGGTATTTATTAAAACTAGGTGTTAATGTTTCAAGTTACAGTTTAGACT  
TAGAAAAAGATAGCCCCGTTTTTGGTAAGCAACTGAAAGAAGCTAAAAA  
TTAACTGCTGATGATACAGAAGCTATTGCCGCACAAAACCTGATTTAAT  
CATGGTTTTTCGATCAAGATCCAAACATCAATACTCTGAAAAAATTGCAC  
CAACTTTAGTTATTAAATATGGTGCACAAAATTATTTAgATATGATGCCA  
GCCTTGGGGAAAGTATTTCGGTAAAGAAAAAGAAGCTAATCAGTGGGTAG  
CCAATGGAAAACTAAACTCTCGCTGCCAAAAAGATTTACACCATATCT  
TAAAGCCTAACACTACTTTTACTATTATGGATTTTATGATAAAAAATATC  
TATTTATATGGTAATAATTTTGGACGCGGTGGAGAACTAATCTATGATT  
CTAGGTTATGCTGCCCCAGAAAAAGTCAAAAAAGATGTCTTTAAAAAAG  
GGTGGTTTACCGTTTCGCAAGAAGCAATCGGTGATTACGTTGGAGATTAT  
GCCCTTGTTAATATAAAACAAACGACTAAAAAGCAGCTTCATCACTTAA  
AGAAAGTGATGTCTGGAAGAATTACCAGCTGTCAAAAAGGGCACATCA

## SEQUENCE LISTING

TAGAAAGTAACACGACGTGTTTTATTTCTCTGACCCTCTATCTTTAGAA  
GCTCAATTAAAATCATTTACAAA

## SEQ ID NO. 8610

STRAIN 1169NT

GAAGGCTTCACCTATTATGGAAAAATT  
CCTGAAAATCCGAAAAAAGTAATTAATTTTACATATTCTTACACTGGGTA  
TTTATTA AAACTAGGTGTTAATGTTTCAAGTTACAGTTTAGACTTAGAAA  
AAGATAGCCCCGTTTTTGGTAAGCAACTGAAAGAGCTAAAAAATTAAGT  
GCTGATGATACAGAAGCTATTGCCGcACAAaACCTGATTTAATCATGGT  
TTTCGATCAAGATCCAAACATCAATACTCTGAAAAAATTGCACCAACTT  
TAGTTATTAATATATGGTGACAAAAATTATTTAgATATGATGCCAGCCTTG  
GGGAAAGTATTCGGTAAAGAAAAAGaaGCTAATCAGTGGGTTAGCCAATG  
GAAACTAAAACCTCTCGCTGCCAAAAAGATTTACACCATATCTTAAAGC  
CTAACACTACTTTTACTATTATGGATTTTATGATAAAAAATATCTATTTA  
TATGGTAATAATTTTGGACGCGGTGGAGAACTAATCTATGATTCACTAGG  
TTATGCTGCCCCAgAAAAAGTCAAAAAAGATGTCTTAAAAAAGGGTGGT  
TTACCGTTTCgCAAGAAGCAATCGGTGATTACGTTGGAGATTATGCCCTT  
GTTAATATAAACAAAACGACTAAAAAGCAGCTTCATCACTTAAAGAAAG  
TGATGTCTGGAAGAATTTACCAGCTGTCAAAAAAGGGCACATCATAGAAA  
GTAACCTAGCAGCTGTTTATTTCTCTGACCCTCTATCTTTAGAAGCTCAA  
TTAAATCATTTACAAA

## SEQ ID NO. 8611

STRAIN JM9130013

GAAGGCTTCACCTATTATG  
GAAAAATTCCTGAAAATCCGAAAAAAGTAATTAATTTTACATATTCTTAC  
ACTGGATATTTATTA AAACTAGGAGTTAATGTTTCAAGTTACAGTTTAGA  
CTTAGAAAAAGATAGCCCCGTTTTTGGTAAGCAACTGAAAGGAGCTA AAA  
AATTAAGTCTGCTGATGATACAGAAGCTATTGCCGCACAAAAACCTGATTTA  
ATCATGGTTTTTGGATCAAGATCCAAACATCAATACTCTGAAAAAATTGC  
ACCAACTTTAGTTATTAATATGGTGACAAAAATTATTTAgATATGATGC  
CAGCTTTGGGGAAAGTATTCGGTAAAGAAAAAGAGCTAATCAGTGGGTT  
AGCCAATGGAAAACTAAAACCTCTCGCTGCCAAAAAGATTTACACCATAT  
CTTAAACCTAACACTACTTTTACCATTATGGATTTTATGATAAAAAATA  
TCTATTATATGGTAATAATTTTGGACGCGGtGGAGAACTAATCTATGAT  
TCACTAGGTTATGCTGCCCCAgAAAAAGTCAAAAAAGATGTCTTAAAAA  
AGGGTGGTTTACCGTTTCgCAAGAAGCAATCGGTGATTACGTTGGAGATT  
ATGCCCTTGTTAATATAAAACAAAACGACTAAAAAGCAGCTTCATCACTT  
AAAGAAAGTGATGTCTGGAAGAATTTACCAGCTGTCAAAAAAGGGCACAT  
CATAGAAAGTAACACGACGTGTTTTATTTCTCTGACCCTCTATCTTTAG  
AAGCTCAATTAAAATCATTTACAAA

## SEQ ID NO. 8612

STRAIN 2603 frame: 1

MKKIGIIVLTLTLFFLVSCGQQTKESTKTTISKMPKIEGFTYYGKIPENPKKVINFYYS  
YTGYLLKLG VNVSSYSLDLEKDSPVFGKQLKEAKKLTADDTEAIAAQKPDLMVFDQDPN  
INTLKKIAPTLVIKYGAQNYLDMM PALGKVFGKEKEANQWVSQWKT KT LAVKKDLHHILK  
PNTTFTIMDFYDKNIYLYGNNFGRGGELIYDSLGYAAPEKVKKDVFKKGWFTVSQEAIGD  
YVG DYALVNINKTTKKAASSLKESDVWKNLPAVKKGHIIESNYDVFFYSDPLSLEAQLKS  
FTKAIKENTN

## SEQ ID NO. 8613

STRAIN 090 frame: 1

EGFTYYGKIPENPKKVINFYYSYTGYLLKLG VNVSSYSLDLEKDSPVFGKQLKEAKKLT  
ADDTEAIAAQKPDLMVFDQDPNINTLKKIAPTLVIKYGAQNYLDMM PALGKVFGKEKEAN  
QWVSQWKT KT LAACKDLHHILKPNNTFTIMDFYDKNIYLYGNNFGRGGELIYDSLGYAAP  
EKVKKDVFKKGWFTVSQEAIGDYVG DYALVNINKTTKKAASSLKESDVWKNLPAVKKGHI  
IESNYDVFFYSDPLSLEAQLKSFT

## SEQ ID NO. 8614

STRAIN A909 frame: 1

EGFTYYGKIPENPKKVINFYYSYTGYLLKLG VNVSSYSLDLEKDSPVFGKQLKGAKKLTA  
DDTEAIAAQKPDLMVFDQDPNINTLKKIAPTLVIKYGAQNYLDMM PALGKVFGKEKEAN

## SEQUENCE LISTING

QWVSQWKTKTLAAKKDLHHILKPNTTFTIMDFYDKNIYLYGNNFGRGGELIYDSLGYAAP  
 EKVKKDVFKKGWFTVSQEAIGDYVG DYALVNINKTTKKAASSLKESDVWKNLPAVKKGHI  
 IESNYDVFFYFSDPLSLEAQLKSFT

## SEQ ID NO. 8615

STRAIN H36B frame: 1

EGFTYYGKIPENPKKVINFYTSYTG YLLKLG VNVSSYS LDLEKDSPVFGKQLKGAKKLT  
 DDTEAIAAQKPDLMVFDQDPNINTLKKIAPT LVIKYGAQNYLD MMPALGKVFGKEKEAN  
 QWVSQWKTKTLAAKKDLHHILRPNTTFTI IDFYDKNIYLYGNNFGRGGELIYDSLGYAAP  
 EKVKKDVFKKGWFTVSQEAIGDYVG DYALVNINKTTKKAASSLKESDVWKNLPAVKKGHI  
 IESNYDVFFYFSDPLSLEAQLKSFT

## SEQ ID NO. 8616

STRAIN 18RS21 frame: 1

EGFTYYGKIPENPKKVINFYTSYTG YLLKLG VNVSSYS LDLEKDSPVFGKQLKEAKKLT  
 DDTEAIAAQKPDLMVFDQDPNINTLKKIAPT LVIKYGAQNYLD MMPALGKVFGKEKEAN  
 QWVSQWKTKTLAVKKDLHHILKPNTTFTIMDFYDKNIYLYGNNFGRGGELIYDSLGYAAP  
 EKVKKDVFKKGWFTVSQEAIGDYVG DYALVNINKTTKKAASSLKESDVWKNLPAVKKGHI  
 IESNYDVFFYFSDPLSLEAQLKSFT

## SEQ ID NO. 8617

STRAIN M732 frame: 1

EGFTYYGKIPENPKKVINFYTSYTG YLLKLG VNVSSYS LDLEKDSPVFGKQLKEAKKLT  
 DDTEAIAAQKPDLMVFDQDPNINTLKKIAPT LVIKYGAQNYLD MMPALGKVFGKEKEAN  
 QWVSQWKTKTLAAKKDLHHILKPNTTFTIMDFYDKNIYLYGNNFGRGGELIYDSLGYAAP  
 EKVKKDVFKKGWFTVSQEAIGDYVG DYALVNINKTTKKAASSLKESDVWKNLPAVKKGHI  
 IESNYDVFFYFSDPLSLEAQLKSFT

## SEQ ID NO. 8618

STRAIN COH1 frame: 1

EGFTYYGKIPENPKKVINFYTSYTG YLLKLG VNVSSYS LDLEKDSPVFGKQLKEAKKLT  
 DDTEAIAAQKPDLMVFDQDPNINTLKKIAPT LVIKYGAQNYLD MMPALGKVFGKEKEAN  
 QWVSQWKTKTLAAKKDLHHILKPNTTFTIMDFYDKNIYLYGNNFGRGGELIYDSLGYAAP  
 EKVKKDVFKKGWFTVSQEAIGDYVG DYALVNINKTTKKAASSLKESDVWKNLPAVKKGHI  
 IESNYDVFFYFSDPLSLEAQLKSFT

## SEQ ID NO. 8619

STRAIN M781 frame: 1

EGFTYYGKIPENPKKVINFYTSYTG YLLKLG VNVSSYS LDLEKDSPVFGKQLKEAKKLT  
 DDTEAIAAQKPDLMVFDQDPNINTLKKIAPT LVIKYGAQNYLD MMPALGKVFGKEKEAN  
 QWVSQWKTKTLAAKKDLHHILKPNTTFTIMDFYDKNIYLYGNNFGRGGELIYDSLGYAAP  
 EKVKKDVFKKGWFTVSQEAIGDYVG DYALVNINKTTKKAASSLKESDVWKNLPAVKKGHI  
 IESNYDVFFYFSDPLSLEAQLKSFT

## SEQ ID NO. 8620

STRAIN CJB110 frame: 1

EGFTYYGKIPENPKKVINFYTSYTG YLLKLG VNVSSYS LDLEKDSPVFGKQLKEAKKLT  
 DDTEAIAAQKPDLMVFDQDPNINTLKKIAPT LVIKYGAQNYLD MMPALGKVFGKEKEAN  
 QWVSQWKTKTLAAKKDLHHILKPNTTFTIMDFYDKNIYLYGNNFGRGGELIYDSLGYAAP  
 EKVKKDVFKKGWFTVSQEAIGDYVG DYALVNINKTTKKAASSLKESDVWKNLPAVKKGHI  
 IESNYDVFFYFSDPLSLEAQLKSFT

## SEQ ID NO. 8621

STRAIN 1169NT frame: 1

EGFTYYGKIPENPKKVINFYTSYTG YLLKLG VNVSSYS LDLEKDSPVFGKQLKEAKKLT  
 DDTEAIAAQKPDLMVFDQDPNINTLKKIAPT LVIKYGAQNYLD MMPALGKVFGKEKEAN  
 QWVSQWKTKTLAAKKDLHHILKPNTTFTIMDFYDKNIYLYGNNFGRGGELIYDSLGYAAP  
 EKVKKDVFKKGWFTVSQEAIGDYVG DYALVNINKTTKKAASSLKESDVWKNLPAVKKGHI  
 IESNYDVFFYFSDPLSLEAQLKSFT

## SEQ ID NO. 8622

STRAIN JM9130013 frame: 1

EGFTYYGKIPENPKKVINFYTSYTG YLLKLG VNVSSYS LDLEKDSPVFGKQLKGAKKLT  
 DDTEAIAAQKPDLMVFDQDPNINTLKKIAPT LVIKYGAQNYLD MMPALGKVFGKEKEAN



## SEQUENCE LISTING

QWVSQWKTKTLAAKKDLHHILKPNTTFTIMDFYDKNIYLYGNNFGRGGELIYDSLGYAAP  
 EKVKKDVFKKGWFTVSQEAIGDYVGDYALVNINKTTKKAASSLKESDVWKNLPAVKKGHI  
 IESNYDVFFYSDPLSLEAQLKSFT

SEQ ID NO. 8701

STRAIN 2603

ATGAAATTATCGAAGAAGTTATTGTTTTCGGCTGCTGTT  
 TTAACAATGGTGGCGGGGTCAACTGTTGAACCACTAGCTCAGTTTGGCGACTGGAATGAGT  
 ATTGTAAGAGCTGCAGAAGTGTACAGAAGCGCCAGCGAAAACAACAGTAAATATCTAT  
 AAATTACAAGCTGATAGTTATAAATCGGAAATTACTTCTAATGGTGGTATCGAGAATAAA  
 GACGGCGAAGTAATATCTAACTATGCTAAACTTGGTGACAATGTAAAAGGTTTGCAAGGT  
 GTACAGTTTAAACGTTATAAAGTCAAGACGGATATTTCTGTTGATGAATTGAAAAAATTG  
 ACAACAGTTGAAGCAGCAGATGCAAAAGTTGGAACGATTCTTGAAGAAGGTGTCAGTCTA  
 CCTCAAAAACATAATGCTCAAGGTTTGGTCTGTCGATGCTCTGGATTCAAAAAGTAATGTG  
 AGATACCTGTATGTAGAAGATTTAAGAATTACCTTCAAACATTACCAAAGCTTATGCT  
 GTACCGTTTGTGTTGGAAATTACCAAGTTGCTAÄCTCTACAGGTACAGGTTTCCTTTCTGAA  
 ATTAATATTTACCCTAAAAACGTTGTAAGTATGAACCAAAAACAGATAAAGATGTTAAA  
 AAATTAGTCTCAGGACGATGCAAGTTTATACGATTGGTGAAGAATTCAAATGGTTCTTGAAA  
 TCTACAATCCCTGCCAATTTAGGTGACTATGAAAAATTTGAAATTACTGATAAATTTGCA  
 GATGGCTTGACTTATAAATCTGTTGGAAAAATCAAGATTGGTTGCAAAACACTGAATAGA  
 GATGAGCACTACACTATTGATGAACCAACAGTTGATAACCAAAATACATTAAAAATTACG  
 TTTAAACAGAGAAATTTAAGAATTTGCTGAGCTACTTAAAGGAATGACCTTGTAAA  
 AATCAAGATGCTCTTGATAAAGCTACTGCAAAATACAGATGATGCGGCATTTTGGAAATT  
 CCAGTTGCTCACTATTAAATGAAAAAGCAGTTTGGGAAAAGCAATTGAAAAACTTTT  
 GAACTTCAATATGACCATACCTCTGATAAAGCTGACAATCCAAAACCATCTAATCCTCCA  
 AGAAAACAGAAAGTTCATACTGTTGGGAAACGATTGTAAAGAAAGACTCAACAGAAACA  
 CAAACACTAGGTGGTGTGCTGAGTTTGATTGTTGGCTTCTGATGGGACAGCAGTAAATGG  
 ACAGATGCTCTTATTAAGCGAATACTAATAAAAACCTATATTGCTGGAGAAGCTGTTACT  
 GCGCAACCAATCAAATGAAATGAAATCACATACAGACGGTACGTTTGAGATTAAAGGTTTGGCT  
 TATGCAAGTTGATGCGAATGCAGAGGGTACAGCAGTAAGTTACAAATTAAAGAAACAAAA  
 GCACCAGAAGGTTATGTAATCCCTGATAAAGAAATCGAGTTTACAGTATCACAAACATCT  
 TATAATACAAAACCAACTGACATCACGGTTGATAGTGCTGATGCAACACCTGATACAATT  
 AAAACAACAAACGTCCTTCAATCCCTAATACTGGTGGTATTGGTACGGCTATCTTTGTC  
 GCTATCGGTGCTGCGGTGATGGCTTTTGCTGTTAAGGGGATGAAGCGTCGTACAAAAGAT  
 AAC

SEQ ID NO. 8702

STRAIN 090

GCAGAAGTGTACAAGAAGCGCCAGCGAAAAC  
 AGCAGTAAATATCTATAAATTACAAGCTGATAGTTATAAATCGGAAATTA  
 CTTCTAATGGTGGTATCGAGAATAAAGACGGCGAAGTAATATCTAACTAT  
 GCTAAACTTGGTGACAATGTAAAAGGTTTGCAAGGTGTACAGTTTAAACG  
 TTATAAAGTCAAGACGGATATTTCTGTTGATGAATTGAAAAAATTGACAA  
 CAGTTGAAGCAGCAGATGCAAAAGTTGGAACGATTCTTGAAGAAGGTGTC  
 AGTCTACCTCAAAAACATAATGCTCAAGGTTTGGTCTGTCGATGCTCTGGA  
 TTCAAAAAGTAATGTGAGATACTTGTATGTAGAAGATTTAAAGAATTCAC  
 CTTCAAACATTACCAAAGCTTATGCTGTACCGTTTGTGTTGGAATTACCA  
 GTTGCTAACTCTACAGGTACAGGTTTCCTTTCTGAAATTAAATATTTACCC  
 TAAAAACGTTGTAAGTATGAACCAAAAACAGATAAAGATGTTAAAAAT  
 TAGGTGAGGACGATGCAGGTTATACGATTGGTGAAGAATTCAAATGGTTC  
 TTGAAATCTACAATCCCTGCCAATTTAGGTGACTATGAAAAATTTGAAAT  
 TACTGATAAATTTGCAGATGGCTTGACTTATAAATCTGTTGGAAAAATCA  
 AGATTGGTTCGAAAACACTGAATAGAGATGAGCACTACACTATTGATGAA  
 CCAACAGTTGATAACCAAAATACATTAAAAATTACGTTTAAACAGAGAA  
 ATTTAAAGAAATTTGCTGAGCTACTTAAAGGAATGACCTTGTAAAAATC  
 AAGATGCTCTTGATAAAGCTACTGCAAAATACAGATGATGCGGCATTTTGG  
 GAAATTCAGTTGTCATCAACTATTAATGAAAAAGCAGTTTGGGAAAAAGC  
 AATTGAAAAACTTTTGAAGTTCAATATGACCATACTCCTGATAAAGCTG  
 ACAATCCAAAACCATCTAATCCTCCAAGAAAACAGAAAGTTCTACTGGT  
 GGGAAACGATTTGTAAAGAAAGACTCAACAGAAAACAAACACTAGGTGG  
 TGCTGAGTTTGTGTTGGCTTCTGATGGGACAGCAGTAAATGGACAG  
 ATGCTCTTATTAAGCGAATACTAATAAAAACCTATATTGCTGGAGAAGCT  
 GTTACTGGGCAACCAATCAAATTGAAATCACATACAGACGGTACGTTTGA  
 GATTAAAGGTTTGGCTTATGCAGTTGATGCGAATGCAGAGGGTACAGCAG

## SEQUENCE LISTING

TAACCTTACAAATTAAAAGAAACAAAAGCACCAGAAGGTTATGTAATCCCT  
GATAAAGAAATCGAGTTTACAGTATCACAAACATCTTATAATACAAACC  
AACTGACATCACGGTTGATAGTGCTGATGCAACACCTGATACAATTAAAA  
ACAACAAACGTCCTTCA

## SEQ ID NO. 8703

STRAIN A909

GCAGAAGTGTACAAGAACGCCAGCGAA  
AACAAACAGTAAATATCTATAAATTACAAGCTGATAGTTATAAATCGGAAA  
TTACTTCTAATGGTGGTATCGAGAATAAAGACGGCGAAGTAATATCTAAC  
TATGCTAAACTTGGTGACAATGTAAAAGGTTTGCAAGGTGTACAGTTTAA  
ACGTTATAAAGTCAAGACGGATATTTCTGTTGATGAATTGAAAAAATTGA  
CAACAGTTGAAGCAGCAGATGCAAAAGTTGGAACGATTCTTGAAGAAGGT  
GTCAGTCTACCTCAAAAACTAATGCTCAAGGTTTGGTCGTCGATGCTCT  
GGATTCAAAAAGTAATGTGAGATACTTGTATGTAGAAGATTTAAAGAATT  
CACCTTCAAACATTACCAAAGCTTATGCTGTACCGTTTGTGTTGGAATTA  
CCAGTTGCTAACTCTACAGGTACAGGTTTCTTTCTGAAATTAATATTTA  
CCCTAaaAACGTTGTAAGTATGAACCAAAAACAGATAAAGATGTTAAAA  
AATTAGGTCAGGACGATGCAGGTTATACGATTGGTGAAGAATTCAAATGG  
TTCTTGAAATCTACAATCCCTGCCAATTTAGGTGACTATGAAAAATTTGA  
AATTACTGATAAATTTGCAGATGGCTTGACTTATAAATCTGTTGGAAAAA  
TCAAGATTGGTTCGAAAACACTGAATAGAGATGAGCACTACACTATTGAT  
GAACCAACAGTTGATAACCAAAATACATTAAAAATTACGTTTAAACCAGA  
GAAATTTAAAGAAATTGCTGAGCTACTTAAAGGAATGACCCCTGTTAAAA  
ATCAAGATGCTCTTTGATAAAGCTACTGCAAATACAGATGATGCGGCATT  
TTGGAATTCAGTTGCATCAACTATTAATGAAAAAGCAGTTTTAGGAAA  
AGCAATTGAAAATACTTTTGAACCTCAATATGACCATACTCCTGATAAAG  
CTGACAAATCCAAACCATCTAATCCTCCAAGAAAACAGAAAGTTCTACT  
GGTGGGAAACGATTTGTAAAGAAAGACTCAACAGAAACACAAACACTAGG  
TGGTGCTGAGTTTGATTTGTTGGCTTCTGATGGGACAGCAGTAAATGGA  
CAGATGCTCTTATTAAGCGAATACTAATAAAACTATATTGCTGGAGAA  
GCTGTTACTGGGCAACCAATCAAATTGAAATCACATACAGACGGTACGTT  
TGAGATTAAAGGTTTGGCTTATGCAGTTGATGCGAATGCAGAGGGTACAG  
CAGTAACCTTACAAATTAAAGAAACAAAAGCACCAGAAGGTTATGTAATC  
CCTGATAAAGAAATCGAGTTTACAGTATCACAAACATCTTATAATACAAA  
ACCAACTGACATCACGGTTGATAGTGCTGATGCAACACCTGATACAATTA  
AAAACAACAA

## SEQ ID NO. 8704

STRAIN 18RS21

GCAGAAGTGTACAAGAACGCCAGCGAAAAC  
AGCAGTAAATATCTATAAATTACAAGCTGATAGTTATAAATCGGAAATTA  
CTTCTAATGGTGGTATCGAGAATAAAGACGGCGAAGTAATATCTAATAT  
GCTAAACTTGGTGACAATGTAAAAGGTTTGCAAGGTGTACAGTTTAAACG  
TTATAAAGTCAAGACGGATATTTCTGTTGATGAATTGAAAAAATTGACAA  
CAGTTGAAGCAGCAGATGCAAAAGTTGGAACGATTCTTGAAGAAGGTGTC  
AGTCTACCTCAAAAACTAATGCTCAAGGTTTGGTCGTCGATGCTCTGGA  
TTCAAAAAGTAATGTGAGATACTTGTATGTAGAAGATTTAAAGAATTCAC  
CTTCAAACATTACCAAAGCTTATGCTGTACCGTTTGTGTTGGAATTACCA  
GTTGCTAACTCTACAGGTACAGGTTTCTTTCTGAAATTAATATTTACCC  
TAAAAACGTTGTAAGTGAACCAAAAACAGATAAAGATGTTAAATAAT  
TAGGTCAGGACGATGCAGGTTATACGATTGGTGAAGAATTCAAATGGTTC  
TTGAAATCTACAATCCCTGCCAATTTAGGTGACTATGAAAAAATTGAAAT  
TACTGATAAATTTGCAGATGGCTTGACTTATAAATCTGTTGGAAAAATCA  
AGATTGGTTGCAAAAACACTGAATAGAGATGAGCACTACACTATTGATGAA  
CCAACAGTTGATAACCAAAATACATTAAAAATTACGTTTAAACCAgAGAA  
ATTTAAAGAAATTTGCTGAGCTACTTAAAGGAATGACCCCTGTTAAAAATC  
AAGATGCTCTTGATAAAGCTACTGCAAATACAGATGATGCGGCATTTTTG  
GAAATTCAGTTGCATCAACTATTAATGAAAAAGCAGTTTTAGGAAAAGC  
AATTGAAAATACTTTTTGAACCTCAATATGACCATACTCCTGATAAAGCTG  
ACAATCCAAAACCATCTAATCCTCCAAGAAAACAGAAAGTTCTACTGGT  
GGGAAACGATTTGTAAAGAAAGACTCAACAGAAACACAAACACTAGGTGG  
TGCTGAGTTTGATTTGTTGGCTTCTGATGGGACAGCAGTAAATGGACAG  
ATGCTCTTATTAAGCGAATACTAATAAAACTATATTGCTGGAGAAGCT

## SEQUENCE LISTING

GTTACTGGGCAACCAATCAAATTGAAATCACATACAGACGGTACGTTTGA  
 GATTAAAGGTTTGGCTTATGCAGTTGATGCGAATGCAGAGGGTACAGCAG  
 TAACCTTACAAATTAAAGAAACAAAAGCACCAGAAGGTTATGTAATCCCT  
 GATAAGAAATCGAGTTTACAGTATCACAAACATCTTATAATACAAAACC  
 AACTGACATCACGGTTGATAGTGCTGATGCAACACCTGATACAATTA  
 ACAACAAACGTCCTTCA

## SEQ ID NO. 8705

STRAIN M732

GCAGAAGTGTACAAGAACGCCAGCGAAAACAACAGT  
 AAATATCTATAAATTACAAGCTGATAGTTATAAATCGGAAATTACTTCTA  
 ATGGTGGTATCGAGAATAAAGACGGCGAAGTAATATCTAACTATGCTAAA  
 CTTGGTGACAATGTAAGGTTTGCAGGTGTACAGTTTAAACGTTATAA  
 AGTCAAGACGGATATTTCTGTTGATGAATTGAAAAAATTGACAACAGT  
 AAGCAGCAGATGCAAAAGTTGGAACGATTCTTGAAGAAGGTGTCAGTCTA  
 CCTCAAAAACTAATGCTCAAGGTTTGGTCGTCGATGCTCTGGATTCAAA  
 AAGTAAATGTGAGATACTTGTATGTAGAAGATTTAAAGAATTCACCTTCAA  
 ACATTACCAAAGCTTATGCTGTACCGTTTGTGTTGGAATTACCGTTGCT  
 AACTCTACAGGTACAGGTTTCTCTTCTGAAATTAATATTACCCTAAAAA  
 CGTTGTAACTGATGAACCAAAAACAGATAAAGATGTTAAAAAATTAGGTC  
 AGGACGATGCAGGTTATACGATTGGTGAAGAATTCAAATGGTCTTGAAA  
 TCTACAATCCCTGCCAATTTAGGTGACTATGAAAAATTTGAAATTACTGA  
 TAAATTTGCAGATGGCTTGACTTATAAATCTGTTGAAAAATCAAGATTG  
 GTTCGAAAAACACTGAATAGAGATGAGCACTACACTATTGATGAACCAACA  
 GTTGATAACCAAAATACATTAAAAATTACGTTTAAACCAGAGAAATTTAA  
 AGAAATGCTGAGCTACTTAAAGGAATGACCCTTGTAAAAATCAAGATG  
 CTCCTGATAAAGCTACTGCAAAATACAGATGATGCGGCATTTTGGAAATT  
 CCAGTTGCATCAACTATTAAATGAAAAAGCAGTTTGGAAAAAGCAATTGA  
 AAATACTTTTGAACCTTCAATATGACCATACTCCTGATAAAGCTGACAATC  
 CAAAACCATCTAATCCTCCAAGAAAACAGAAAGTTCATACTGGTGGGAAA  
 CGATTGTAAAGAAAGACTCAACAGAAACACAAACACTAGGTGGTGTCTGA  
 GTTTGATTGTGGCTTCTGATGGGACAGCAGTAAATGGACAGATGCTC  
 TTATTAAAGCGAATACTAATAAACTATATTGCTGGAGAAGCTGTACT  
 GGGCAACCAATCAAAATGAAATCACATACAGACGGTACGTTTGAATTAA  
 AGGTTTGGCTTATGCAGTTGATGCGAATGCAGAGGGTACAGCAGTAACTT  
 ACAATTAAGAAACAAAAGCACCAGAAGGTTATGTAATCCCTGATAAA  
 GAAATCGAGTTTACAGTATCACAAACATCTTATAATACAAAACCAACTGA  
 CATCACGGTTGATAGTGCTGATGCAACACCTGATACAATTAACAAACA  
 AACGTCCTTCA

## SEQ ID NO. 8706

STRAIN COH1

GCAGAAGTGTACAAGAACGCCAGCGAAAAC  
 AGCAGTAAATATCTATAAATTACAAGCTGATAGTTATAAATCGGAAATTA  
 CTTnTAATGGTGGTATCGAGAATAAAGACGGCGAAGTAATATCTAACTAT  
 GCTAAACTTGGTGACAATGTAAGGTTTGCAGGTGTACAGTTTAAACG  
 TTATAAAGTCAAGACGGATATTTCTGTTGATGAATTGAAAAAATTGACAA  
 CAGTTGAAGCAGCAGATGCAAAAGTTGGAACGATTCTTGAAGAAGGTGTC  
 AGTCTACCTCAAAAACTAATGCTCAAGGTTTGGTCGTCGATGCTCTGGA  
 TTCAAAAAGTAATGTGAGATACTTGTATGTAGAAGATTTAAAGAATTCAC  
 CTTCAAACATTACCAAAGCTTATGCTGTACCGTTTGTGTTGGAATTACCA  
 GTTGCTAACTCTACAGGTACAGGTTTCTCTTCTGAAATTAATATTACCC  
 TAAAAACGTTGTAACCTGATGAACCAAAAACAGATAAAGATGTTAAAAAAT  
 TAGGTACAGACGATGCAGGTTATACGATTGGTGAAGAATTCAAATGGTTT  
 TTGAAATCTACAATCCCTGCCAATTTAGGTGACTATGAAAAATTTGAAAT  
 TACTGATAAATTTGCAGATGGCTTGACTTATAAATCTGTTGAAAAATCA  
 AGATTGGTTCGAAACACTGAATAGAGATGAGCACTACACTATTGATGAA  
 CCAACAGTTGATAACCAAAATACATTAAAAATTACGTTTAAACCAGAGAA  
 ATTTAAAGAAATGCTGAGCTACTTAAAGGAATGACCCTTGTAAAAATC  
 AAGATGCTCTTGATAAAGCTACTGCAAAATACAGATGATGCGGCATTTTGG  
 GAAATTCAGATTGTCATCAACTATTAATGAAAAAGCAGTTTTAGGAAAAGC  
 AATTGAAATACTTTTGAACCTTCAATATGACCATACTCCTGATAAAGCTG  
 ACAATCCAAAACCATCTAATCCTCCAAGAAAACAGAAAGTTCATACTGGT  
 GGGAAACGATTGTAAAGAAAGACTCAACAGAAACACAAACACTAGGTGG

## SEQUENCE LISTING

TGCTGAGTTTGATTTGTTGGCTTCTGATGGGACAGCAGTAAATGGACAG  
ATGCTCTTATTAAAGCGAATACTAATAAAACTATATTGCTGGAGAAGCT  
GTACTGGGCAACCAATCAAATTGAAATCACATACAGACGGTACGTTTGA  
GATTAAAGGTTTGGCTTATGCAGTTGATGCGAATGCAGAGGGTACAGCAG  
TAACTTACAAATTAAGAAACAAAAGCACCAGAAGGTTATGTAATCCCT  
GATAAGAAATCGAGTTTACAGTATCACAAACATCTATAATACAAAACC  
AACTGACATCAGGTTGATAGTGCTGATGCAACACCTGATACAATTAAAA  
ACAACAACGTCCTTCA

SEQ ID NO. 8707

STRAIN M781

GCAGAAGTGTCACAAGAACGCCAGCGAAAACAG  
CAGTAAATATCTATAAATTACAAGCTGATAGTTATAAATCGGAAATTACT  
TCTAATGGTGGTATCGAGAATAAAGACGGCGAAGTAATATCTAACTATGC  
TAAACTTGGTGACAATGTAAAAGGTTTGCAAGGTGTACAGTTTAAACGTT  
ATAAAGTCAAGACGGATATTTCTGTTGATGAATTGAAAAAATTGACAACA  
GTTGAAGCAGCAGATGCAAAAGTTGGAACGATTCTTGAAGAAGGTGTCAG  
TCTACCTCAAAAACTAATGCTCAAGGTTTGGTCGTCGATGCTCTGGATT  
CAAAAAGTAATGTGAGATACTTGTATGTAGAAGATTAAAGAATTCACTT  
TCAAAACATTACCAAAGCTTATGCTGTACCGTTTGTGTTGGAATTACCACT  
TGCTAACTCTACAGGTACAGGTTTCCTTTCTGAAATTAATATTTACCTTA  
AAAACGTTGTAACTGATGAACCAAAACAGATAAAGATGTTAAAAAATTA  
GGTCAGGACGATGCAGGTTATACGATTGGTGAAGAATTCAAATGGTTCTT  
GAAATCTACAATCCCTGCCAATTTAGGTGACTATGAAAAATTGAAATTA  
CTGATAAATTTGCAGATGGCTTGACTTATAAATCTGTTGGAATAATCAAG  
ATTGGTTTCGAAAACACTGAATAGAGATGAGCACTACACTATTGATGAACC  
AACAGTTGATAACCAAAATACATTAAAAATTACGTTTAAACCAGAGAAAT  
TTAAAGAAATGCTGAGCTACTTAAAGGAATGACCCCTTGTAAAAATCAA  
GATGCTCTTGATAAAGCTACTGCAAATACAGATGATGCGGCATTTTGGA  
AATTCAGTTGCATCAACTATTAATGAAAAAGCAGTTTATAGGAAAAGCAA  
TTGAAAATACTTTTGAACCTCAATATGACCATACTCCTGATAAAGCTGAC  
AATCCAAAACCATCTAATCCTCCAGAAAACAGAAAGTTTATACCTGGTGG  
GAAACGATTTGTAAAGAAAGACTCAACAGAAACACAAACACTAGGTGGTG  
CTGAGTTTGATTTTCTGGCTTCTGATGGGACAGCAGTAAATGGACAGAT  
GCTCTTATTAAGCGAATACTAATAAAAACTATATTGCTGGAGAAGCTGT  
TACTGGGCAACCAATCAAATTGAAATCACATACAGACGGTACGTTTGAGA  
TTAAAGGTTTGGCTTATGCAGTTGATGCGAATGCAGAGGGTACAGCAGTA  
ACTTACAAATTAAGAAAGAAACAAAAGCACCAGAAGGTTATGTAATCCCTGA  
TAAAGAAATCGAGTTTACAGTATCACAAACATCTTATAATACAAAACCAA  
CTGACATCAGGTTGATAGTGCTGATGCAACACCTGATACAATTAAAAAC  
AACAAACGT

SEQ ID NO. 8708

STRAIN CJB110

GCAGAAGTGTCACAAGAACGCCAGCGAA  
AACAGCAGTAAATATCTATAAATTACAAGCTGATAGTTATAAATTGGAAA  
TTACTTCTAATGGTGGTATCGAGAATAAAGACGGCGAAGTAATATCTAAC  
TATGCTAAACTTGGTGACAATGTAAAAGGTTTGCAAGGTGTACAGTTTAA  
ACGTTATAAAGTCAAGACGGATATTTCTGTTGATGAATTGAAAAAATTGA  
CAACAGTTGAAGCAGCAGATGCAAAAGTTGGAACGATTCTTGAAGAAGGT  
GTCAGTCTACCTCAAAAACTAATGCTCAAGGTTTGGTCGTCGATGCTCT  
GGATTCAAAAAGTAATGTGAGATACTTGTATGTAGAAGATTAAAGAATT  
CACCTTCAAACATTACCAAAGCTTATGCTGTACCGTTTGTGTTGGAATTA  
CCAGTTGCTAACTCTACAGGTACAGGTTTCCTTTCTGAAATTAATATTTA  
CCCTAAAAACGTTGTAACCTGATGAACCAAAAACAGATAAAGATGTTAAAA  
AATTAGTTCAGGACGATGCAGGTTATACGATTGGTGAAGAATTCAAATGG  
TTCTTGAAATCTACAATCCCTGCCAATTTAGGTGACTATGAAAAATTGA  
AATTACTGATAAATTTGCAGATGGCTTGACTTATAAATCTGTTGAAAAA  
TCAAGATTGGTTGCAAAAACACTGAATAGAGATGAGCACTACACTATTGAT  
GAACCAACAGTTGATAACCAAAATACATTAAAAATTACGTTTAAACCAGA  
GAAATTTAAAGAAATTTGCTGAGCTACTTAAAGGAATGACCCCTTGTAAAA  
ATCAAGATGCTCTTGATAAAGCTACTGCAAATACAGATGATGCGGCATT  
TTGGAATTCAGTTGCATCAACTATTAATGAAAAAGCAGTTTATAGGAAA  
AGCAATTGAAAATACTTTTGAACCTCAATATGACCATACTCCTGATAAAG

## SEQUENCE LISTING

CTGACAATcCAAACCATCTAATCCTCCAAGAAAACCAGAAGTTCATACT  
 GGTGGGAAACGATTTGTAAAGAAAGACTCAACAGAAACACAAACACTAGG  
 TGGTGCTGAGTTTGATTGTTGGCTTCTGATGGGACAGCAGTAAATGGA  
 CAGATGCTCTTATTAAGCGAATACTAATAAAACTATATTGCTGGAGAA  
 GCTGTTACTGGGCAACCAATCAAATGAAATCACATACAGACGGTACGTT  
 TGAGATTAAAGGTTTGGCTTATGCAGTTGATGCGAATGCAGAGGGTACAG  
 CAGTAACCTTACAAATTAAGAAACAAAAGCACCAGAAGGTTATGTAATC  
 CCTGATAAAGAAATCGAGTTTACAGTATCACAAACATCTTATAATCCAAA  
 ACCAACTGACATCACGGTTGATAGTGCTGATGCAACACCTGATACAATTA  
 AAAACAACAAACGTCCTTCA

## SEQ ID NO. 8709

STRAIN JM9130013

GCAGAAGTGTACAAGAACGCCAGCGAAAACAGCAGTA  
 AATATCTATAAAATTACAAGCTGATAGTTATAAATCGGAAATTACTTCTAA  
 TGGTGGTATCGAGAATAAAGACGGCGAAGTAATATCTAACTATGCTAAAC  
 TTGGTGACAATGTAAAGGTTTGCAGGTGTACAGTTTAAACGTTATAAA  
 GTCAAGACGGATATTTCTGTTGATGAATTGAAAAAATGACAACAGTTGA  
 AGCAGCAGATGCAAAAGTTGGAACGATTCTTGAAGAAGGTGTCAGTCTAC  
 CTCAAAAAATAATGCTCAAGGTTTGGTCGTCGATGCTCTGGATTCAAAA  
 AGTAATGTGAGATACTTGTATGTAGAAGATTTAAAGAATTACCTTCAAA  
 CATTACCAAAGCTTATGCTGTACCGTTTGTGTTGGAATTACCAGTTGCTA  
 ACTCTACAGGTACAGGTTTCTCTTCTGAAATTAATATTTACCCTAAAAAC  
 GTTGTAACCTGATGAACCAAAAACAGATAAAGATGTTAAAAAATTAGGTCA  
 GGACGATGCAGGTTATACGATTGGTGAAGAATTCAAATGGTTCTTGAAAT  
 CTACAATCCCTGCCAATTTAGGTGACTATGA AAAAATTGAAATTACTGAT  
 AAATTTGCAGATGGCTTGACTTATAAATCTGTTGGAAAAATCAAGATTGG  
 TTCGAAAACACTGAATAGAGATGAGCACTACACTATTGATGAACCAACAG  
 TTGATAACCAAAATACATTAAAAAATTACGTTTAAACCAGAGAAATTAA  
 GAAATGCTGAGCTACTTAAAGGAATGACCCTTGTAAAAATCAAGATGC  
 TCTTGATAAAGCTACTGCAAAATACAGATGATGCGGCATTTTGGAAATTC  
 CAGTTGCATCACTATTAATGAAAAAGCAGTTTATAGGAAAAGCAATTGAA  
 AATACTTTGAACCTCAATATGACCACTACTCCTGATAAAGCTGACAATCC  
 AAAACCATCTAATcCTcCAAGAAAACCAGAAGTTCATACTGGTGGGAAAC  
 GATTTGTAAGAAAGACTCAACAGAAACACAAACACTAGGTGGTGTGAG  
 TTTGATTTGTTGGCTTCTGATGGGACAGCAGTAAATGGACAGATGCTCT  
 TATTAAGCGAATACTAATAAAAACTATATTGCTGGAGAAGCTGTTACTG  
 GGCAACCAATCAAATTGAAATCACATACAGACGGTACGTTTGAGATTAAA  
 GGTTTGGCTTATGCAGTTGATGCGAATGCAGAGGGTACAGCAGTAACCTTA  
 CAAATTAAGAAACAAAAGCACCAGAAGGTTATGTAATCCCTGATAAAG  
 AAATCGAGTTTACAGTATCACAAACATCTTATAATACAAAACCAACTGAC  
 ATCAGGTTGATAGTGCTGATGCAACACCTGATACAATTA AAAACAACAA  
 ACGTCCTTCA

## SEQ ID NO. 8710

STRAIN 2603 frame: 1

MKLSKKLLFSAAVLTMVAGSTVEPVAQFATGMSIVRAAEVSQERPAKTTVNIYKLQADSY  
 KSEITSNGGIENKDGEVISNYAKLGDNVKGLQGVQFKRYKVKTDISVDELKKLTVEAAD  
 AKVGTILEEGVSLPQKTNAQGLVVDALDSKSNVRYLYVEDLKNSPSNITKAYAVPFVLEL  
 PVANSTGTGFLSEINIYPKNVVTDEPKTDKDVKKLGQDDAGYTTIGEEFKWFLKSTIPANL  
 GDYKFEITDKFADGLTYKSVGKIKIGSKTLNRDEHYTIDEPTVDNQNTLKITFKPEKFK  
 EIAELLKGMTLVKNQDALDKATANTDDAAFLIIPVASTINEKAVLGKAIENTFELQYDHT  
 PDKADNPKNPNPRKPEVHTGGKRFVKKDSTETQTLGGAEFDLLASDGTAVKWTDALIKA  
 NTNKNYIAGEAVTGQPIKLSHTDGTFEIKGLAYAVDANAEGTAVTYKLKETKAPEGYVI  
 PDKEIEFTVSQTSYNTKPTDITVDSADATPDTIKNNKRPSIPNTGGIGTAIFVAIGAAM  
 AFAVKGMKRRTKDN

## SEQ ID NO. 8711

STRAIN 090 frame: 1

AEVSQERPAKTAVNIIYKLQADSYKSEITSNGGIENKDGEVISNYAKLGDNVKGLQGVQFK  
 RYKVKTDISVDELKKLTVEAADAKVGTILEEGVSLPQKTNAQGLVVDALDSKSNVRYLY  
 VEDLKNSPSNITKAYAVPFVLELPVANSTGTGFLSEINIYPKNVVTDEPKTDKDVKKLGQ  
 DDAGYTTIGEEFKWFLKSTIPANLGDYKFEITDKFADGLTYKSVGKIKIGSKTLNRDEHY  
 TIDEPTVDNQNTLKITFKPEKFEIAELLKGMTLVKNQDALDKATANTDDAAFLIIPVAS

## SEQUENCE LISTING

TINEKAVLGKAIENFELQYDHTPDKADNPKPSNPPRKPEVHTGGKRFFVKKDDSTETQTLG  
GAEFDLLASDGTAVKWTDALIKANTNKNYIAGEAVTGQPIKLSHTDGTFEIKGLAYAVD  
ANAEGTAVTYKLKETKAPEGYVIPDKEIEFTVSQTSYNTKPTDITVDSADATPDTIKNNK  
RPS

## SEQ ID NO. 8712

STRAIN 18RS21 frame: 1

AEVSQERPAKTAVNIYKLOADSYKSEITSNGGIENKDGEVISNYAKLGDNVKGLQGVQFK  
RYKVKTDISVDELKKLTTVEAADAKVGTILEEGVSLPQKTNAQGLVVDALDSKSNVRYLY  
VEDLKNPSNITKAYAVPFVLELPVANSTGTGFLSEINIYPKNVVTDEPKTDKDVK.LGQ  
DDAGYTIGEEFKWFLKSTIPANLGDYEKFEITDKFADGLTYKSVGKIKIGSKTLNRDEHY  
TIDEPTVDNQNTLKITFKPEKFEIAELLKGMTLVKNQDALDKATANTDDAAFLEIPVAS  
TINEKAVLGKAIENFELQYDHTPDKADNPKPSNPPRKPEVHTGGKRFFVKKDDSTETQTLG  
GAEFDLLASDGTAVKWTDALIKANTNKNYIAGEAVTGQPIKLSHTDGTFEIKGLAYAVD  
ANAEGTAVTYKLKETKAPEGYVIPDKEIEFTVSQTSYNTKPTDITVDSADATPDTIKNNK  
RPS

## SEQ ID NO. 8713

STRAIN M732 frame: 1

AEVSQERPAKTAVNIYKLOADSYKSEITSNGGIENKDGEVISNYAKLGDNVKGLQGVQFK  
RYKVKTDISVDELKKLTTVEAADAKVGTILEEGVSLPQKTNAQGLVVDALDSKSNVRYLY  
VEDLKNPSNITKAYAVPFVLELPVANSTGTGFLSEINIYPKNVVTDEPKTDKDVKKLGQ  
DDAGYTIGEEFKWFLKSTIPANLGDYEKFEITDKFADGLTYKSVGKIKIGSKTLNRDEHY  
TIDEPTVDNQNTLKITFKPEKFEIAELLKGMTLVKNQDALDKATANTDDAAFLEIPVAS  
TINEKAVLGKAIENFELQYDHTPDKADNPKPSNPPRKPEVHTGGKRFFVKKDDSTETQTLG  
GAEFDLLASDGTAVKWTDALIKANTNKNYIAGEAVTGQPIKLSHTDGTFEIKGLAYAVD  
ANAEGTAVTYKLKETKAPEGYVIPDKEIEFTVSQTSYNTKPTDITVDSADATPDTIKNNK  
RPS

## SEQ ID NO. 8714

STRAIN M781 frame: 1

AEVSQERPAKTAVNIYKLOADSYKSEITSNGGIENKDGEVISNYAKLGDNVKGLQGVQFK  
RYKVKTDISVDELKKLTTVEAADAKVGTILEEGVSLPQKTNAQGLVVDALDSKSNVRYLY  
VEDLKNPSNITKAYAVPFVLELPVANSTGTGFLSEINIYPKNVVTDEPKTDKDVKKLGQ  
DDAGYTIGEEFKWFLKSTIPANLGDYEKFEITDKFADGLTYKSVGKIKIGSKTLNRDEHY  
TIDEPTVDNQNTLKITFKPEKFEIAELLKGMTLVKNQDALDKATANTDDAAFLEIPVAS  
TINEKAVLGKAIENFELQYDHTPDKADNPKPSNPPRKPEVHTGGKRFFVKKDDSTETQTLG  
GAEFDLLASDGTAVKWTDALIKANTNKNYIAGEAVTGQPIKLSHTDGTFEIKGLAYAVD  
ANAEGTAVTYKLKETKAPEGYVIPDKEIEFTVSQTSYNTKPTDITVDSADATPDTIKNNK  
R

## SEQ ID NO. 8715

STRAIN COH1 frame: 1

AEVSQERPAKTAVNIYKLOADSYKSEITXNGGIENKDGEVISNYAKLGDNVKGLQGVQFK  
RYKVKTDISVDELKKLTTVEAADAKVGTILEEGVSLPQKTNAQGLVVDALDSKSNVRYLY  
VEDLKNPSNITKAYAVPFVLELPVANSTGTGFLSEINIYPKNVVTDEPKTDKDVKKLGQ  
DDAGYTIGEEFKWFLKSTIPANLGDYEKFEITDKFADGLTYKSVGKIKIGSKTLNRDEHY  
TIDEPTVDNQNTLKITFKPEKFEIAELLKGMTLVKNQDALDKATANTDDAAFLEIPVAS  
TINEKAVLGKAIENFELQYDHTPDKADNPKPSNPPRKPEVHTGGKRFFVKKDDSTETQTLG  
GAEFDLLASDGTAVKWTDALIKANTNKNYIAGEAVTGQPIKLSHTDGTFEIKGLAYAVD  
ANAEGTAVTYKLKETKAPEGYVIPDKEIEFTVSQTSYNTKPTDITVDSADATPDTIKNNK  
RPS

## SEQ ID NO. 8716

STRAIN CJB110 frame: 1

AEVSQERPAKTAVNIYKLOADSYKLEITSNGGIENKDGEVISNYAKLGDNVKGLQGVQFK  
RYKVKTDISVDELKKLTTVEAADAKVGTILEEGVSLPQKTNAQGLVVDALDSKSNVRYLY  
VEDLKNPSNITKAYAVPFVLELPVANSTGTGFLSEINIYPKNVVTDEPKTDKDVKKLGQ  
DDAGYTIGEEFKWFLKSTIPANLGDYEKFEITDKFADGLTYKSVGKIKIGSKTLNRDEHY  
TIDEPTVDNQNTLKITFKPEKFEIAELLKGMTLVKNQDALDKATANTDDAAFLEIPVAS  
TINEKAVLGKAIENFELQYDHTPDKADNPKPSNPPRKPEVHTGGKRFFVKKDDSTETQTLG  
GAEFDLLASDGTAVKWTDALIKANTNKNYIAGEAVTGQPIKLSHTDGTFEIKGLAYAVD  
ANAEGTAVTYKLKETKAPEGYVIPDKEIEFTVSQTSYNTKPTDITVDSADATPDTIKNNK  
RPS

## SEQUENCE LISTING

## SEQ ID NO. 8717

STRAIN JM9130013 frame: 1

AEVSQERPAKTAVNIYKLOADSYKSEITSNGGIENKDGEVISNYAKLGDNVKGLQGVQFK  
 RYKVKTDISVDELKLTVEAADAKVGTILEEGVSLPQKTNAQGLVVDALDSKSNVRYLY  
 VEDLKNSPSNITKAYAVPFVLELPVANSTGTGFLSEINIYPKNVVTDEPKTDKDVKKLGQ  
 DDAGYTTIGEEFKWFLKSTIPANLGDYEKFEITDKFADGLTYKSVGKIKIGSKTLNRDEHY  
 TIDEPTVDNQNTLKITFKPEKFKEIAELLKGMTLVKNQDALDKATANTDDAAFLIIPVAS  
 TINEKAVLGKAIENTFELQYDHTPKADNPKPSNPPRKPEVHTGGKRFVKKDSTETQTLG  
 GAEFDLLASDGTAVKWTDALIKANTKNYIAGEAVTGQPIKLKSHTDGTFEIKGLAYAVD  
 ANAEGTAVTYKLKETKAPEGYVIPDKEIEFTVSQTSYNTKPTDITVDSADATPDTIKNNK  
 RPS

## SEQ ID NO. 8718

STRAIN A909 frame: 1

AEVSQERPAKTTVNIYKLOADSYKSEITSNGGIENKDGEVISNYAKLGDNVKGLQGVQFK  
 RYKVKTDISVDELKLTVEAADAKVGTILEEGVSLPQKTNAQGLVVDALDSKSNVRYLY  
 VEDLKNSPSNITKAYAVPFVLELPVANSTGTGFLSEINIYPKNVVTDEPKTDKDVKKLGQ  
 DDAGYTTIGEEFKWFLKSTIPANLGDYEKFEITDKFADGLTYKSVGKIKIGSKTLNRDEHY  
 TIDEPTVDNQNTLKITFKPEKFKEIAELLKGMTLVKNQDALDKATANTDDAAFLIIPVAS  
 TINEKAVLGKAIENTFELQYDHTPKADNPKPSNPPRKPEVHTGGKRFVKKDSTETQTLG  
 GAEFDLLASDGTAVKWTDALIKANTKNYIAGEAVTGQPIKLKSHTDGTFEIKGLAYAVD  
 ANAEGTAVTYKLKETKAPEGYVIPDKEIEFTVSQTSYNTKPTDITVDSADATPDTIKNN

## SEQ ID NO. 8801

STRAIN 2603

ATGCCTAAGAAGAAATCAGATACCCAGAAAAAGAAGTGTCTTAACGGAATGGCAA  
 AAGCGTAACCTTGAATTTTTAAAAAAACGCAAGAGATGAAGAAGAACAAAAACGTATT  
 AACGAAAAATTACGCTTAGATAAAAGAAGTAAATTAAATATTTCTTCTCCTGAAGAACCT  
 CAAAATACTACTAAATTAAGAAGCTTCATTTTCAAAGATTTCAAGACCTAAGATTGAA  
 AAGAAACAGAAAAAAGAAAAATAGTCAACAGCTTAGCCAAAATAATCGCATTAGAAT  
 GCACCTATATTTGTAGTAGCATTCTAGTCATTTTAGTTTCCGTTTTCTACTAACTCCT  
 TTTAGTAAGCAAAAAACAATAACAGTTAGTGGAAATCAGCATACACCTGATGATATTTTG  
 ATAGAGAAAAAGCAATATTCAAAAAACGATTATTTCTTTCTTTAATTTTTAAACATAAA  
 GCTATTGAACAACGTTTAGCTGCAGAAGATGTATGGGTAAAAACAGCTCAGATGACTTAT  
 CAATTTCCCAATAAGTTTCATATTCAAGTTCAAGAAAATAAGATTATTGCATATGCACAT  
 ACAAGCAAGGATATCAACCTGTCTTGGAAGCTGGAAGAAAGGCTGATCCTGTAAATAGT  
 TCAGAGCTACCAAGCACTTCTTAACAATTAACCTTGATAAGGAAGATAGTATTAAGCTA  
 TTAATTAAGATTTAAAGGCTTTAGACCTGATTTAATAAGTGAGATTCAAGTGATAAGT  
 TTAGCTGATTCTAAACGACACCTGACCTCCTGCTGTAGATATGCACGATGGAAATAGT  
 ATTGAATACCATTTATCTAAATTTAAAGAAAGACTTCCTTTTACAAACAAATTAAGAAG  
 AACCTTAAGGAACCTTCTATTTGTTGATATGGAAGTGGGAGTTTACACAACAACAATACC  
 ATTGAATCAACCCCTGTAAAGCAGAAGATACAAAAATAAATCAACTGATAAAACACAA  
 ACACAAAATGCTCAGGTTGCGGAAAATAGTCAAGGACAAACAAATAACTCAAATACTAAT  
 CAACAAGGACAACAGATAGCAACAGAGCAGGCACCTAACCTCAAATGTTAAT

## SEQ ID NO. 8802

STRAIN H36B

CCTAAGAAGAAATCAGATACCCAGAAAAAGAAGTGT  
 GTCTTAACGGAATGGCAAAAGCGTAACCTTGAATTTTTAAAAAAACGCAA  
 AGAAGATGAAGAAGAACAAAAACGTATTAAACGAAAAATTACGCTTAGATA  
 AAAGAAGTAAATTAATATTTCTTCTCCTGAAGAACCTCAAATACTACT  
 AAAATTAAGAAGCTTCATTTTCAAAGATTTCAAGACCTAAGATTGAAAA  
 GAAACAGAAAAAAGAAAAATAGTCAACAGCTTAGCCAAAATAATCGCA  
 TTAGAAGCTGCACCTATATTTGTAGTAGCATTCTAGTCATTTTAGTTTCC  
 GTTTTCTACTAACTCCTTTTAGTAAGCAAAAAACAATAACAGTTAGTGG  
 AAATCAGCATACACCTGATGATATTTGATAGAGAAAACGAATATTCAAA  
 AAAACGATTATTTCTTTCTTTAATTTTTAAACATAAAGCTATTGAACAA  
 CGTTTAGCTGCAGAAGATGTATGGGTAAAAACAGCTCAGATGACTTATCA  
 ATTTCCCAATAAGTTTTCATATTCAAGTTCAAGAAAATAAGATTATTGCAT  
 ATGCACATACAAAGCAAGGATATCAACCTGTCTTGGAAGCTGGAAGAAAG  
 GCTGATCCTGTAAATAGTTCAAGAGCTACCAAGCACTTCTTAACAATTAA  
 CCTTGATAAGGAAGATAGTATTAAGCTATTAATTAAGATTTAAAGGCTT  
 TAGACCTGATTTAATAAGTGAGATTCAAGTGATAAGTTTAGCTGATTCT

## SEQUENCE LISTING

AAAACGACACCTGACCTCCTGCTGTTAGATATGCACGATGGAAATAGTAT  
TAGAATACCATTATCTAAATTTAAAGAAAGACTTCCTTTTACAAACAAA  
TTAAGAAGAACCTTAAGGAACCTTCTATTGTTGATATGGAAGTGGGAGTT  
TACACAACAACAAATACCATTTGAATCAACCCCTGTTAAAGCAGAAGATAC  
AAAAAATAAATCAACTGATAAAACACAAACACAAATGGTCAGGTTGCGG  
AAAATAGTCAAGGACAAACAAATAACTCAAATACTAATCAACAAGGACAA  
CAGATAGCAACAGAGCAGGCACCTAACCTCAAATGTTAAT

SEQ ID NO. 8803

STRAIN 18RS21

CCTAAGAAGAAATCAGATACCCAGAAAAAGAAGAAGTT  
GTCTTAACGGAATGGCAAAAGCGTAACCTTGAATTTTTAAAAAACGCAA  
AGAAGATGAAGAAGAACAAAAACGTATTACGAAAAATTACGCTTAGATA  
AAAGAAGTAAATTAATATTTCTTCTCCTGAAGAACCTCAAATACTACT  
AAAATTAAGAAGCTTCATTTCCAAAGATTTCAAGACCTAAGATTGAAAA  
GAAACAGAAAAAGAAAAATAGTCAACAGCTTAGCCAAAATAATCGCA  
TTAGAAGTCACCTATATTTGTAGTAGCATTCCTAGTCATTTTAGTTTCC  
GTTTTCTACTAATCTTTTAGTAAGCAAAAAACAATAACAGTTAGTGG  
AAATCAGCATACACCTGATGATATTTTGATAGAGAAAACGAATATTCAAA  
AAAACGATTATTTCTTTCTTTAATTTTAAACATAAAGCTATTGAACAA  
CGTTTAGCTGCAGAAGATGTATGGGTAAAACAGCTCAGATGACTTATCA  
ATTTCCCAATAAGTTTCATATTCAAGTTCAAGAAAATAAGATTATTGCAT  
ATGCACATACAAAGCAAGGATATCAACCTGTCTTGGAAGCTGGAAAAAG  
GCTGATCCTGTAAATAGTTTCAAGCTACCAAAGCACTTCTTAACAATTAA  
CCTTGATAAGGAAGATAGTATTAAGCTATTAATTAAAGATTTAAAGGCTT  
TAGACCCTGATTTAATAAGTGAGATTCAAGGTGATAAGTTTAGCTGATTCT  
AAAACGACACCTGACCTCCTGCTGTTAGATATGCACGATGGAAATAGTAT  
TAGAATACCATTATCTAAATTTAAAGAAAGACTTCCTTTTACAAACAAA  
TTAAGAAGAACCTTAAGGAACCTTCTATTGTTGATATGGAAGTGGGAGTT  
TACACAACAACAAATACCATTTGAATCAACCCCTGTTAAAGCAGAAGATAC  
AAAAAATAAATCAACTGATAAAACACAAACACAAATGGTCAGGTTGCGG  
AAAATAGTCAAGGACAAACAAATAACTCAAATACTAATCAACAAGGACAA  
CAGATAGCAACAGAGCAGGCACCTAACCTCAAATGTTAAT

SEQ ID NO. 8804

STRAIN M732

CCTAAGAAGAAATCAGATACCCAGAAAAAGAAGAAG  
TTGTCTTAACGGAATGGCAAAAGCGTAACCTTGAATTTTTAAAAAACGCG  
AAAGAAGATGAAGAAGAACAAAAACGTATTACGAAAAATTACGCTTAGA  
TAAAGAAGTAAATTAATATTTCTTCTCCTGAAGAACCTCAAATACTA  
CTAAAATTAAGAAGCTTCATTTCCAAAGATTTCAAACCTAAGATTGAA  
AAGAAACAGAAAAAAGAAAAAATAGTCAACAGCTTAGCCAAAATAATCG  
CATTAGAAGTCACCTATATTTGTAGTAGCATTCCTAGTCATTTTAGTTT  
CCGTTTTCTACTAATCTTTTAGTAAGCAAAAAACAATAACAGTTAGT  
GGAAATCAGCATACACCTGATGATATTTGATAGAAAAACGAATATTCA  
AAAAACGATTATTTCTTTCTTTAATTTTAAACATAAAGCTATTGAAC  
AACGTTTAGCTGCAGAAGATGTATGGGTAAAACAGCTCAGATGACTTAT  
CAATTTCCCAATAAGTTTCATATTCAAGTTCAAGAAAATAAGATTATTGC  
ATATGCACATACAAAGCAAGGATATCAGCCTGTCTTGGAAGCTGGAAAAA  
AGGCTGATCCTGTAAATAGTTCAAGCTACCAAAGCACTTCTTAACAATT  
AACCTTGATAAGGAAGATAGTATTAAGCTATTAATTAAAGATTTAAAGGC  
TTTAGACCCTGATTTAATAAGTGAGATTCAAGGTGATAAGTTTAGCTGATT  
CTAAAACGACACCTGACCTCCTGCTGTTAGATATGCATGATGGAAATAGT  
ATTAGAATACCATTATCTAAATTTAAAGAAAGACTTCCTTTTACAAACA  
AATTAAGAAGAACCTTAAGGAACCTTCTATTGTTGATATGGAAGTGGGAG  
TTTACACAACAACAAGTACTATTGAATCAACCCCTGTGAAAGCGGAAGAT  
ACAAAAAATAAATCAACTGATAAAACACAAACACAAATGGTCAGGTTGC  
GGAAAATAGTCAAGGACAAACAAATAACTCAAATACTAATCAACAAGGAC  
AACAGATAGCAACAGAGCAGGCACCCAACCTCAAATGTTAAT

SEQ ID NO. 8805

STRAIN COH1

CCTAAGAAGAAATCAGATACCCAGAAAAAGAAGAAGTT  
GTCTTAACGGAATGGCAAAAGCGTAACCTTGAATTTTTAAAAAACGCAA



## SEQUENCE LISTING

AGAAGATGAAGAAGAACAAAAACGTATTAAACGAAAAATTACGCTTAGATA  
AAAGAAGTAAATTAATATTTCTTCTCCTGAAGAACCTCAAAATACTACT  
AAAATTAAGAAGCTTCATTTTCCAAAGATTCAAAACCTAAGATTGAAAA  
GAAACAGAAAAAAGAAAAATAGTCAACAGCTTAGCCAAAACCTAATCGCA  
TTAGAAGTGCACCTATATTTGTAGTAGCATTCCTAGTCATTTTAGTTTCC  
GTTTTCTACTAACTCCTTTTAGTAAGCAAAAAACAATAACAGTTAGTGG  
AAATCAGCATACACCTGATGATATTTTGATAGAAAAACGAATATTCAA  
AAAACGATTATTTCTTTCTTTAATTTTAAACATAAAGCTATTGAACAA  
CGTTTAGCTGCAGAAGATGTATGGGTAAAAACAGCTCAGATGACTTATCA  
ATTTCCCAATAAGTTTCATATTCAAGTTCAAGAAAAATAAGATTATTGCAT  
ATGCACATACAAAGCAAGGATATCAGCCTGTCTTGAAACTGGAAAAAG  
GCTGATCCTGTAATAGTTCAGAGCTACCAAGCACTTCTTAACAATTAA  
CCTTGATAAGGAAGATAGTATTAAGCTATTAATTAAGATTAAAGGCTT  
TAGACCTGATTTAATAAGTGAGATTAGGTGATAAGTTAGCTGATTCT  
AAAACGACACCTGACCTCCTGCTGTTAGATATGCATGATGGAAATAGTAT  
TAGAATACCATTATCTAAATTTAAGAAAGACTTCCTTTTACAAACAAA  
TTAAGAAGAACCTTAAGGAACCTTCTATTGTTGATATGGAAGTGGGAGTT  
TACACAACAACAAGTACTATTGAATCAACCCCTGTGAAAGCGGAAGATAC  
AAAAAATAAATCAACTGATAAAACACAAACACAAAATGGTCAGGTTGCCG  
AAAATAGTCAAGGACAAACAAATAACTCAAATACTAATCAACAAGGACAA  
CAGATAGCAACAGAGCAGGCACCCAACCCTCAAATGTTAAT

SEQ ID NO. 8806

STRAIN M781

CCTAAGAAGAAATCAGATACCCAGAAAAAGAAGAAG  
TTGTCTTAACGGAATGGCAAAAGCGTAACCTTGAATTTTAAAAAACGC  
AAAGAAGATGAAGAAGAACAAAAACGTATTAAACGAAAAATTACGCTTAGA  
TAAAGAAGTAAATTAATATTTCTTCTCCTGAAGAACCTCAAAATACTA  
CTAAATTAAGAAGCTTCATTTTCCAAAGATTTCAAAACCTAAGATTGAA  
AAGAAACAGAAAAAGAAAAATAGTCAACAGCTTAGCCAAAACCTAATCG  
CATTAGAAGTGCACCTATATTTGTAGTAGCATTCCTAGTCATTTTAGTTT  
CCGTTTTCTACTAACTCCTTTTAGTAAGCAAAAAACAATAACAGTTAGT  
GGAAATCAGCATACACCTGATGATATTTTGATAGAAAAACGAATATTCA  
AAAAACGATTATTTCTTTCTTTAATTTTAAACATAAAGCTATTGAAC  
AACGTTTAGCTGCAGAAGATGTATGGGTAAAAACAGCTCAGATGACTTAT  
CAATTTCCCAATAAGTTTCATATTCAAGTTCAAGAAAAATAAGATTATTGC  
ATATGCACATACAAAGCAAGGATATCAGCCTGTCTTGAAACTGGAAAA  
AGGCTGATCCTGTAAATAGTTCAGAGCTACCAAGCACTTCTTAACAATT  
AACCTTGATAAGGAAGATAGTATTAAGCTATTAATTAAGATTAAAGGC  
TTTAGACCTGATTTAATAAGTGAGATTAGGTGATAAGTTTAGCTGATT  
CTAAAACGACACCTGACCTCCTGCTGTTAGATATGCATGATGGAAATAGT  
ATTAGAATACCATTATCTAAATTTAAGAAAGACTTCCTTTTACAAACA  
AATTAAGAAGAACCTTAAGGAACCTTCTATTGTTGATATGGAAGTGGGAG  
TTTACACAACAACAAGTACTATTGAATCAACCCCTGTGAAAGCGGAAGAT  
ACAAAAATAAATCAACTGATAAAACACAAACACAAAATGGTCAGGTTGC  
GGAAAAATAGTCAAGGACAAACAAATAACTCAAATACTAATCAACAAGGAC  
AACAGATAGCAACAGAGCAGGCACCCAACCCTCAAATGTTAAT

SEQ ID NO. 8807

STRAIN CJB110

CCTAAGAAGAAATCAGATACCCAGAAAAAGAAGAAG  
TTGTCTTAACGGAATGGCAAAAGCGTAACCTTGAATTTTAAAAAACGC  
AAAGAAGATGAAGAAGAACAAAAACGTATTAAACGAAAAATTACGCTTAGA  
TAAAGAAGTAAATTAATATTTCTTCTCCTGAAGAACCTCAAAATACTA  
CTAAATTAAGAAGCTTCATTTTCCAAAGATTTCAAAACCTAAGATTGAA  
AAGAAACAGAAAAAGAAAAATAGTCAACAGCTTAGCCAAAACCTAATCG  
CATTAGAAGTGCACCTATATTTGTAGTAGCATTCCTAGTCATTTTAGTTT  
CCGTTTTCTACTAACTCCTTTTAGTAAGCAAAAAACAATAACAGTTAGT  
GGAAATCAGCATACACCTGATGATATTTTGATAGAAAAACGAATATTCA  
AAAAACGATTATTTCTTTCTTTAATTTTAAACATAAAGCTATTGAAC  
AACGTTTAGCTGCAGAAGATGTATGGGTAAAAACAGCTCAGATGACTTAT  
CAATTTCCCAATAAGTTTCATATTCAAGTTCAAGAAAAATAAGATTATTGC  
ATATGCACATACAAAGCAAGGATATCAGCCTGTCTTGAAACTGGAAAA  
AGGCTGATCCTGTAAATAGTTCAGAGCTACCAAGCACTTCTTAACAATT

## SEQUENCE LISTING

AACCTTGATAAGGAAGATAGTATTAAGCTATTAATTAAGATTTAAAGGC  
TTTAGACCTGATTTAATAAGTGAGATTGAGGTGATAAGTTAGCTGATT  
CTAAACGACACCTGACCTCCTGCTGTTAGATATGCATGATGGAATAGT  
ATTAGAATACCATTATCTAAATTTAAAGAAAGACTTCCTTTTACAAACA  
AATTAAGAAGAACCTTAAGGAACCTTCTATTGTTGATATGGAAGTGGGAG  
TTTACACAACAACAAGTACTATTGAATCAACCCCTGTGAAAGCGGAAGAT  
ACAAAAATAAATCAACTGATAAAACACAAACACAAATGGTCAGGTTGC  
GAAAAATAGTCAAGGACAAACAAATAACTCAAATACTAATCAACAAGGAC  
AACAGATAGCAACAGAGCAGGCACCCAACCTCAAAATGTTAAT

SEQ ID NO. 8808

STRAIN 1169NT

CCTAAGAAGAAATCAGATACCCAGAAAAAGAAGAAGT  
TGTCTTAACGGAATGGCAAAAGCGTAACCTTGAATTTTAAAAAACGCA  
AAGAAGATGAAGAAGAACAAAAACGTATTAACGAAAAATTACGCTTAGAT  
AAAAGAAGTAAATTAATATTTCTTCTCCTGAAGAACCTCAAAATACTAC  
TAAATTAAGAAGCTTCATTTTCCAAAGATTTCAAACCTAAGATTGAAA  
AGAAACAGAAAAAAGAAAAAATAGTCAACAGCTTAGCCAAAACCTAATCGC  
ATTAGAAGTGCACCTATATTTATAGTAGCATTCTTAGTCATTTTAGTTTC  
CGTTTCTCTACTAATCTCTTTTAGTAAGCAAAAAACAATAACAGTTAGTG  
GAAATCAGCATACACCTGATGATATTTTGATAGAGAAAACGAATATTCAA  
AAAAACGATTATTTCTTTCTTTAATTTTAAACATAAAGCTATTGAACA  
ACGTTTAGCTGCAGAAGATGTATGGGTAAAAACAGCTCAGATGACTTATC  
AATTTCCCAACAAGTTTCATATTCAGGTTCAAGAAAAAAGATTATGCA  
TATGCACATACAAAGCAAGGATATCAGCCTGTCTTGAAACTGGAAAAA  
GGCTGATCCTGTAAATAGTTTCAAGCTACCAAAGCACTTCTTAACAATTA  
ACCTTGATAAGGAAGATAGTATTAAGCTATTAATTAAGATTTAAAGGCT  
TTAGACCTGATTTAATAAGTGAGATTGAGGTGATAAGTTTAGCTGATTC  
TAAACGACACCTGACCTCCTGCTGTTAGATATGCACGATGGAATAGTA  
TTAGAATACCATTATCTAAATTTAAAGAAAGACTTCCTTTTTACAAACAA  
ATTAAGAAGAACCTTAAGGAACCTTCTATTGTTGATATGGAAGTGGGAGT  
TTACACAACAACAAGTACTATTGAATCAACCCCTGTGAAAGCGGAAGATA  
CAAAAAATAAATCAACTGATAAAACACAAACCCAAAATGGTCAGGTTGCG  
GAAAAATAGTCAAGGACAAACAAATAACTCAAATACTAATCAACAAGGACA  
ACAACAGATAGCAACGGAGCAGGCACCCAACCTCAAAATGTTAAT

SEQ ID NO. 8809

STRAIN JM9130013

CCTAAGAAGAAATCAGATACCCAGAAAAAGAAGAAGT  
GTCTTAACGGAATGGCAAAAGCGTAACCTTGAATTTTAAAAAACGCAA  
AGAAGATGAAGAAGAACAAAAACGTATTAACGAAAAATTACGCTTAGATA  
AAAGAAGTAAATTAATATTTCTTCTCCTGAAGAACCTCAAAATACTACT  
AAAATTAAGAAGCTTCATTTTCCAAAGATTTCAAGACCTAAGATTGAAAA  
GAAACAGAAAAAAGAAAAAATAGTCAACAGCTTAGCCAAAACCTAATCGCA  
TTAGAAGTGCACCTATATTTGTAGTAGCATTCTTAGTCATTTTAGTTTCC  
GTTTTCTCTACTAATCTCTTTTAGTAAGCAAAAAACAATAACAGTTAGTGG  
AAATCAGCATACACCTGATGATATTTTGATAGAGAAAACGAATATTCAA  
AAAACGATTATTTCTTTTCTTTAATTTTAAACATAAAGCTATTGAACAA  
CGTTTAGCTGCAGAAGATGTATGGGTAAAAACAGCTCAGATGACTTATCA  
ATTTCCCAATAAGTTTCATATTCAGTTCAAGAAAAAAGATTATTGCAT  
ATGCACATACAAAGCAAGGATATCAACCTGTCTTGAAACTGGAAAAAAG  
GCTGATCCTGTAAATAGTTTCAAGCTACCAAAGCACTTCTTAACAATTA  
CCTTGATAAGGAAGATAGTATTAAGCTATTAATTAAGATTTAAAGGCTT  
TAGACCTGATTTAATAAGTGAGATTGAGGTGATAAGTTTAGCTGATTCT  
AAAACGACACCTGACCTCCTGCTGTTAGATATGCACGATGGAATAGTAT  
TAGAATACCATTATCTAAATTTAAAGAAAGACTTCCTTTTTACAAACAAA  
TTAAGAAGAACCTTAAGGAACCTTCTATTGTTGATATGGAAGTGGGAGTT  
TACACAACAACAATACCATTGAATCAACCCCTGTAAAGCAGAAGATAC  
AAAAAATAAATCAACTGATAAAACACAAACACAAAATGGTCAGGTTGCGG  
AAAATAGTCAAGGACAAACAAATAACTCAAATACTAATCAACAAGGACAA  
CAGATAGCAACAGAGCAGGCACCTAACCTCAAAATGTTAAT

SEQ ID NO. 8810

STRAIN A909

## SEQUENCE LISTING

CCTAAGAAGAAATCAGATACCCAGAAAAAGAAGATTGTC  
TTAACGGAATGGCAAAAGCGTAACCTTGAATTTTTaAAAAACGCAAGA  
AGATGAAGAAGAAaCAAAAACGTATTACGAAAAATTACGCTTAGATAAAA  
GAAGTAAATTAATATTTCTCTCCTGAAGAACCTCAAAATACTACTAAA  
ATTAAGAAGCTTCATTTTCCAAAGATTTCAAGACCTAAGATTGAAAAGAA  
ACAGAAAAAAGAAAAATAGTCAACAGCTTAGCCAAAACATAATCGCATT  
GAAGTGCACCTATATTTGTAGTAGCATTCTAGTCATTTTAGTTTCCGTT  
TTCTACTAATCTCTTTTAGTAAGCAAAAAACAATAACAGTTAGTGGAAA  
TCAGCATACACCTGATGATATTTGATAGAGAAAAACGAATATTCAAAAA  
ACGATTATTTCTTTTCTTAATTTTTAAACATAAAGCTATTGAACAACGT  
TTAGCTGCAGAAGATGTATGGGTAAAAACAGCTCAGATGACTTATCAATT  
TCCAATAAGTTTCATATTCAGTTCAAGAAAATAAGATTATTCATATG  
CACATACAAAGCAAGGATATCAACCTGTCTTGGAACCTGGAAAAAGGCT  
GATCCTGTAAATAGTTTCAGAGCTACCAAGCACTTCTTAACAATTAACCT  
TGATAAGGAAGATAGTATTAAGCTATTAATTAAAGATTAAAGGCTTTAG  
ACCCTGATTTAATAAGTGAGATTGAGGTGATAAGTTTAGCTGATTCTAAA  
ACGACACCTGACCTCCTGCTGTAGATATGCACGATGGAATAGTATTAs  
AATACCATTATCTAAATTTAAAGAAAGACTTCCTTTTTACAAACAAATTA  
AGAAGAACCTTAAGGAACCTTCTATTGTTGATATGGAAGTGGGAGTTTAC  
ACAACAACAAATACCATTAATCAACCCCTGTTAAAGCAGAAGATACAAA  
AAATAAATCAACTGATAAAACACAACmCACAAAATGGTCAGGTTGCGGAAA  
ATAGTCAAGGACAAACAAATAACTCAATACTAATCAACAAGGACAACAG  
ATAGCAACAGAGCAGGCACCTAACCTCAAAATGTTAAT

SEQ ID NO. 8811

STRAIN 090

TAAGAAGAAATCAGATACCCAGAAAAAGAAGTTGTCTTAACGGAAT  
GGCAAAAGCGTAACCTTGAATTTTTAAAAAACGCAAGAAGATGAAGAA  
GAACAAAAACGTATTAACGAAAAATTACGCTTAGATAAAAGAAGTaaaTT  
AAATATTTCTCTCCTGAAGAACCTCAAAATACTACTAAAATTAAGAAGC  
TTCATTTTCCAAAGATTTCAAAACCTAAGATTGAAAAGAAACAGAAAAAA  
GAAAAAATAGTCAACAGCTTAGCCAAAACATAATCGCATTAGAATGCACC  
TATATTTGTAGTAGCATTCCTAGTCATTTTAGTTTCCGTTTCTCTACTAA  
CTCCTTTTAGTAAGCAAAAAACAATAACAGTTAGTGGAAATCAGCATACA  
CCTGATGATATTTTGTAGAAAAAACGAATATTCAAAAAACGATTATTT  
CTTTCTTTAATTTTTAAACATAAAGCTATTGAACAACGTTTAGCTGCAG  
AAGATGTATGGGTAAAAACAGCTCAGATGACTTATCAATTTCCAATAAG  
TTTCATATTCAGTTCAAGAAAATAAGATTATTGCATATGCACATACAAA  
GCAAGGATATCAGCCTGTCTTGGAACCTGGAAAAAGGCTGATCCTGTAA  
ATAGTTCAGAGCTACCAAGCACTTCTTAACAATTAACCTTGATAAGGAA  
GATAGTATTAAGCTATTAATTAAAGATTAAAGGCTTTAGACCCTGATTT  
AATAAGTGAGATTAGGTGATAAGTTTAGCTGATTCTAAAACGACACCTG  
ACCTCCTGCTGTTAGATATGCATGATGGAAATAGTATTAGAATACCATTA  
TCTAAATTTAAAGAAAGACTTCTTTTTACAAACAAATTAAGAAGAACCT  
TAAGGAACCTTCTATTGTTGATATGGAAGTGGGAGTTTACACAACAACAA  
GTACTATTGAATCAACCCCTGTGAAGCGGAAGATACAAAAATAAATCA  
ACTGATAAAACACAAACACAAATGGTCAGGTTGCGGAAAATAGTCAAGG  
ACAAACAATAACTCAATACTAATCAACAAGGACAACAGATAGCAACAG  
AGCAGGACCCCAACCTCAAAATGTTAAT

SEQ ID NO. 8812

STRAIN 2603 frame: 1

PKKKS DTP EKEEV L TEWQ KRNLEFLKKR KEDEEEQKRINEKLRLDKRSKLNIS S PEEPQ  
NTTKIKKLHFPKISRPKIEKKQKKEKIVNSLAKTNRIRTAPIFVVAFLVILVSVFLLTPF  
SKQKTTITVSGNQHTPDDILIEKTNIQKNDYFFSLIFKHKAIEQRLAEDVWVKTAQMTYQ  
FPNKFHIQVQENKIIAYAHTKQGYQPVLETGKKADPVNSSELPKHFLTINLDKEDSIKLL  
IKDLKALDPDLISEIQVISLADSKTTPDLLLLDMHDGNSIRIPLSKFKERLPFYKQIKKN  
LKEPSIVDMEVGVTNTNTIESTPVKAEDTKNKSTDKTQTQNGQVAENSQGQTNNSTNQ  
QGQQIATEQAPNPQNVN

SEQ ID NO. 8813

STRAIN H36B frame: 1

PKKKS DTP EKEEV L TEWQ KRNLEFLKKR KEDEEEQKRINEKLRLDKRSKLNIS S PEEPQ  
NTTKIKKLHFPKISRPKIEKKQKKEKIVNSLAKTNRIRTAPIFVVAFLVILVSVFLLTPF

## SEQUENCE LISTING

SKQKTTITVSGNQHTPDDILIEKTNIQKNDYFFSLIFKHKAIEQRLAAEDVWVKTAQMTYQ  
 FPNKFHIQVQENKIIAYAHTKQGYQPVLETGKKADPVNSSELPHKFLTINLDKEDSIKLL  
 IKDLKALDPDLISEIQVISLADSKTTPDLLLLDMHDGNSIRIPLSKFKERLPFYKQIKKN  
 LKEPSIVDMEVGVTNTTSTIESTPVKAEDTKNKSTDKTQTQNGQVAENSQGGQTNNSTNQ  
 QGQQIATEQAPNPQNVN

## SEQ ID NO. 8814

STRAIN 18RS21 frame: 1

PKKKS DTPKEEEVVLTEWQKRNLEFLKKRKEDEEEQKRINEKLRLDKRSKLNISSPPEEPQ  
 NTTKIKKLHFPKISKPKIEKKQKKEKIVNSLAKTNRI RTAPIFVVAFLVILVSVFLLTPF  
 SKQKTTITVSGNQHTPDDILIEKTNIQKNDYFFSLIFKHKAIEQRLAAEDVWVKTAQMTYQ  
 FPNKFHIQVQENKIIAYAHTKQGYQPVLETGKKADPVNSSELPHKFLTINLDKEDSIKLL  
 IKDLKALDPDLISEIQVISLADSKTTPDLLLLDMHDGNSIRIPLSKFKERLPFYKQIKKN  
 LKEPSIVDMEVGVTNTTSTIESTPVKAEDTKNKSTDKTQTQNGQVAENSQGGQTNNSTNQ  
 QGQQIATEQAPNPQNVN

## SEQ ID NO. 8815

STRAIN M732 frame: 1

PKKKS DTPKEEEVVLTEWQKRNLEFLKKRKEDEEEQKRINEKLRLDKRSKLNISSPPEEPQ  
 NTTKIKKLHFPKISKPKIEKKQKKEKIVNSLAKTNRI RTAPIFVVAFLVILVSVFLLTPF  
 SKQKTTITVSGNQHTPDDILIEKTNIQKNDYFFSLIFKHKAIEQRLAAEDVWVKTAQMTYQ  
 FPNKFHIQVQENKIIAYAHTKQGYQPVLETGKKADPVNSSELPHKFLTINLDKEDSIKLL  
 IKDLKALDPDLISEIQVISLADSKTTPDLLLLDMHDGNSIRIPLSKFKERLPFYKQIKKN  
 LKEPSIVDMEVGVTNTTSTIESTPVKAEDTKNKSTDKTQTQNGQVAENSQGGQTNNSTNQ  
 QGQQIATEQAPNPQNVN

## SEQ ID NO. 8816

STRAIN COH1 frame: 1

PKKKS DTPKEEEVVLTEWQKRNLEFLKKRKEDEEEQKRINEKLRLDKRSKLNISSPPEEPQ  
 NTTKIKKLHFPKISKPKIEKKQKKEKIVNSLAKTNRI RTAPIFVVAFLVILVSVFLLTPF  
 SKQKTTITVSGNQHTPDDILIEKTNIQKNDYFFSLIFKHKAIEQRLAAEDVWVKTAQMTYQ  
 FPNKFHIQVQENKIIAYAHTKQGYQPVLETGKKADPVNSSELPHKFLTINLDKEDSIKLL  
 IKDLKALDPDLISEIQVISLADSKTTPDLLLLDMHDGNSIRIPLSKFKERLPFYKQIKKN  
 LKEPSIVDMEVGVTNTTSTIESTPVKAEDTKNKSTDKTQTQNGQVAENSQGGQTNNSTNQ  
 QGQQIATEQAPNPQNVN

## SEQ ID NO. 8817

STRAIN M781 frame: 1

PKKKS DTPKEEEVVLTEWQKRNLEFLKKRKEDEEEQKRINEKLRLDKRSKLNISSPPEEPQ  
 NTTKIKKLHFPKISKPKIEKKQKKEKIVNSLAKTNRI RTAPIFVVAFLVILVSVFLLTPF  
 SKQKTTITVSGNQHTPDDILIEKTNIQKNDYFFSLIFKHKAIEQRLAAEDVWVKTAQMTYQ  
 FPNKFHIQVQENKIIAYAHTKQGYQPVLETGKKADPVNSSELPHKFLTINLDKEDSIKLL  
 IKDLKALDPDLISEIQVISLADSKTTPDLLLLDMHDGNSIRIPLSKFKERLPFYKQIKKN  
 LKEPSIVDMEVGVTNTTSTIESTPVKAEDTKNKSTDKTQTQNGQVAENSQGGQTNNSTNQ  
 QGQQIATEQAPNPQNVN

## SEQ ID NO. 8818

STRAIN CJB110 frame: 1

PKKKS DTPKEEEVVLTEWQKRNLEFLKKRKEDEEEQKRINEKLRLDKRSKLNISSPPEEPQ  
 NTTKIKKLHFPKISKPKIEKKQKKEKIVNSLAKTNRI RTAPIFVVAFLVILVSVFLLTPF  
 SKQKTTITVSGNQHTPDDILIEKTNIQKNDYFFSLIFKHKAIEQRLAAEDVWVKTAQMTYQ  
 FPNKFHIQVQENKIIAYAHTKQGYQPVLETGKKADPVNSSELPHKFLTINLDKEDSIKLL  
 IKDLKALDPDLISEIQVISLADSKTTPDLLLLDMHDGNSIRIPLSKFKERLPFYKQIKKN  
 LKEPSIVDMEVGVTNTTSTIESTPVKAEDTKNKSTDKTQTQNGQVAENSQGGQTNNSTNQ  
 QGQQIATEQAPNPQNVN

## SEQ ID NO. 8819

STRAIN 1169NT frame: 1

PKKKS DTPKEEEVVLTEWQKRNLEFLKKRKEDEEEQKRINEKLRLDKRSKLNISSPPEEPQ  
 NTTKIKKLHFPKISKPKIEKKQKKEKIVNSLAKTNRI RTAPIFVVAFLVILVSVFLLTPF  
 SKQKTTITVSGNQHTPDDILIEKTNIQKNDYFFSLIFKHKAIEQRLAAEDVWVKTAQMTYQ  
 FPNKFHIQVQENKIIAYAHTKQGYQPVLETGKKADPVNSSELPHKFLTINLDKEDSIKLL  
 IKDLKALDPDLISEIQVISLADSKTTPDLLLLDMHDGNSIRIPLSKFKERLPFYKQIKKN  
 LKEPSIVDMEVGVTNTTSTIESTPVKAEDTKNKSTDKTQTQNGQVAENSQGGQTNNSTNQ

## SEQUENCE LISTING

QGQQIATEQAPNPQNVN

SEQ ID NO. 8820

STRAIN JM9130013 frame: 1

PKKSDTPEKEEVVLTEWQKRNLEFLKKRKEDEEEQKRINEKLRLDKRSKLNISSPEEPQ  
NTTKIKKLHFPKISRPKIEKKQKKEKIVNSLAKTNRIRTAIFVVAFLVILVSVFLLTPF  
SKQKTTITVSGNQHTPDDILIEKTNIOKNDYFFSLIFKHKAIEQRLAAEDVWVKTAQMTYQ  
FPNKFHIQVQENKIIAYAHTKQGYQPVLETGKKADPVNSSELPKHFLTINLDKEDSIKLL  
IKDLKALDPDLISEIQVISLADSKTTPDLLLLDMHDGNSIRIPLSKFKERLPFYKQIKKN  
LKEPSIVDMEVGVTNTNTIESTPVKAEDTKNKSTDKTQTONGQVAENSQGGTNNSTNQ  
QGQQIATEQAPNPQNVN

SEQ ID NO. 8821

STRAIN A909 frame: 1

PKKSDTPEKEEVVLTEWQKRNLEFLKKRKEDEEEQKRINEKLRLDKRSKLNISSPEEPQ  
NTTKIKKLHFPKISRPKIEKKQKKEKIVNSLAKTNRIRTAIFVVAFLVILVSVFLLTPF  
SKQKTTITVSGNQHTPDDILIEKTNIOKNDYFFSLIFKHKAIEQRLAAEDVWVKTAQMTYQ  
FPNKFHIQVQENKIIAYAHTKQGYQPVLETGKKADPVNSSELPKHFLTINLDKEDSIKLL  
IKDLKALDPDLISEIQVISLADSKTTPDLLLLDMHDGNSIXIPLSKFKERLPFYKQIKKN  
LKEPSIVDMEVGVTNTNTIESTPVKAEDTKNKSTDKTQXQNGQVAENSQGGTNNSTNQ  
QGQQIATEQAPNPQNVN

SEQ ID NO. 8822

STRAIN 090 frame: 2

KKKSDTPEKEEVVLTEWQKRNLEFLKKRKEDEEEQKRINEKLRLDKRSKLNISSPEEPQ  
NTTKIKKLHFPKISRPKIEKKQKKEKIVNSLAKTNRIRTAIFVVAFLVILVSVFLLTPF  
KQKTTITVSGNQHTPDDILIEKTNIOKNDYFFSLIFKHKAIEQRLAAEDVWVKTAQMTYQ  
PNKFHIQVQENKIIAYAHTKQGYQPVLETGKKADPVNSSELPKHFLTINLDKEDSIKLL  
KDLKALDPDLISEIQVISLADSKTTPDLLLLDMHDGNSIRIPLSKFKERLPFYKQIKKN  
KEPSIVDMEVGVTNTNTIESTPVKAEDTKNKSTDKTQTONGQVAENSQGGTNNSTNQ  
QGQQIATEQAPNPQNVN

SEQ ID NO. 8901

STRAIN 2603

ATGAAAAAAGGACAAGTAAATGATACTAAGCAATCTTACTCTCTACGTAAA  
TATAAATTTGGTTTAGCATCAGTAATTTTAGGGTCATTACATAATGGTCACAAGTCCTGTT  
TTTGGCGATCAAACTACATCGGTTCAAGTTAATAATCAGACAGGCACTAGTGTGGATGCT  
AATAATTTCTTCCAAATGAGACAAGTGCCTCAAGTGTGATTACTTCCAATAATGATAGTGT  
CAAGCGTCTGATAAAGTTGTAAATAGTCAAAATACGGCAACAAAGGACATTACTACTCT  
TTAGTAGAGACAAGCCCAATGGTGGAAAAACATTACCTGAACAAGGGAATTATGTTTAT  
AGCAAAGAAACCGAGGTGAAAAATACACCTTCAAAATCAGCCCCAGTAGCTTTCTATGCA  
AAGAAAGGTGATAAAGTTTTCTATGACCAAGTATTTAATAAAGATAATGTGAAATGGATT  
TCATATAAGTCTTTTGTGGCGTACGTCGATACGCAGCTATTGAGTCACTAGATCCATCA  
GGAGGTTTCAAGACTAAAGCACCTACTCCTGTAACAAATTCAGGAAGCAATAATCAAGAG  
AAAATAGCAACGCAAGGAAATTATACATTTTACATAAAGTAGAAGTAAAAATGAAGCT  
AAGGTAGCGAGTCCAACCTCAATTTACATTGGACAAAGGAGACAGAATTTTTTACGACCAA  
ATACTAACTATTGAAGGAAATCAGTGGTTATCTTATAAATCATTCAATGGTGTTCGTCGT  
TTTGTTTTGTAGGTAAAGCATCTTCAGTAGAAAAAAGTGAAGATAAAGAAAAAGTGTCT  
CCTCAACCACAAGCCGATTACTAAAAGTGGTAGACTGACTATTTCTAACGAAACAACT  
ACAGGTTTTGATATTTAATTACGAATATTAAGATGATAACGGTATCGCTGCTGTTAAG  
GTACCGGTTTGGACTGAACAAGGAGGCAAGATGATTAATGGTATACAGCTGTAACCT  
ACTGGGGATGGCAACTACAAAGTAGCTGTATCATTTGCTGACCATAAGAATGAGAAGGGT  
CTTTATAATATTCATTTATACTACCAAGAAGCTAGTGGGACACTTGTAGGTGTAACAGGA  
ACTAAAGTGACAGTAGCTGGAACTAATTCTTCTCAAGAACCTATTGAAAATGGTTTAGCA  
AAGACTGGTGTATATAATATTATCGGAAGTACTGAAGTAAAAATGAAGCTAAAAATATCA  
AGTCAGACCCAAATTTACTTTAGAAAAAGGTGACAAAATAAATTATGATCAAGTATTGACA  
GCAGATGGTTACCAAGTGGATTTCTTACAAATCTTATAGTGGTGTTCGTCGCTATATTCT  
GTGAAAAAGCTAACTACAAGTAGTGAAAAAGCGAAAGATGAGGCGACTAAACCGACTAGT  
TATCCCAACTTACCTAAAACAGGTACCTATACATTTACTAAAAGTGTAGATGTGAAAAGT  
CAACCTAAAGTATCAAGTCCAGTGGAAATTTAATTTTCAAAAGGGTGAAAAATACATTAT  
GATCAAGTGTGTAGTAGATGGTCATCAGTGGATTTATACAAAGATTATTCGGGTATT  
CGTCGCTATATTGAAATT

SEQ ID NO. 8902

## SEQUENCE LISTING

## STRAIN 090

AAAAAAGGACAAGTAAATGATACTAAGCAATCTTACT  
CTCTACGTAAATATAAATTTGGTTTAGCATCAGTAATTTTAGGGTCATT  
ATAATGGTCACAAGTCCTGTTTTTGGCGATCAAACCTACATCGGTTCAAGT  
TAATAATCAGACAGGCACTAGTGTGGATGCTAATAATCTTCCAATGAGA  
CAAGTGCCTCAAGTGTGATTACTTCCAATAATGATAGTGTCAAGCGTCT  
GATAAAGTTGTAAATAGTCAAAATACGGCAACAAAGGACATTACTACTCC  
TTTAGTAGAGACAAAGCCAATGGTGGAAAAACATTACCTGAACAAGGGA  
ATTATGTTTATAGCAAAGAAACCGAGGTGAAAAATACACCTTCAAAATCA  
GCCCCAGTAGCTTTCTATGCAAAGAAAGGTGATAAAGTTTCTATGACCA  
AGTATTTAATAAAGATAATGTGAAATGGATTTTATATAAGTCTTTTTGTG  
GCGTACGTCGATACGCAGCTATTGAGTCACTAGATCCATCAGGAGGTTCA  
GAGACTAAAGCACCTACTCCTGTAACAAATTCAGGAAGCAATAATCAAGA  
GAAATAGCAACGCAAGGAAATTATACATTTTACATAAAGTAGAAGTAA  
AAAATGAAGCTAAGGTAGCGAGTCCAACCTCAATTTACATTGGACAAAGGA  
GACAGAATTTTTTACGACCAAATACTAACTATTGAAGGAAATCAGTGGTT  
ATCTTATAAATCATTCAATGGTGTTCGTCGTTTTGTTTGTCTAGGTAAAG  
CATCTTCAGTAGAAAAAACTGAAGATAAAGAAAAAGTGTCTCCTCAACCA  
CAAGCCCGTATTACTAAAACCTGGTAGACTGACTATTTCTAACGAAACAAC  
TACAGGTTTTGATATTTTAAATTACGAATATTAAAGATGATAACGGTATCG  
CTGCTGTTAAGGTACCGGTTTGGACTGAACAAGGAGGGCAAGATGATATT  
AAATGGTATACAGCTGTAACCTACTGGGGATGGCAACTACAAAGTAGCTGT  
ATCATTTGCTGACCATAAGAATGAGAAGGGTCTTTATAATATTCTTTAT  
ACTACCAAGAAGCTAGTGGGACACTTGTAGGTGTAACAGGAACCTAAAGTG  
ACAGTAGCTGGAACCTAATCTTCTCAAGAACCTATTGAAAATGGTTTAGC  
AAAGACTGGTGTTTATAATATTATCGGAAGTACTGAAGTAAAAAATGAAG  
CTAAAATATCAAGTCAGACCCAATTTACTTTAGAAAAAGGTGACAAAATA  
AATTATGATCAAGTATTGACAGCAGATGGTTACAGTGGATTTCTTACAA  
ATCTTATAGTGGTGTTCGTCGCTATATTCTGTGAAAAAGCTAACTACAA  
GTAGTGAAAAAGCGAAAGATGAGGCGACTAAACCGACTAGTTATCCCAAC  
TTACCTAAAACAGGTACCTATACATTTACTAAAACCTGATAGTGTGAAGAG  
TCAACCTAAAAGTATCAAGTCCAGTGGAAATTTAATTTTCAAAGGGTGAAA  
AAATACATTATGATCAAGTGTAGTAGTAGATGGTCATCAGTGGATTTCA  
TACAAGAGTTATTCCGGTATTCTGTCGCTATATTGAAATT

## SEQ ID NO. 8903

## STRAIN A909

AAAAAAGGACAAGTAAATGATACTAAGCAATCTTAC  
TCTCTACGTAAATATAAATTTGGTTTAGCATCAGTAATTTTAGGGTCATT  
CATAATGGTCACAAGTCCTGTTTTTGGCGATCAAACCTACATCGGTTCAAG  
TTAATAATCAGACAGGCACTAGTGTGGATGCTAATAATCTTCCAATGAG  
ACAAGTGCCTCAAGTGTGATTACTTCCAATAATGATAGTGTCAAGCGTC  
TGATAAAGTTGTAAATAGTCAAAATACGGCAACAAAGGACATTACTACTC  
CTTTAGTAGAGACAAAGCCAATGGTGGAAAAACATTACCTGAACAAGGG  
AATTATGTTTATAGCAAAGAAACCGAGGTGAAAAATACACCTTCAAAATC  
AGCCCCAGTAGCTTTCTATGCAAAGAAAGGTGATAAAGTTTCTATGACC  
AAGTATTTAATAAAGATAATGTGAAATGGATTTTATATAAGTCTTTTTGT  
GGCGTACGTCGATACGCAGCTATTGAGTCACTAGATCCATCAGGAGGTTT  
AGAGACTAAAGCACCTACTCCTGTAACAAATTCAGGAAGCAATAATCAAG  
AGAAAAATAGCAACGCAAGGAAATTATACATTTTACATAAAGTAGAAGTA  
AAAAATGAAGCTAAGGTAGCGAGTCCAACCTCAATTTACATTGGACAAAGG  
AGACAGAATTTTTTACGACCAAATACTAACTATTGAAGGAAATCAGTGGT  
TATCTTATAAATCATTCATGGTGTTCGTCGTTTTGTTTGTCTAGGTAA  
GCATCTTCAGTAGAAAAAACTGAAGATAAAGAAAAAGTGTCTCCTCAACC  
ACAAGCCGTATTACTAAAACCTGGTAGACTGACTATTTCTAACGAAACAA  
CTACAGGTTTTGATATTTTAAATTACGAATATTAAAGATGATAACGGTATC  
GCTGCTGTTAAGGTACCGGTTTGGACTGAACAAGGAGGGCAAGATGATAT  
TAAATGGTATACAGCTGTAACCTACTGGGGATGGCAACTACAAAGTAGCTG  
TATCATTTGCTGACCATAAGAATGAGAAGGGTCTTTATAATATTCTTTA  
TACTACCAAGAAGCTAGTGGGACACTTGTAGGTGTAACAGGAACCTAAAGT  
GACAGTAGCTGGAACCTAATCTTCTCAAGAACCTATTGAAAATGGTTTAG  
CAAAGACTGGTGTTTATAATATTATCGGAAGTACTGAAGTAAAAAATGAA  
GCTAAAATATCAAGTCAGACCCAATTTACTTTAGAAAAAGGTGACAAAAT  
AAATTATGATCAAGTATTGACAGCAGATGGTTACAGTGGATTTCTTACA

## SEQUENCE LISTING

AATCTTATAGTGGTGTTCGTCGCTATATTCCTGTGAAAAAGCTAACTACA  
AGTAGTAAAAAGCGAAAGATGAGGCGACTAAACCGACTAGTTATCCCAA  
CTTACCTAAAAACAGGTACCTATACATTTACTAAAACGTAGATGTGAAGA  
GTCAACCTAAAGTATCAAGTCCAGTGGAAATTAATTTTCAAAGGGTGAA  
AAAATACATTATGATCAAGTGTAGTAGTAGATGGTCATCAGTGGATTTC  
ATACAAGAGTTATTCCGGTATTTCGTCGCTATATTGAAATT

## SEQ ID NO. 8904

STRAIN H36B

AAAAAAGGACAAGTAAATGATACTAAGCAATCTTACT  
CTCTACGTAAATATAAATTTGGTTTAGCATCAGTAATTTTAGGGTCATTTC  
ATAATGGTCACAAGTCCTGTTTTTGGCGATCAAACCTACATCGGTTCAAGT  
TAATAATCAGACAGGCACTAGTGTGGATGATAATAATTTCTTCCAATGAGA  
CAAGTGCCTCAAGTGTGATTACTTCCAATAATGATAGTGTTCAGCGCTCT  
GATAAAGTTGTAAATAGTCAAATACGGCAACAAAGGACATTACTACTCC  
TTTAGTAGAGACAAAGCCAATGGTGGAAAAACATTACCTGAACAAGGGA  
ATTATGTTTATAGCAAAGAAACCGAGGTGAAAAATACACCTTCAAATCA  
GCCCCAGTAGCTTTTCTATGCAAAGAAAGGTGATAAAGTFTTCTATGACCA  
AGTATTTAATAAAGATAATGTGAAATGGATTTCATATAAGTCTTTTGTG  
GCGTACGTCGATACGCAGCTATTGAGTCACTAGATCCATCAGGAGGTTCA  
GAGACTAAAGCACCTACTCCTGTAACAAATTGAGGAAGCAATAATCAAGA  
GAAAAATAGCAACGCAAGGAAATTATACATTTTACATAAAGTAGAAGTAA  
AAAATGAAGCTAAGGTAGCGAGTCCAACTCAATTTACATTGGACAAAGGA  
GACAGAATTTTTTACGACCAATACTAATATTGAAGGAAATCAGTGGTT  
ATCTTATAAATCATTCAATGGTGTTCGTCGTTTTGTTTGTCTAGGTAAAG  
CATGTTTCAGTAGAAAAAAGTGAAGATAAAGAAAAAGTGTCTCCTCAACCA  
CAAGCCCGTATTACTTAAACTGGTAGACTGACTATTTCTAACGAAACAAC  
TACAGGTTTTGATATTTAATTACGAATATTAAAGATGATAACGGTATCG  
CTGCTGTTAAGGTACCGGTTTGGACTGAACAAGGAGGGCAAGATGATATT  
AAATGGTATACAGCTGTAACCTACTGGGGATGGCAACTACAAAGTAGCTGT  
ATCATTTGCTGACCATAGAATGAGAAGGGTCTTTATAATATTCATTTAT  
ACTACCAAGAAGCTAGTGGGACACTTGTAGGTGTAACAGGAAGTAAAGTG  
ACAGTAGCTGGAAGTAATTTCTCTCAAGAACCTATTGAAATGGTTTAGC  
AAAGACTGGTGTTTATAATATTATCGGAAGTACTGAAGTAAAAAATGAAG  
CTAAAAATATCAAGTCAGACCCAATTTACTTTAGAAAAAGGTGACAAAATA  
AATTATGATCAAGTATTGACAGCAGATGGTTACCAAGTGGATTCTTACAA  
ATCTTATAGTGGTGTTCGTCGCTATATTCTGTGAAAAAGCTAACTACAA  
GTAGTGAAAAAGCGAAAGATGAGGCGACTAAACCGACTAGTTATCCCAAC  
TTACCTAAAACAGGTACCTATACATTTACTAAAAGTGTAGATGTGAAGAG  
TCAACCTAAAGTATCAAGTCCAGTGGAAATTTAATTTTCAAAGGGTGAAA  
AAATACATTATGATCAAGTGTAGTAGTAGATGGTCATCAGTGGATTTC  
TACAAGAGTTATTCCGGTATTTCGTCGCTATATTGAAATT

## SEQ ID NO. 8905

STRAIN 18RS21

AAAAAAGGACAAGTAAATGATACTAAGCAATCTTACTC  
TCTACGTAAATATAAATTTGGTTTAGCATCAGTAATTTTAGGGTCATTCA  
TAATGGTCACAAGTCCTGTTTTTGGCGATCAAACCTACATCGGTTCAAGTT  
AATAATCAGACAGGCACTAGTGTGGATGCTAATAATTTCTTCCAATGAGAC  
AAGTGCCTCAAGTGTGATTACTTCCAATAATGATAGTGTTCAGCGTCTG  
ATAAAGTTGTAAATAGTCAAATACGGCAACAAAGGACATTACTACTCCT  
TTAGTAGAGACAAAGCCAATGGTGGAAAAACATTACCTGAACAAGGGAA  
TTATGTTTATAGCAAAGAAACCGAGGTGAAAAATACACCTTCAAATCAG  
CCCCAGTAGCTTTCTATGCAAAGAAAGGTGATAAAGTTTTCTATGACCAA  
GTATTTAATAAAGATAATGTGAAATGGATTTCATATAAGTCTTTTGTGG  
CGTACGTCGATACGCAGCTATTGAGTCACTAGATCCATCAGGAGGTTTCAG  
AGACTAAAGCACTACTCCTGTAACAAATTCAGGAAGCAATAATCAAGAG  
AAAATAGCAACGCAAGGAAATTATACATTTTACATAAAGTAGAAGTAAA  
AAATGAAGCTAAGGTAGCGAGTCCAACTCAATTTACATTGGACAAAGGAG  
ACAGAATTTTTTACGACCAATACTAATTTGAAGGAAATCAGTGGTTA  
TCTTATAAATCATTCAATGGTGTTCGTCGTTTTGTTTTGCTAGGTAAAGC  
ATCTTCAGTAGAAAAAAGTGAAGATAAAGAAAAAGTGTCTCCTCAACCAC  
AAGCCCGTATTACTAAAAGTGGTAGACTGACTATTTCTAACGAAACAAC  
ACAGGTTTTGATATTTAATTACGAATATTAAAGATGATAACGGTATCGC

## SEQUENCE LISTING

TGCTGTTAAGGTACCGGTTTGGACTGAACAAGGAGGGCAAGATGATATTA  
 AATGGTATACAGCTGTAACACTGCGGGATGGCAACTACAAAGTAGCTGTA  
 TCATTTGCTGACCATAAGAATGAGAAGGGTCTTTATAATATTCAATTTATA  
 CTACCAAGAAGCTAGTGGGACACTTGTAGGTGTAACAGGAACATAAGTGA  
 CAGTAGCTGGAACATAATTCTTCTCAAGAACCTATTGAAAATGGTTTAGCA  
 AAGACTGGTGTATATAATATTATCGGAAGTACTGAAGTAAAAAATGAAGC  
 TAAAAATATCAAGTCAGACCCAATTTACTTTAGAAAAAGGTGACAAAATAA  
 ATTATGATCAAGTATTGACAGCAGATGGTTACCAGTGGATTCTTACAAA  
 TCTTATAGTGGTGTTCGCTATATTCCTGTGAAAAAGCTAACTACAAG  
 TAGTGA AAAAGCGAAAGATGAGGCGACTAAACCGACTAGTTATCCCACT  
 TACCTAAAACAGGTACCTATACATTTACTAAAAGTGTAGATGTGAAAAGT  
 CAACCTAAAGTATCAAGTCCAGTGGAAATTTAATTTTCAAAGGGGTGAAAA  
 AATACATTATGATCAAGTGTAGTAGTAGATGGTCATCAGTGGATTTCAT  
 ACAAGAGTTATTCCGGTATTTCGTCGCTATATTGAAATT

SEQ ID NO. 8906

STRAIN M732

CAAGTAAATGATaCTAAGCAATCTTACTCTCTACGTAAATATAAATTTGG  
 TTTAGCATCAGTAATTTTAGGGTCATTTCATAATGGTCACAAGTCCGTGTT  
 TTGCGGATCAAACATACATCGGTTCAAGTTAATAATCAGACAGGCACTAGT  
 GTGGATGCTAATAATCTTCCAATGAGACAAGTGCCTCAAGTGTGATTAC  
 TTCCAATAATGATAGTGTCAAGCGTCTGATAAAGTTGTAATAGTCAAA  
 ATACGGCAACAAAGGACATTACTACTCTCTTAGTAGAGACAAAGCCAAATG  
 GTGGAAAAACATTACCTGAACAAGGAATTATGTTTATAGCAAAGAAAC  
 CGAGGTGAAAAATACACCTTCAAATCAGCCCCAGTAGCTTTCTATGCAA  
 AGAAAGGTGATAAAGTTTCTATGACCAAGTATTTAATAAAGATAATGTG  
 AAATGGATTTCATATAAGTCTTTTGGTGGCGTACGTGATACGCAGCTAT  
 TGAGTCACTAGATCCATCAGGAGGTTCAAGACTAAAGCACCTACTCTCTG  
 TAACAAATTCAAGGAAGCAATAATCAAGAGAAAATAGCAACGCAAGGAAAT  
 TATACATTTTCACATAAAGTAGAAGTAAAAAATGAAGCTAAGGTAGCGAG  
 TCCAACTCAATTTACATTGGACAAAGGAGACAGAATTTTTACGACCAAA  
 TACTAACTaTTGAAGGAAATCAGTGGTTATCTTATAAATCATTCAATGGT  
 GTTCGTCGTTTTGtTtGcTAGGTAAAGCATCTTCAGTAGAAAAAACTGA  
 AGATAAAGAAAAAGTGTCTCCTCAACCACAAGCCCGTATTACTAAACTG  
 GTAGACTGACTATTTCTAACGAAACAACTACAGGTTTTGATATTTTAATT  
 ACGAATATTAAAGATGATAACGGTATCGCTGCTGTTAAGGTACCGGTTTG  
 GACTGAACAAGGAGGGCAAGATGATATTAAATGGTATACAGCTGTAACCTA  
 CTGGGGATGGCAACTACAAAGTAGCTGTATCATTGCTGACCATAAGAAT  
 GAGAAGGGTCTTTATAATATTCATTTATACTACCAAGAAGCTAGTGGGAC  
 ACTTGAGGTGTACAGGAACATAAGTGAAGTAGCTGGAACATAATCTTT  
 CTCAAGAACCTATTGAAAATGGTTTACCAAGACTGGTGTTTATAATATT  
 ATCGGAAGTACTGAAGTAAAAAATGAAGCTAAATATCAAGTCAGACCCA  
 ATTTACTTTAGAAAAAGGTGACAAAATAAATTATGATCAAGTATTGACAG  
 CAGATGGTTACAGTGGATTCTTACAAATCTTATAGTGGTGTTCGTCGC  
 TATATTCTGTGAAAAAGCTAACTACAAGTAGTGAAAAAGCGAAAGATGA  
 GCGGACTAAACCGACTAGTTATCCCACTTACCTAAAAACAGGTACCTATA  
 CATTACTAAAAGTGTAGATGTGAAAAGTCAACCTAAAGTATCAAGTCCA  
 GTGGAATTTAATTTTCAAAGGGTGAAAAAATACATTATGATCAAGTGTT  
 AGTAGTAGATGGTCATCAGTGGATTTCATACAAGAGTTATTCCGGTATTTC  
 GTCGCTATATTGAAATT

SEQ ID NO. 8907

STRAIN COH1

AAAAAAGGACAAAGTAAATGATACTAAGCAATCTTACTCTCT  
 ACGTAAATATAAATTTGGTTTAGCATCAGTAATTTTAGGGTCATTTCATAA  
 TGGTCACAAGTCTGTGTTTTGCGGATCAAACATACATCGGTTCAAGTTAAT  
 AATCAGACAGGCACTAGTGTGGATGCTAATAATCTTCCAATGAGACAAG  
 TGCGTCAAGTGTGATTACTTCCAATAATGATAGTGTTCAGCGCTCTGATA  
 AAGTTGTAATAGTCAAAATACGGCAACAAAGGACATTACTACTCTTTA  
 GTAGAGACAAAGCCAATGGTGGAAAAACATTACCTGAACAAGGGAATTA  
 TGTTTATAGCAAAGAAACCGAGGTGAAAAATACACCTTCAAATCAGCCC  
 CAGTAGCTTTCTATGCAAAGAAAGGTGATAAAGTTTTCTATGACCAAGTA  
 TTTAATAAAGATAATGTTAAATGGATTTCATATAAGTCTTTTGGTGGCGT  
 ACGTCGATACGCAGCTATTGAGTCACTAGATCCATCAGGAGGTTCAAGAGA



## SEQUENCE LISTING

CTAAAGCACCTACTCCTGTAACAAATTTCAGGAAGCAATAATCAAGAGAAA  
 ATAGCAACGCAAGGAAATTATACATTTTACATAAAGTAGAAGTAAAAAA  
 TGAAGCTAAGGTAGCGAGTCCAACCTCAATTTACATTGGACAAAGGAGACA  
 GAATTTTTTACGACCAAATACTAATCTATTGAAGGAAATCAGTGGTTATCT  
 TATAAATCATTCAATGGTGTTCGTCGTTTTGTTTTGCTAGGTAAAGCATC  
 TTCAGTAGAAAAAAGTGAAGATAAAGAAAAAGTGTCTCCTCAACCACAAG  
 CCCGTATTACTAAAACTGGTAGACTGACTATTTCTAACGAAACAACATACA  
 GGTTTTGATATTTTAATTACGAATATTAAAGATGATAACGGTATCGCTGC  
 TGTTAAGGTACCGGTTTGGACTGAACAAGGAGGCAAGATGATATTAAAT  
 GGTATACAGCTGTAACCTACTGGGGATGGCAACTACAAAGTAGCTGTATCA  
 TTTGCTGACCATAAGAATGAGAAGGGTCTTTATAATATTCAATTTATACTA  
 CCAAGAAGCTAGTGGGACACTTGTAGGTGTAACAGGAAGTAAAGTGACAG  
 TAGCTGGAACCTAATCTTCTCAAGAACCTATTGAAAATGGTTTACCAAAG  
 ACTGGTGTTTATAATATTATCGGAAGTACTGAAGTAAAAAATGAAGCTAA  
 AATATCAAGTCAGACCCAATTTACTTTAGAAAAAGGTGACAAAATAAATT  
 ATGATCAAGTATTGACAGCAGATGGTTACCAGTGGATTCTTACAAATCT  
 TATAGTGGTGTTCGTCGCTATATTCTGTGAAAAGCTAACTACAGTAG  
 TGAAAAAGCGAAAGATGAGGCGACTAAACCGACTAGTTATCCCAACTTAC  
 CTAAAAAGGTACCTATACATTTACTAAAACCTGTAGATGTGAAAAGTCAA  
 CCTAAAGTATCAAGTCCAGTGGAAATTTAATTTTCAAAGGGTGAAAAAAT  
 ACATTATGATCAAGTGTAGTAGTAGATGGTCATCAGTGGATTTATACA  
 AGAGTTATTCGGTATTTCGTCGCTATATTGAAATT

## SEQ ID NO. 8908

STRAIN M781

AAAAAAGGACAAGTAAATGATACTAAGCAATCTT  
 ACTCTCTACGTAAATATAAATTGGTTTAGCATCAGTAATTTTAGGGTCA  
 TTCATAATGGTCACAAGTCCTGTTTTGCGGATCAAACTACATCGGTTCA  
 AGTTAATAATCAGACAGGCACTAGTGTGGATGCTAATAATCTTCCAATG  
 AGACAAGTGCGTCAAGTGTGATTACTTCCAATAATGATAGTGTCAAGCG  
 TCTGATAAAGTTGTAAATAGTCAAAATACGGCAACAAAGGACATTACTAC  
 TCCTTTAGTAGAGACAAAGCCAAATGGTGGAAAAACATTACCTGAACAAG  
 GGAATTATGTTTATAGCAAAGAAACCGAGGTGAAAAATACACCTTCAAAA  
 TCAGCCCCAGTAGCTTTCTATGCAAAGAAAGGTGATAAAGTTTTCTATGA  
 CCAAGTATTTAATAAAGATAATGTGAAATGGATTTTATATAAGTCTTTTG  
 GTGGCGTACGTACGTACGAGCTATTGAGTCACTAGATCCATCAGGAGGT  
 TCAGAGACTAAAGCACCTACTCCTGTAACAAATTCAGGAAGCAATAATCA  
 AGAGAAAATAGCAACGCAAGGAAATTATACATTTTACATAAAGTAGAAG  
 TAAAAAATGAAGCTAAGGTAGCGAGTCCAACCTCAATTTACATTGGACAAA  
 GGAGACAGAATTTTTTACGACCAAATACTAATCTATTGAAGGAAATCAGTG  
 GTTATCTTTATAAATCATTCAATGGTGTTCGTCGTTTTGTTTTGCTAGGTA  
 AAGCATCTTCAGTAGAAAAAAGTGAAGATAAAGAAAAAGTGTCTCCTCAA  
 CCACAAGCCCGTATTACTAAAACTGGTAGACTGACTATTTCTAACGAAAC  
 AACTACAGGTTTTGATATTTAATTACGAATATTAAAGATGATAACGGTA  
 TCGCTGCTGTTAAAGTACCGGTTTGGACTGAACAAGGAGGCAAGATGAT  
 ATTAATGGTATACAGCTGTAACCTACTGGGGATGGCAACTACAAAGTAGC  
 TGTATCATTGCTGACCATAAGAATGAGAAGGGTCTTTATAATATTCAAT  
 TATACTACCAAGAAGCTAGTGGGACACTTGTAGGTGTAACAGGAAGTAAA  
 GTGACAGTAGCTGGAACCTAATCTTCTCAAGAACCTATTGAAAATGGTTT  
 ACCAAAGACTGGTGTTTTATAATATTATCGGAAGTACTGAAGTAAAAAATG  
 AAGCTAAAATATCAAGTCAGACCCAATTTACTTTAGAAAAAGGTGACAAA  
 ATAAATTATGATCAAGTATTGACAGCAGATGGTTACCAGTGGATTTCTTA  
 CAAATCTTATAGTGGTGTTCGTCGCTATATTCTGTGAAAAAGCTAACTA  
 CAAGTAGTAAAAAGCGAAAGATGAGGCGACTAAACCGACTAGTTATCCC  
 AACTTACCTAAAACAGGTACCTATACATTTACTAAAACCTGTAGATGTGAA  
 AAGTCAACCTAAAGTATCAAGTCCAGTGGAAATTTAATTTTCAAAGGGTG  
 AAAAAATACATTATGATCAAGTGTAGTAGTAGATGGTCATCAGTGGATT  
 TCATACAAGAGTTATTCGGTATTTCGTCGCTATATTGAAATT

## SEQ ID NO. 8909

STRAIN CJB110

AAAAAAGGACAAGTAAATGATACTAAGCAATCTTACTCTC  
 TACGTAAATATAAATTGGTTTAGCATCAGTAATTTTAGGGTCATTCATA  
 ATGGTCACAAGTCTGTTTTTTCGGGATCAAACTACATCGGTTCAAGTTAA

## SEQUENCE LISTING

TAATCAGACAGGCACTAGTGTGGATGCTAATAATTCTTCCAATGAGACAA  
GTGCGTCAAGTGTGATTACTTCCAATAATGATAGTGTCAAGCGTCTGAT  
AAAGTTGTAATAGTCAAAATACGGCAACAAAGGACATTACTACTCCTTT  
AGTAGAGACAAAGCCAATGGTGGAAAAACATTACCTGAACAAGGGAATT  
ATGTTTATAGCAAAGAAACCGAGGTGAAAAATACACCTTCAAAATCAGCC  
CCAGTAGCTTTCTATGCAAAGAAAGGTGATAAAGTTTTCTATGACCAAGT  
ATTTAATAAAGATAATGTGAAATGGATTTCATATAAGTCTTTTTGTGGCG  
TACGTCGATACGCAGCTATTGAGTCACTAGATCCATCAGGAGGTTGAGAG  
ACTAAAGCACCTACTCCTGTAACAAATTCAGGAAGCAATAATCAAGAGAA  
AATAGCAACGCAAGGAAATTATACATTTTCACATAAAGTAGAAGTAAAAA  
ATGAAGCTAAGGTAGCGAGTCCAACCTCAATTTACATTGGACAAAGGAGAC  
AGAATTTTTTACGCCAAATACTAATATTGAAGGAAATCAGTGGTTATC  
TTATAAATCATTCAATGGTGTTCGTCGTTTTGTTTTGCTAGGTAAAGCAT  
CTTCAGTAGAAAAAACTGAAGATAAAGAAAAAGTGTCTCCTCAACCACAA  
GCCCCGTTACTAAACTGGTAGACTGACTATTTCTAACGAAACAACCTAC  
AGGTTTTGATATTTTAAATTACGAATATTAAAGATGATAACGGTATCGCTG  
CTGTTAAGGTACCGGTTTGGACTGAACAAGGAGGGCAAGATGATATTAAA  
TGGTATACAGCTGTAACTACTGGGGATGGCAACTACAAAGTAGCTGTATC  
ATTTGCTGACCATAAGAATGAGAAGGGTCTTTATAATATTCAATTTACT  
ACCAAGAGCTAGTGGGACACTTGTAGGTGTAACAGGAACATAAGTGACA  
GTAGCTGGAACATAATCTTCTCAAGAACCTATTGAAATGGTTTAGCAAA  
GACTGGTGTATTATAATATTATCGGAAGTACTGAAGTAAAAAATGAAGCTA  
AAATATCAAGTCAGACCCAATTTACTTTAGAAAAAGGTGACAAAAATAAT  
TATGATCAAGTATTGACAGCAGATGGTTACCAGTGGATTCTTACAAATC  
TTATAGTGGTGTTCGCTGCTATATTCTGTGAAAAAGCTAACTACAAGTA  
GTGAAAAAGCGAAAGATGAGGCGACTAAACCGACTAGTTATCCCAACTTA  
CCTAAACAGGTACCTATACATTTACTAAACTGTAGATGTGAAGAGTCA  
AGCTAAAGTATCAAGTCCAGTGGAAATTAATTTTCAAAAGGGTGAAAAA  
TACATTATGATCAAGTGTAGTAGATGTCATCAGTGGATTTCATAC  
AAGAGTTATTCCGGTATTCTGTCGCTATATTGAAATT

SEQ ID NO. 8910

STRAIN 1169NT

AAAAAGGACAAGTAAATGATACTAAGCAATCTTACTC  
TCTACGTAAATATAAATTTGGTTTAGCATCAGTAATTTTAGGGTCATTCA  
TAATGGTCACAAGTCTGTGTTTTGCGGATCAAACTACATCGGTTCAAGTT  
AATAATCAGACAGGCACTAGTGTGGATGCTAATAATTCTTCCAATGAGAC  
AAGTGGTCAAGTGTGATTACTTCCAATAATGATAGTGTTCAGCGTCTG  
ATAAAGTTGTAATAGTCAAAATACGGCAACAAAGGACATTACTACTCCT  
TTAGTAGAGACAAAGCCAATGGTGGAAAAACATTACCTGAACAAGGGAA  
TTATGTTTATAGCAAAGAAACCGAGGTGAAAAATACACCTTCAAAATCAG  
CCCCAGTAGCTTTCTATGCAAAGAAAGGTGATAAAGTTTTCTATGACCAA  
GTATTTAATAAAGATAATGTGAAATGGATTTCATATAAGTCTTTTGGTGG  
CGTACGTCGATACGCAGCTATTGAGTCACTAGATCCATCAGGAGGTTGAG  
AGACTAAAGCACCTACTCCTGTAACAAATTCAGGAAGCAATAATCAAGAG  
AAAATAGCAACGCAAGGAAATTATACATTTTCACATAAAGTAGAAGTAAA  
AAATGAAGCTAAGGTAGCGAGTCCAACCTCAATTTACATTGGACAAAGGAG  
ACAGAATTTTTTACGCCAAATACTAATTTGAAGGAAATCAGTGGTTA  
TCTTATAAATCATTCAATGGTGTTCGTCGTTTTGTTTTGCTAGGTAAAGC  
ATCTTCAGTAGAAAAAACTGAAGATAAAGAAAAAGTGTCTCCTCAACCAC  
AAGCCCGTATTACTAAACTGGTAGACTGACTATTTCTAACGAAACAACCT  
ACAGGTTTTGATATTTTAAATTACGAATATTAAAGATGATAACGGTATCGC  
TGCTGTTAAGGTACCGGTTTGGACTGAACAAGGAGGGCAAGATGATATTA  
AATGGTATACAGCTGTAACTACTGGGGATGGCAACTACAAAGTAGCTGTA  
TCATTTGCTGACCATAAGAATGAGAAGGGTCTTTATAATATTCAATTTATA  
CTACCAAGAAGCTAGTGGGACACTTGTAGGTGTAACAGGAACATAAGTGA  
CAGTAGCTGGAACTAATTTCTTCAAGAACCTATTGAAATGGTTTAGCA  
AAGACTGGTGTTTATAATATTATCGGAAGTACTGAAGTAAAAAATGAAGC  
TAAAAATATCAAGTCAGACCCAATTTACTTTAGAAAAAGGTGACAAAAATA  
ATTATGATCAAGTATTGACAGCAGATGGTTACCAGTGGATTCTTACAAA  
TCTTATAGTGGTGTTCGTCGCTATATTCTGTGAAAAAGCTAACTACAAG  
TAGTGAAAAAGCGAAAGATGAGGCGACTAAACCGACTAGTTATCCCAACT  
TACCTAAACAGGTACCTATACATTTACTAAACTGTAGATGTGAAAGT  
CAACCTAAAGTATCAAGTCCAGTGGAAATTAATTTTCAAAAGGGTGAAAA

## SEQUENCE LISTING

AATACATTATGATCAAGTGTTAGTAGTAGATGGTCATCAGTGGATTTCAT  
ACAAGAGTTATTCCGGTATTCGTCGCTATATTGAAATT

SEQ ID NO. 8911

STRAIN JM9130013

AAAAAAGGACAAGTAAATGATACTAAGCAATCTTACT  
CTCTACGTAAATATAAATTTGGTTTAGCATCAGTAATTTTAGGGTCATTC  
ATAATGGTCACAAGTCCTGTTTTGCGGATCAAACACATCGGTTCAAGT  
TAATAATCAGACAGGCACTAGTGTGGATGCTAATAATCTTCCAATGAGA  
CAAGTGGTCAAGTGTGATTACTTCCAATAATGATAGTGTCAAGCGTCT  
GATAAAGTGTAAATAGTCAAATACGGCAACAAAGGACATTACTACTCC  
TTTAGTAGAGACAAAGCCAATGGTGGAAAAACATTACCTGAACAAGGGA  
ATTATGTTTATAGCAAAGAAACCGAGGTGAAAAATACACCTTCAAATCA  
GCCCCAGTAGCTTTCTATGCAAAGAAAGGTGATAAAGTTTCTATGACCA  
AGTATTTAATAAAGATAATGTGAAATGGATTTCATATAAGTCTTTTTGTG  
GCGTACGTCGATACGCACTATTGAGTCACTAGATCCATCAGGAGGTTCA  
GAGACTAAAGCACCTACTCCTGTAACAAATTCAGGAAGCAATAATCAAGA  
GAAATAGCAACGCAAGGAAATTATACATTTTACATAAAGTAGAAGTAA  
AAAATGAAGCTAAGGTAGCGAGTCCAATCAATTTACATTGGACAAAGGA  
GACAGAATTTTTTACGACCAAAATACTAACTATTGAAGGAAATCAGTGGTT  
ATCTTATAAATCATTCAATGGTGTTCGTCGTTTTGTTTTGCTAGGTAAG  
CATCTTCAGTAGAAAAAACTGAAGATAAAGAAAAAGTGTCTCCTCAACCA  
CAAGCCCGTATTACTAAACTGGTAGACTGACTATTTATAACGAAACAAC  
TACAGGTTTTGATATTTAATTACGAATATTAAAGATGATAACGGTATCG  
CTGCTGTTAAGGTACCGGTTTGGACTGAACAAGGAGGCAAGATGATATT  
AAATGGTATACAGCTGTAACACTGCGGATGGCAACTACAAAGTAGCTGT  
ATCATTTGCTGACCATTAAGAATGAGAAGGGTCTTTATAATATTCATTTAT  
ACTACCAAGAAGCTAGTGGGACACTTGTAGGTGTAACAGGAACATAAGTG  
ACAGTAGCTGGAACATAATTCTTCTCAAGAACCTATTGAAATGGTTTAGC  
AAAGACTGGTGTTTATAATATTATCGGAAGTACTGAAGTAAAAAATGAAG  
CTAAATATCAAGTCAGACCCAATTTACTTTAGAAAAAGGTGACAAAATA  
AATTATGATCAAGTATTGACAGCAGATGGTTACCACTGGATTCTTACAA  
ATCTTATAGTGGTGTTCGTCGCTATATTCCTGTGAAAAAGCTAACTACAA  
GTAGTGAAAAAGCGAAAGATGAGGCGACTAAACCGACTAGTTATCCCAAC  
TTACCTAAAACAGGTACCTATACATTTACTAAACTGTAGATGTGAAGAG  
TCAACCTAAAGTATCAAGTCCAGTGAATTTAATTTCAAAGGGTGAAA  
AAATACATTATGATCAAGTGTTAGTAGTAGATGGTCATCAGTGGATTTC  
TACAAGAGTTATTCCGGTATTCGTCGCTATATTGAAATT

SEQ ID NO. 8912

STRAIN 2603 frame: 1

MKKGQVNDTKQSYSLRKYKFLASVILGSFIMVTSVPVFADQTTSVQVNNQTGTSVDANNS  
SNETSASSVITSNNDSVQASDKVNSQNTATKDITPLVETKPMVEKTLPEQGNVYSKE  
TEVKNTPSKSAFVAFYAKKGDKVFYDQVFNKDNVWISYKSFQGVRRYAAIESLDPSGGS  
ETKAPTPTVNSGNNQEKIATQGNVTFSHKVEVKNEAKVASPTQFTLDKGDRIFYDQILT  
IEGNQWLSYKSFNGVRRFVLLGKASSVEKTEDKEKVSPPQARITKTGRLTISNETTTGF  
DILITNIKDDNGIAAVKVPVWTEQGGQDDIKWYTAVTGDNVYKVAVSFADHKNEKGLYN  
IHLYYQEASGTLVGVTGKTVVAGTNSSQEPINGLAKTGVYNIIGSTEVKNEAKISSQT  
QFTLEKGDKNYDQVLTADGYQWISYKSYSGVRRYIPVKKLTTSSEKAKDEATKPTSYPN  
LPKTGYTFTTKTVDVKSQPKVSSPVEFNFQKGEKIHYDQVLVVDGHQWISYKSYSGIRRY  
IEI

SEQ ID NO. 8913

STRAIN 090 frame: 1

KKGQVNDTKQSYSLRKYKFLASVILGSFIMVTSVPVFADQTTSVQVNNQTGTSVDANNS  
NETSASSVITSNNDSVQASDKVNSQNTATKDITPLVETKPMVEKTLPEQGNVYSKET  
EVKNTPSKSAFVAFYAKKGDKVFYDQVFNKDNVWISYKSFQGVRRYAAIESLDPSGGS  
TKAPTPTVNSGNNQEKIATQGNVTFSHKVEVKNEAKVASPTQFTLDKGDRIFYDQILTI  
EGNQWLSYKSFNGVRRFVLLGKASSVEKTEDKEKVSPPQARITKTGRLTISNETTTGFD  
ILITNIKDDNGIAAVKVPVWTEQGGQDDIKWYTAVTGDNVYKVAVSFADHKNEKGLYNI  
IHLYYQEASGTLVGVTGKTVVAGTNSSQEPINGLAKTGVYNIIGSTEVKNEAKISSQT  
FTLEKGDKNYDQVLTADGYQWISYKSYSGVRRYIPVKKLTTSSEKAKDEATKPTSYPNL  
PKTGYTFTTKTVDVKSQPKVSSPVEFNFQKGEKIHYDQVLVVDGHQWISYKSYSGIRRY  
EI

## SEQUENCE LISTING

## SEQ ID NO. 8914

STRAIN A909 frame: 1

KKGQVNDTKQSYSLRKYKFLASVILGSFIMVTSFVFADQTTSVQVNNQTGTSVDANNSS  
 NETSASSVITSNNDSVQASDKVVNSQNTATKDITPLVETKPMVEKTLPEQGNVYVSKET  
 EVKNTPSKSAPVAFYAKKGDVVFYDQVFNKDNVWISYKSFQGVRRYAAIESLDPGGSE  
 TKAPTPTVNSGSNNQEKIATQGNVTFSHKVEVKNEAKVASPTQFTLDKGDRIFYDQILTI  
 EGNQWLSYKSFNGVRRFVLLGKASSVEKTEDKEKVSPPQARITKTGRLTISNETTTGFD  
 ILITNIKDDNGIAAVKVPVWTEQGGQDDIKWYTAVTGDNKYKAVSFADHKNEKGLYNI  
 HLYYQEASGTLVGVGTGKVTVAGTNSSQEPENGLAKTGVYNIIGSTEVEKNEAKISSQTQ  
 FTLEKGDKINYDQVLTADGYQWISYKSYSGVRRYIPVKKLTTSSEKAKDEATKPTSYPNL  
 PKTGTYTFTKTVDVKSQPKVSSPVEFNFQKGEKIHYDQVLVVDGHWISYKSYSGIRRYI  
 EI

## SEQ ID NO. 8915

STRAIN H36B frame: 1

KKGQVNDTKQSYSLRKYKFLASVILGSFIMVTSFVFADQTTSVQVNNQTGTSVDANNSS  
 NETSASSVITSNNDSVQASDKVVNSQNTATKDITPLVETKPMVEKTLPEQGNVYVSKET  
 EVKNTPSKSAPVAFYAKKGDVVFYDQVFNKDNVWISYKSFQGVRRYAAIESLDPGGSE  
 TKAPTPTVNSGSNNQEKIATQGNVTFSHKVEVKNEAKVASPTQFTLDKGDRIFYDQILTI  
 EGNQWLSYKSFNGVRRFVLLGKASSVEKTEDKEKVSPPQARITKTGRLTISNETTTGFD  
 ILITNIKDDNGIAAVKVPVWTEQGGQDDIKWYTAVTGDNKYKAVSFADHKNEKGLYNI  
 HLYYQEASGTLVGVGTGKVTVAGTNSSQEPENGLAKTGVYNIIGSTEVEKNEAKISSQTQ  
 FTLEKGDKINYDQVLTADGYQWISYKSYSGVRRYIPVKKLTTSSEKAKDEATKPTSYPNL  
 PKTGTYTFTKTVDVKSQPKVSSPVEFNFQKGEKIHYDQVLVVDGHWISYKSYSGIRRYI  
 EI

## SEQ ID NO. 8916

STRAIN 18RS21 frame: 1

KKGQVNDTKQSYSLRKYKFLASVILGSFIMVTSFVFADQTTSVQVNNQTGTSVDANNSS  
 NETSASSVITSNNDSVQASDKVVNSQNTATKDITPLVETKPMVEKTLPEQGNVYVSKET  
 EVKNTPSKSAPVAFYAKKGDVVFYDQVFNKDNVWISYKSFQGVRRYAAIESLDPGGSE  
 TKAPTPTVNSGSNNQEKIATQGNVTFSHKVEVKNEAKVASPTQFTLDKGDRIFYDQILTI  
 EGNQWLSYKSFNGVRRFVLLGKASSVEKTEDKEKVSPPQARITKTGRLTISNETTTGFD  
 ILITNIKDDNGIAAVKVPVWTEQGGQDDIKWYTAVTGDNKYKAVSFADHKNEKGLYNI  
 HLYYQEASGTLVGVGTGKVTVAGTNSSQEPENGLAKTGVYNIIGSTEVEKNEAKISSQTQ  
 FTLEKGDKINYDQVLTADGYQWISYKSYSGVRRYIPVKKLTTSSEKAKDEATKPTSYPNL  
 PKTGTYTFTKTVDVKSQPKVSSPVEFNFQKGEKIHYDQVLVVDGHWISYKSYSGIRRYI  
 EI

## SEQ ID NO. 8917

STRAIN M732 frame: 1

QVNDTKQSYSLRKYKFLASVILGSFIMVTSFVFADQTTSVQVNNQTGTSVDANNSSNET  
 SASSVITSNNDSVQASDKVVNSQNTATKDITPLVETKPMVEKTLPEQGNVYVSKETEVEK  
 NTPSKSAPVAFYAKKGDVVFYDQVFNKDNVWISYKSFQGVRRYAAIESLDPGGSETKA  
 PTPVTNSGSNNQEKIATQGNVTFSHKVEVKNEAKVASPTQFTLDKGDRIFYDQILTI  
 EGNQWLSYKSFNGVRRFVLLGKASSVEKTEDKEKVSPPQARITKTGRLTISNETTTGFDILI  
 TNIKDDNGIAAVKVPVWTEQGGQDDIKWYTAVTGDNKYKAVSFADHKNEKGLYNIHLY  
 YQEASGTLVGVGTGKVTVAGTNSSQEPENGLPKTGVYNIIGSTEVEKNEAKISSQTQFTL  
 EKGDKKINYDQVLTADGYQWISYKSYSGVRRYIPVKKLTTSSEKAKDEATKPTSYPNL  
 PKTGTYTFTKTVDVKSQPKVSSPVEFNFQKGEKIHYDQVLVVDGHWISYKSYSGIRRYIEI

## SEQ ID NO. 8918

STRAIN COH1 frame: 1

KKGQVNDTKQSYSLRKYKFLASVILGSFIMVTSFVFADQTTSVQVNNQTGTSVDANNSS  
 NETSASSVITSNNDSVQASDKVVNSQNTATKDITPLVETKPMVEKTLPEQGNVYVSKET  
 EVKNTPSKSAPVAFYAKKGDVVFYDQVFNKDNVWISYKSFQGVRRYAAIESLDPGGSE  
 TKAPTPTVNSGSNNQEKIATQGNVTFSHKVEVKNEAKVASPTQFTLDKGDRIFYDQILTI  
 EGNQWLSYKSFNGVRRFVLLGKASSVEKTEDKEKVSPPQARITKTGRLTISNETTTGFD  
 ILITNIKDDNGIAAVKVPVWTEQGGQDDIKWYTAVTGDNKYKAVSFADHKNEKGLYNI  
 HLYYQEASGTLVGVGTGKVTVAGTNSSQEPENGLPKTGVYNIIGSTEVEKNEAKISSQTQ  
 FTLEKGDKINYDQVLTADGYQWISYKSYSGVRRYIPVKKLTTSSEKAKDEATKPTSYPNL  
 PKTGTYTFTKTVDVKSQPKVSSPVEFNFQKGEKIHYDQVLVVDGHWISYKSYSGIRRYI  
 EI

## SEQUENCE LISTING

## SEQ ID NO. 8919

STRAIN M781 frame: 1

KKGQVNDTKQSYSLRKYKFGLASVILGSFIMVTSFVFADQTTSVQVNNQTGTSVDANNSS  
NETSASSVITSNNDSVQASDKVVNSQNTATKDITPLVETKPMVEKTLPEQGNVYVSKET  
EVKNTPSKSAPVAFYAKKGDKVFYDQVFNKDNVKWISYKSFQGVRRYAAIESLDPGGSE  
TKAPTPVTNSGSNNQEKIATQGNVTFSHKVEVKNEAKVASPTQFTLDKGDRIFYDQILTI  
EGNQWLSYKSFNGVRRFVLLGKASSVEKTEDKEKVSPQPQARITKTGRLTISNETTTGFD  
ILITNIKDDNGIAAVKVPVWTEQGGQDDIKWYTAVTTGDGNYKVAVSFADHKNEKGLYNI  
HLYYQEASGTLVGVTGKTVTAGTNSSQEPINGLPKTGNYIIGSTEVKNEAKISSQTQ  
FTLEKGDKINYDQVLTADGYQWISYKSYSGVRRYIPVKKLTTSSEKAKDEATKPTSYPNL  
PKTGTYTFTKTVDVKSQPKVSSPVEFNFQKGEKIHYDQVLVVDGHQWISYKSYSGIRRYI  
EI

## SEQ ID NO. 8920

STRAIN CJB110 frame: 1

KKGQVNDTKQSYSLRKYKFGLASVILGSFIMVTSFVFADQTTSVQVNNQTGTSVDANNSS  
NETSASSVITSNNDSVQASDKVVNSQNTATKDITPLVETKPMVEKTLPEQGNVYVSKET  
EVKNTPSKSAPVAFYAKKGDKVFYDQVFNKDNVKWISYKSFQGVRRYAAIESLDPGGSE  
TKAPTPVTNSGSNNQEKIATQGNVTFSHKVEVKNEAKVASPTQFTLDKGDRIFYDQILTI  
EGNQWLSYKSFNGVRRFVLLGKASSVEKTEDKEKVSPQPQARITKTGRLTISNETTTGFD  
ILITNIKDDNGIAAVKVPVWTEQGGQDDIKWYTAVTTGDGNYKVAVSFADHKNEKGLYNI  
HLYYQEASGTLVGVTGKTVTAGTNSSQEPINGLAKTGNYIIGSTEVKNEAKISSQTQ  
FTLEKGDKINYDQVLTADGYQWISYKSYSGVRRYIPVKKLTTSSEKAKDEATKPTSYPNL  
PKTGTYTFTKTVDVKSQPKVSSPVEFNFQKGEKIHYDQVLVVDGHQWISYKSYSGIRRYI  
EI

## SEQ ID NO. 8921

STRAIN 1169NT frame: 1

KKGQVNDTKQSYSLRKYKFGLASVILGSFIMVTSFVFADQTTSVQVNNQTGTSVDANNSS  
NETSASSVITSNNDSVQASDKVVNSQNTATKDITPLVETKPMVEKTLPEQGNVYVSKET  
EVKNTPSKSAPVAFYAKKGDKVFYDQVFNKDNVKWISYKSFQGVRRYAAIESLDPGGSE  
TKAPTPVTNSGSNNQEKIATQGNVTFSHKVEVKNEAKVASPTQFTLDKGDRIFYDQILTI  
EGNQWLSYKSFNGVRRFVLLGKASSVEKTEDKEKVSPQPQARITKTGRLTISNETTTGFD  
ILITNIKDDNGIAAVKVPVWTEQGGQDDIKWYTAVTTGDGNYKVAVSFADHKNEKGLYNI  
HLYYQEASGTLVGVTGKTVTAGTNSSQEPINGLAKTGNYIIGSTEVKNEAKISSQTQ  
FTLEKGDKINYDQVLTADGYQWISYKSYSGVRRYIPVKKLTTSSEKAKDEATKPTSYPNL  
PKTGTYTFTKTVDVKSQPKVSSPVEFNFQKGEKIHYDQVLVVDGHQWISYKSYSGIRRYI  
EI

## SEQ ID NO. 8922

STRAIN JM9130013 frame: 1

KKGQVNDTKQSYSLRKYKFGLASVILGSFIMVTSFVFADQTTSVQVNNQTGTSVDANNSS  
NETSASSVITSNNDSVQASDKVVNSQNTATKDITPLVETKPMVEKTLPEQGNVYVSKET  
EVKNTPSKSAPVAFYAKKGDKVFYDQVFNKDNVKWISYKSFQGVRRYAAIESLDPGGSE  
TKAPTPVTNSGSNNQEKIATQGNVTFSHKVEVKNEAKVASPTQFTLDKGDRIFYDQILTI  
EGNQWLSYKSFNGVRRFVLLGKASSVEKTEDKEKVSPQPQARITKTGRLTIYNETTTGFD  
ILITNIKDDNGIAAVKVPVWTEQGGQDDIKWYTAVTTGDGNYKVAVSFADHKNEKGLYNI  
HLYYQEASGTLVGVTGKTVTAGTNSSQEPINGLAKTGNYIIGSTEVKNEAKISSQTQ  
FTLEKGDKINYDQVLTADGYQWISYKSYSGVRRYIPVKKLTTSSEKAKDEATKPTSYPNL  
PKTGTYTFTKTVDVKSQPKVSSPVEFNFQKGEKIHYDQVLVVDGHQWISYKSYSGIRRYI  
EI

Table 1: Complete list of GBS predicted genes

ORF	Size (a.a.)	Annotation
SAG0001	453	chromosomal replication initiator protein DnaA
SAG0002	378	DNA polymerase III, beta subunit
SAG0003	293	diacylglycerol kinase catalytic domain protein, putative
SAG0004	65	conserved hypothetical protein
SAG0005	67	hypothetical protein
SAG0006	371	GTP-binding protein YchF
SAG0007	191	peptidyl-tRNA hydrolase
SAG0008	1165	transcription-repair coupling factor
SAG0009	31	hypothetical protein
SAG0010	90	S4 domain protein
SAG0011	123	cell division protein DivIC, putative
SAG0012	44	conserved hypothetical protein
SAG0013	428	protein of unknown function
SAG0014	424	MesJ/Ycf62 family protein
SAG0015	180	hypoxanthine-guanine phosphoribosyltransferase
SAG0016	658	cell division protein FtsH
SAG0017	447	pcsB protein
SAG0018	322	ribose-phosphate pyrophosphokinase
SAG0019	391	aminotransferase, class I
SAG0020	253	recombination protein O
SAG0021	283	protease, putative
SAG0022	330	fatty acid/phospholipid synthesis protein PlsX
SAG0023	79	acyl carrier protein
SAG0024	234	phosphoribosylaminoimidazole-succinocarboxamide synthase
SAG0025	1241	phosphoribosylformylglycinamide synthase, putative
SAG0026	484	amidophosphoribosyltransferase
SAG0027	340	phosphoribosylformylglycinamide cyclo-ligase
SAG0028	182	phosphoribosylglycinamide formyltransferase
SAG0029	250	acetyltransferase, GNAT family
SAG0030	515	phosphoribosylaminoimidazolecarboxamide formyltransferase/IMP cyclohydrolase
SAG0031	299	peptidase, M23/M37 family
SAG0032	434	group B streptococcal surface immunogenic protein
SAG0033	232	N-acetylmannosamine-6-P epimerase, putative
SAG0034	438	sugar ABC transporter, sugar-binding protein
SAG0035	295	sugar ABC transporter, permease protein
SAG0036	276	sugar ABC transporter, permease protein
SAG0037	147	conserved hypothetical protein
SAG0038	220	conserved hypothetical protein
SAG0039	305	N-acetylneuraminate lyase, putative
SAG0040	293	ROK family protein
SAG0041	325	acetyl xylan esterase, putative
SAG0042	267	phosphosugar-binding transcriptional regulator, RpiR family, putative
SAG0043	421	phosphoribosylamine--glycine ligase
SAG0044	162	phosphoribosylaminoimidazole carboxylase, catalytic subunit
SAG0045	363	phosphoribosylaminoimidazole carboxylase, ATPase subunit
SAG0046	463	membrane protein, putative

Table 1: Complete list of GBS predicted genes

ORF	Size (a.a.)	Annotation
SAG0047	432	adenylosuccinate lyase
SAG0048	303	transcriptional regulator, Cro/CI family
SAG0049	332	Holliday junction DNA helicase RuvB
SAG0050	145	phosphotyrosine protein phosphatase, low molecular weight
SAG0051	126	MORN motif family protein
SAG0052	592	membrane protein, putative
SAG0053	880	aldehyde-alcohol dehydrogenase
SAG0054	338	alcohol dehydrogenase, propanol-preferring
SAG0055	496	threonine synthase
SAG0056	412	MATE efflux family protein
SAG0057	102	ribosomal protein S10
SAG0058	208	ribosomal protein L3
SAG0059	207	ribosomal protein L4
SAG0060	98	ribosomal protein L23
SAG0061	277	ribosomal protein L2
SAG0062	92	ribosomal protein S19
SAG0063	114	ribosomal protein L22
SAG0064	217	ribosomal protein S3
SAG0065	137	ribosomal protein L16
SAG0066	68	ribosomal protein L29
SAG0067	86	ribosomal protein S17
SAG0068	122	ribosomal protein L14
SAG0069	101	ribosomal protein L24
SAG0070	180	ribosomal protein L5
SAG0071	61	ribosomal protein S14, putative
SAG0072	132	ribosomal protein S8
SAG0073	178	ribosomal protein L6
SAG0074	118	ribosomal protein L18
SAG0075	164	ribosomal protein S5
SAG0076	59	ribosomal protein L30
SAG0077	146	ribosomal protein L15
SAG0078	434	preprotein translocase, SecY subunit
SAG0079	212	adenylate kinase
SAG0080	72	translation initiation factor IF-1
SAG0081	38	ribosomal protein L36
SAG0082	121	ribosomal protein S13
SAG0083	118	ribosomal protein S11
SAG0084	312	DNA-directed RNA polymerase, alpha subunit
SAG0085	128	ribosomal protein L17
SAG0086	85	lipoprotein, putative
SAG0087	59	hypothetical protein
SAG0088	56	hypothetical protein
SAG0089	183	conserved hypothetical protein
SAG0090	139	conserved hypothetical protein
SAG0091	144	transcriptional regulator ComX1, putative
SAG0092	230	phosphoglycerate mutase family protein
SAG0093	250	D-alanyl-D-alanine carboxypeptidase family protein
SAG0094	191	N-acetylmuramoyl-L-alanine amidase, family 4 protein

Table 1: Complete list of GBS predicted genes

ORF	Size (a.a.)	Annotation
SAG0095	344	heat-inducible transcription repressor HrcA
SAG0096	190	heat shock protein GrpE
SAG0097	609	dnaK protein
SAG0098	379	dnaJ protein
SAG0099	415	transcriptional regulator, GntR family
SAG0100	258	tRNA pseudouridine synthase A
SAG0101	252	phosphomethylpyrimidine kinase, putative
SAG0102	154	conserved hypothetical protein
SAG0103	189	conserved hypothetical protein TIGR01440
SAG0104	280	conserved hypothetical protein
SAG0105	427	trigger factor
SAG0106	191	DNA-directed RNA polymerase, delta subunit, putative
SAG0107	534	CTP synthase
SAG0108	308	conserved hypothetical protein
SAG0109	148	deoxyuridine 5'-triphosphate nucleotidohydrolase
SAG0110	454	DNA repair protein RadaA
SAG0111	165	carbonic anhydrase-related protein
SAG0112	439	pyridine nucleotide-disulphide oxidoreductase family protein
SAG0113	484	glutamyl-tRNA synthetase
SAG0114	322	ribose ABC transporter, periplasmic D-ribose-binding protein
SAG0115	310	ribose ABC transporter, permease protein
SAG0116	492	ribose ABC transporter, ATP-binding protein
SAG0117	132	ribose ABC transporter protein RbsD
SAG0118	303	ribokinase
SAG0119	328	ribose operon repressor RbsR
SAG0120	32	hypothetical protein
SAG0121	362	permease, putative
SAG0122	228	ABC transporter, ATP-binding protein
SAG0123	223	DNA-binding response regulator
SAG0124	356	sensor histidine kinase
SAG0125	396	argininosuccinate synthase
SAG0126	462	argininosuccinate lyase
SAG0127	293	fructose-bisphosphate aldolase
SAG0128	305	L-2-hydroxyisocaproate dehydrogenase
SAG0129	62	ribosomal protein L28
SAG0130	121	conserved hypothetical protein
SAG0131	543	DAK2 domain protein
SAG0132	294	SPFH domain/Band 7 family protein
SAG0133	38	conserved hypothetical protein
SAG0134	96	hypothetical protein
SAG0135	246	amino acid ABC transporter, ATP-binding protein
SAG0136	516	amino acid ABC transporter, amino acid-binding protein/permease protein
SAG0137	627	conserved hypothetical protein
SAG0138	279	undecaprenol kinase, putative
SAG0139	251	negative regulator of competence MecA, putative
SAG0140	386	glycosyl transferase, group 4 family protein
SAG0141	256	ABC transporter, ATP-binding protein



Table 1: Complete list of GBS predicted genes

ORF	Size (a.a.)	Annotation
SAG0142	420	conserved hypothetical protein
SAG0143	410	selenocysteine lyase
SAG0144	147	NifU family protein
SAG0145	472	conserved hypothetical protein
SAG0146	395	penicillin-binding protein 4, putative
SAG0147	411	D-alanyl-D-alanine carboxypeptidase family protein
SAG0148	551	oligopeptide ABC transporter, substrate-binding protein, putative
SAG0149	304	oligopeptide ABC transporter, permease protein
SAG0150	343	oligopeptide ABC transporter, permease protein
SAG0151	348	oligopeptide ABC transporter, ATP-binding protein
SAG0152	310	oligopeptide ABC transporter, ATP-binding protein
SAG0153	283	4-diphosphocytidyl-2C-methyl-D-erythritol kinase
SAG0154	147	adc operon repressor AdcR
SAG0155	236	zinc ABC transporter, ATP-binding protein
SAG0156	270	zinc ABC transporter, permease protein
SAG0157	NA	deoxyribonuclease-related protein, degenerate
SAG0158	419	tyrosyl-tRNA synthetase
SAG0159	765	penicillin-binding protein 1B, putative
SAG0160	1191	DNA-directed RNA polymerase, beta subunit
SAG0161	1216	DNA-directed RNA polymerase beta' subunit
SAG0162	121	conserved hypothetical protein
SAG0163	323	competence protein CglA
SAG0164	282	competence protein CglB
SAG0165	151	conserved hypothetical protein
SAG0166	123	conserved domain protein
SAG0167	324	conserved hypothetical protein
SAG0168	397	acetate kinase
SAG0169	68	transcriptional regulator, Cro/CI family
SAG0170	45	hypothetical protein
SAG0171	151	hypothetical protein
SAG0172	221	protease, putative
SAG0173	256	pyrroline-5-carboxylate reductase
SAG0174	355	glutamyl-aminopeptidase
SAG0175	79	hypothetical protein
SAG0176	94	conserved hypothetical protein
SAG0177	107	thioredoxin family protein
SAG0178	208	tRNA binding domain protein
SAG0179	238	conserved hypothetical protein
SAG0180	131	single-strand binding protein
SAG0181	214	hydrolase, haloacid dehalogenase-like family
SAG0182	581	sensor histidine kinase, putative
SAG0183	246	response regulator
SAG0184	151	conserved hypothetical protein
SAG0185	242	membrane protein, putative
SAG0186	36	hypothetical protein
SAG0187	542	oligopeptide ABC transporter, oligopeptide-binding protein
SAG0188	325	oligopeptide ABC transporter, permease protein
SAG0189	273	oligopeptide ABC transporter, permease protein

Table 1: Complete list of GBS predicted genes

ORF	Size (a.a.)	Annotation
SAG0190	267	peptide ABC transporter, ATP-binding protein
SAG0191	208	peptide ABC transporter, ATP-binding protein
SAG0192	676	PTS system, IIBC components
SAG0193	541	alpha amylase family protein
SAG0194	639	transcriptional antiterminator, BglG family
SAG0195	377	IS1548, transposase
SAG0196	66	conserved domain protein
SAG0197	94	PTS system, IIB component, putative
SAG0198	451	PTS system, IIC component, putative
SAG0199	285	transketolase, N-terminal subunit
SAG0200	309	transketolase, C-terminal subunit
SAG0201	419	oxidoreductase, putative
SAG0202	89	ribosomal protein S15
SAG0203	709	polyribonucleotide nucleotidyltransferase
SAG0204	250	conserved hypothetical protein
SAG0205	194	serine O-acetyltransferase
SAG0206	60	lipoprotein, putative
SAG0207	447	cysteinyl-tRNA synthetase
SAG0208	128	conserved hypothetical protein
SAG0209	251	RNA methyltransferase, TrmH family, group 3
SAG0210	172	conserved hypothetical protein
SAG0211	286	DegV family protein
SAG0212	32	hypothetical protein
SAG0213	39	hypothetical protein
SAG0214	148	ribosomal protein L13
SAG0215	130	ribosomal protein S9
SAG0216	33	hypothetical protein
SAG0217	384	site-specific recombinase, phage integrase family
SAG0218	158	transcriptional regulator, Cro/CI family
SAG0219	101	hypothetical protein
SAG0220	92	conserved hypothetical protein
SAG0221	76	hypothetical protein
SAG0222	108	conserved domain protein
SAG0223	209	conserved hypothetical protein, fusion
SAG0224	332	replication initiation protein, putative
SAG0225	144	hypothetical protein
SAG0226	418	recombination protein
SAG0227	156	hypothetical protein
SAG0228	111	conserved hypothetical protein
SAG0229	95	conserved hypothetical protein
SAG0230	96	conserved hypothetical protein
SAG0231	135	hypothetical protein
SAG0232	186	hypothetical protein
SAG0233	226	hypothetical protein
SAG0234	128	hypothetical protein
SAG0235	93	hypothetical protein
SAG0236	32	hypothetical protein
SAG0237	34	hypothetical protein

Table 1: Complete list of GBS predicted genes

ORF	Size (a.a.)	Annotation
SAG0238	41	hypothetical protein
SAG0239	286	transcriptional regulator MutR family
SAG0240	393	transporter, putative
SAG0241	213	amino acid ABC transporter, permease protein
SAG0242	308	amino acid ABC transporter, amino acid-binding protein
SAG0243	211	amino acid ABC transporter, permease protein
SAG0244	381	amino acid ABC transporter, ATP-binding protein
SAG0245	152	protein of unknown function/lipoprotein, putative
SAG0246	268	hypothetical protein
SAG0247	116	hypothetical protein
SAG0248	90	hypothetical protein
SAG0249	116	hypothetical protein
SAG0250	193	membrane protein, putative
SAG0251	72	transcriptional regulator, Cro/C1 family
SAG0252	186	acetyltransferase, GNAT family
SAG0253	192	acetyltransferase, GNAT family
SAG0254	226	acetyltransferase, GNAT family
SAG0255	315	conserved hypothetical protein
SAG0256	163	RNA polymerase sigma factor, ECF subfamily
SAG0257	53	lipoprotein, putative
SAG0258	202	transcriptional regulator, TetR family
SAG0259	365	ABC transporter efflux protein, DrrB family, putative
SAG0260	238	ABC transporter, ATP-binding protein
SAG0261	129	IS1381, transposase OrfB
SAG0262	127	IS1381, transposase OrfA
SAG0263	171	hypothetical protein
SAG0264	103	conserved hypothetical protein
SAG0265	235	conserved hypothetical protein
SAG0266	382	N-acetylglucosamine-6-phosphate deacetylase
SAG0267	180	conserved hypothetical protein
SAG0268	304	glycyl-tRNA synthetase, alpha subunit
SAG0269	213	acyl carrier protein phosphodiesterase, putative
SAG0270	679	glycyl-tRNA synthetase, beta subunit
SAG0271	85	conserved hypothetical protein
SAG0272	87	membrane protein, putative
SAG0273	502	glycerol kinase
SAG0274	609	alpha-glycerophosphate oxidase
SAG0275	232	glycerol uptake facilitator protein
SAG0276	445	NADH oxidase, putative
SAG0277	476	conserved hypothetical protein
SAG0278	661	transketolase
SAG0279	101	conserved hypothetical protein
SAG0280	244	ABC transporter, ATP-binding protein
SAG0281	534	membrane protein, putative
SAG0282	461	PTS system, IIBC components
SAG0283	267	glutamate 5-kinase
SAG0284	417	gamma-glutamyl phosphate reductase
SAG0285	298	conserved hypothetical protein TIGR00006

Table 1: Complete list of GBS predicted genes

ORF	Size (a.a.)	Annotation
SAG0286	108	cell division protein FtsL, putative
SAG0287	752	penicillin-binding protein 2X
SAG0288	336	phospho-N-acetylmuramoyl-pentapeptide-transferase
SAG0289	447	ATP-dependent RNA helicase, DEAD/DEAH box family
SAG0290	270	ABC transporter, substrate-binding protein
SAG0291	267	amino acid ABC transporter, permease protein
SAG0292	247	amino acid ABC transporter, ATP-binding protein
SAG0293	74	conserved hypothetical protein
SAG0294	304	thioredoxin reductase
SAG0295	486	conserved hypothetical protein
SAG0296	273	NAD synthetase
SAG0297	444	aminopeptidase C
SAG0298	750	penicillin-binding protein 1A
SAG0299	199	recombination protein U
SAG0300	172	conserved hypothetical protein
SAG0301	40	hypothetical protein
SAG0302	110	conserved hypothetical protein
SAG0303	384	conserved hypothetical protein
SAG0304	487	conserved hypothetical protein
SAG0305	160	autoinducer-2 production protein LuxS
SAG0306	535	KH domain protein
SAG0307	33	hypothetical protein
SAG0308	298	ABC transporter, ATP-binding protein
SAG0309	246	ABC transporter, permease protein, putative
SAG0310	361	conserved hypothetical protein
SAG0311	NA	DNA-binding response regulator, authentic point mutation
SAG0312	234	conserved hypothetical protein
SAG0313	209	guanylate kinase
SAG0314	104	DNA-directed RNA polymerase, omega subunit, putative
SAG0315	796	primosomal protein N'
SAG0316	311	methionyl-tRNA formyltransferase
SAG0317	440	sun protein
SAG0318	245	serine/threonine phosphatase, putative
SAG0319	651	serine/threonine protein kinase
SAG0320	231	conserved hypothetical protein
SAG0321	339	sensor histidine kinase, putative
SAG0322	213	DNA-binding response regulator
SAG0323	466	hydrolase, haloacid dehalogenase family/peptidyl-prolyl cis-trans isomerase, cyclophilin type
SAG0324	124	general stress protein, putative
SAG0325	258	pyruvate formate-lyase-activating enzyme
SAG0326	251	transcriptional regulator, DeoR family
SAG0327	327	transcriptional regulator, putative
SAG0328	107	PTS system, cellobiose-specific IIA component
SAG0329	106	PTS system, cellobiose-specific IIB component
SAG0330	433	PTS system, cellobiose-specific IIC component
SAG0331	818	formate acetyltransferase
SAG0332	222	transaldolase family protein

Table 1: Complete list of GBS predicted genes

ORF	Size (a.a.)	Annotation
SAG0333	362	glycerol dehydrogenase
SAG0334	308	cysteine synthase A
SAG0335	214	conserved hypothetical protein TIGR00257
SAG0336	429	helicase, putative
SAG0337	221	competence protein F, putative
SAG0338	184	ribosomal subunit interface protein
SAG0339	450	aspartate kinase family protein
SAG0340	216	hydrolase, haloacid dehalogenase-like family
SAG0341	49	hypothetical protein
SAG0342	263	enoyl-CoA hydratase/isomerase family protein
SAG0343	144	transcriptional regulator, MarR family
SAG0344	323	3-oxoacyl-(acyl-carrier-protein) synthase III
SAG0345	74	acyl carrier protein
SAG0346	319	enoyl-(acyl-carrier-protein) reductase II
SAG0347	308	malonyl CoA-acyl carrier protein transacylase
SAG0348	244	3-oxoacyl-[acyl-carrier protein] reductase
SAG0349	410	3-oxoacyl-(acyl-carrier-protein) synthase II
SAG0350	166	acetyl-CoA carboxylase, biotin carboxyl carrier protein
SAG0351	140	(3R)-hydroxymyristoyl-(acyl-carrier-protein) dehydratase
SAG0352	456	acetyl-CoA carboxylase, biotin carboxylase
SAG0353	291	acetyl-CoA carboxylase, carboxyl transferase, beta subunit
SAG0354	257	acetyl-CoA carboxylase, carboxyl transferase, alpha subunit
SAG0355	210	conserved hypothetical protein
SAG0356	425	seryl-tRNA synthetase
SAG0357	330	membrane protein, putative
SAG0358	120	conserved hypothetical protein
SAG0359	303	PTS system, mannose-specific IID component
SAG0360	270	PTS system, mannose-specific IIC component
SAG0361	336	PTS system, mannose-specific IIAB components
SAG0362	270	hydrolase, haloacid dehalogenase-like family
SAG0363	194	hypothetical protein
SAG0364	203	membrane protein, putative
SAG0365	473	xanthine/uracil permease family protein
SAG0366	169	conserved hypothetical protein TIGR00150
SAG0367	186	acetyltransferase, GNAT family
SAG0368	435	protein of unknown function
SAG0369	98	conserved hypothetical protein
SAG0370	139	HIT family protein
SAG0371	167	hypothetical protein
SAG0372	85	hypothetical protein
SAG0373	241	ABC transporter, ATP-binding protein
SAG0374	344	ABC transporter, permease protein
SAG0375	266	conserved hypothetical protein
SAG0376	211	conserved hypothetical protein TIGR00091
SAG0377	127	conserved hypothetical protein
SAG0378	379	N utilization substance protein A
SAG0379	98	conserved hypothetical protein
SAG0380	100	ribosomal protein L7A family

Table 1: Complete list of GBS predicted genes

ORF	Size (a.a.)	Annotation
SAG0381	927	translation initiation factor IF-2
SAG0382	122	ribosome-binding factor A
SAG0383	334	protein of unknown function/lipoprotein, putative
SAG0384	138	transcriptional repressor CopY
SAG0385	744	copper-transporter ATPase CopA
SAG0386	68	copper-transporter protein CopZ
SAG0387	204	membrane protein, putative
SAG0388	270	hydrolase, haloacid dehalogenase-like family
SAG0389	880	DNA polymerase I
SAG0390	146	CoA-binding domain protein
SAG0391	159	transcriptional regulator, Fur family
SAG0392	521	cell wall surface anchor family protein
SAG0393	228	DNA-binding response regulator
SAG0394	345	sensor histidine kinase
SAG0395	246	membrane protein, putative
SAG0396	380	queuine tRNA-ribosyltransferase
SAG0397	102	conserved hypothetical protein
SAG0398	179	BioY family protein
SAG0399	258	AtsA/ElaC family protein
SAG0400	168	cytidine/deoxycytidylate deaminase family protein
SAG0401	44	hypothetical protein
SAG0402	449	glucose-6-phosphate isomerase
SAG0403	175	5-formyltetrahydrofolate cyclo-ligase family protein
SAG0404	225	rhomboid family protein
SAG0405	347	protein of unknown function/lipoprotein, putative
SAG0406	299	UTP-glucose-1-phosphate uridylyltransferase
SAG0407	338	glycerol-3-phosphate dehydrogenase (NAD(P)+)
SAG0408	109	ribonuclease P protein component
SAG0409	271	SpoIIIJ family protein
SAG0410	273	R3H domain protein
SAG0411	177	conserved hypothetical protein
SAG0412	258	recX protein
SAG0413	451	RNA methyltransferase, TrmA family
SAG0414	153	conserved hypothetical protein
SAG0415	142	acetyltransferase, GNAT family
SAG0416	1233	protease, putative
SAG0417	302	glycosyl transferase, group 2 family protein
SAG0418	336	ribonucleoside-diphosphate reductase 2, beta subunit
SAG0419	137	nrdI protein
SAG0420	721	ribonucleoside-diphosphate reductase 2, alpha subunit
SAG0421	1055	cell wall surface anchor family protein
SAG0422	129	conserved hypothetical protein
SAG0423	132	conserved domain protein
SAG0424	94	hypothetical protein
SAG0425	105	carboxymuconolactone decarboxylase family protein
SAG0426	131	conserved hypothetical protein
SAG0427	129	transcriptional regulator, MerR family
SAG0428	345	alcohol dehydrogenase, zinc-containing

Table 1: Complete list of GBS predicted genes

ORF	Size (a.a.)	Annotation
SAG0429	284	oxidoreductase, aldo/keto reductase family
SAG0430	287	cation efflux system protein
SAG0431	174	transcriptional regulator, TetR family
SAG0432	397	transcriptional regulator, AraC family
SAG0433	1389	surface protein Rib
SAG0434	61	transposase, IS256 family, truncation
SAG0435	97	DNA-damage-inducible protein J, putative
SAG0436	62	hypothetical protein
SAG0437	123	lipoprotein, putative
SAG0438	145	bacteriophage L54a, integrase, truncation
SAG0439	NA	conserved hypothetical protein, degenerate
SAG0440	84	conserved hypothetical protein
SAG0441	103	conserved domain protein
SAG0442	189	acetyltransferase, GNAT family
SAG0443	194	acetyltransferase, GNAT family
SAG0444	188	conserved hypothetical protein
SAG0445	883	valyl-tRNA synthetase
SAG0446	319	oxidoreductase, Gfo/Idh/MocA family
SAG0447	287	magnesium transporter, CorA family
SAG0448	391	transposase, IS256 family
SAG0449	354	conserved hypothetical protein
SAG0450	330	aspartate-ammonia ligase
SAG0451	149	bacteriocin transport accessory protein, putative
SAG0452	179	type II DNA modification methyltransferase, putative
SAG0453	96	hypothetical protein
SAG0454	161	phosphopantetheine adenylyltransferase
SAG0455	357	conserved hypothetical protein
SAG0456	NA	conserved hypothetical protein, degenerate
SAG0457	192	conserved hypothetical protein
SAG0458	368	conserved hypothetical protein TIGR00048
SAG0459	171	VanZF domain protein
SAG0460	581	ABC transporter, ATP-binding/permease protein
SAG0461	579	ABC transporter, ATP-binding/permease protein
SAG0462	188	anthranilate synthase component II
SAG0463	179	BioY family protein
SAG0464	330	biotin synthetase
SAG0465	164	hypothetical protein
SAG0466	371	thiolase
SAG0467	409	AMP-binding enzyme domain protein
SAG0468	210	endonuclease III
SAG0469	131	type IV prepilin peptidase-related protein
SAG0470	69	conserved hypothetical protein
SAG0471	322	glucokinase
SAG0472	126	rhodanese-like family protein
SAG0473	613	elongation factor Tu family protein
SAG0474	81	conserved hypothetical protein
SAG0475	451	UDP-N-acetylmuramoylalanine--D-glutamate ligase
SAG0476	358	UDP-N-acetylglucosamine--N-acetylmuramyl-(pentapeptide)

Table 1: Complete list of GBS predicted genes

ORF	Size (a.a.)	Annotation
		pyrophosphoryl-undecaprenol N-acetylglucosamine transferase
SAG0477	378	cell division protein DivIB, putative
SAG0478	429	cell division protein FtsA
SAG0479	426	cell division protein FtsZ
SAG0480	224	ylmE protein, putative
SAG0481	201	ylmF protein
SAG0482	84	YGGT family protein
SAG0483	262	ylmH protein
SAG0484	256	cell division protein DivIVA, putative
SAG0485	930	isoleucyl-tRNA synthetase
SAG0486	100	conserved hypothetical protein
SAG0487	151	MutT/nudix family protein
SAG0488	753	ATP-dependent Clp protease, ATP-binding subunit
SAG0489	34	hypothetical protein
SAG0490	76	conserved hypothetical protein
SAG0491	230	amino acid ABC transporter, permease protein
SAG0492	244	amino acid ABC transporter, ATP-binding protein
SAG0493	564	phosphoglucomutase/phosphomannomutase family protein
SAG0494	284	methylenetetrahydrofolate dehydrogenase/methenyltetrahydrofolate cyclohydrolase
SAG0495	278	protein of unknown function
SAG0496	446	exodeoxyribonuclease VII, large subunit
SAG0497	71	exodeoxyribonuclease VII, small subunit
SAG0498	290	geranyltranstransferase, putative
SAG0499	275	hemolysin A
SAG0500	157	arginine repressor ArgR, putative
SAG0501	552	DNA repair protein RecN
SAG0502	278	DegV family protein
SAG0503	279	lipase/acylhydrolase
SAG0504	200	conserved hypothetical protein
SAG0505	91	DNA-binding protein HU
SAG0506	65	hypothetical protein
SAG0507	310	dihydroorotate dehydrogenase A
SAG0508	411	beta-lactam resistance factor
SAG0509	403	beta-lactam resistance factor
SAG0510	406	murM protein, putative
SAG0511	270	hydrolase, haloacid dehalogenase-like family
SAG0512	438	HD domain protein
SAG0513	128	conserved hypothetical protein
SAG0514	894	cation-transporting ATPase, E1-E2 family
SAG0515	286	conserved hypothetical protein
SAG0516	643	fructose-1,6-bisphosphatase, putative
SAG0517	374	iron-sulfur cluster-binding protein, putative
SAG0518	NA	peptide chain release factor 2, programmed frameshift
SAG0519	230	cell division ABC transporter, ATP-binding protein FtsE
SAG0520	309	cell division ABC transporter, permease protein FtsX
SAG0521	236	carboxymethylenebutenolidase-related protein
SAG0522	232	metallo-beta-lactamase superfamily protein



Table 1: Complete list of GBS predicted genes

ORF	Size (a.a.)	Annotation
SAG0523	254	oxidoreductase, short chain dehydrogenase/reductase family
SAG0524	835	DNA polymerase III, epsilon subunit/ATP-dependent helicase DinG
SAG0525	397	aspartate aminotransferase
SAG0526	448	asparaginyl-tRNA synthetase
SAG0527	185	conserved hypothetical protein
SAG0528	327	inosine-uridine preferring nucleoside hydrolase
SAG0529	38	hypothetical protein
SAG0530	137	OsmC/Ohr family protein
SAG0531	296	conserved hypothetical protein
SAG0532	324	conserved hypothetical protein
SAG0533	303	conserved hypothetical protein
SAG0534	465	dipeptidase
SAG0535	506	zinc ABC transporter, zinc-binding adhesion liprotein
SAG0536	86	ribosomal protein L31
SAG0537	311	DHH family protein
SAG0538	340	adenosine deaminase, putative
SAG0539	147	flavodoxin
SAG0540	91	chorismate mutase, putative
SAG0541	398	voltage-gated chloride channel family protein
SAG0542	127	IS1381, transposase OrfA
SAG0543	129	IS1381, transposase OrfB
SAG0544	115	ribosomal protein L19
SAG0545	359	prophage LambdaSa1, site-specific recombinase, phage integrase family
SAG0546	67	conserved domain protein
SAG0547	185	hypothetical protein
SAG0548	265	prophage LambdaSa1, repressor protein, putative
SAG0549	47	hypothetical protein
SAG0550	74	conserved hypothetical protein
SAG0551	52	conserved hypothetical protein
SAG0552	62	hypothetical protein
SAG0553	268	hypothetical protein
SAG0554	63	prophage LambdaSa1, transcriptional regulator, Cro/CI family
SAG0555	249	prophage LambdaSa1, antirepressor, putative
SAG0556	47	hypothetical protein
SAG0557	76	hypothetical protein
SAG0558	74	hypothetical protein
SAG0559	286	conserved hypothetical protein
SAG0560	77	conserved hypothetical protein
SAG0561	46	hypothetical protein
SAG0562	84	hypothetical protein
SAG0563	53	hypothetical protein
SAG0564	160	conserved hypothetical protein
SAG0565	224	conserved domain protein
SAG0566	138	prophage LambdaSa1, single-strand binding protein
SAG0567	439	prophage LambdaSa1, reverse transcriptase/maturase family protein

Table 1: Complete list of GBS predicted genes

ORF	Size (a.a.)	Annotation
SAG0568	67	conserved hypothetical protein
SAG0569	158	conserved hypothetical protein
SAG0570	115	hypothetical protein
SAG0571	43	hypothetical protein
SAG0572	138	conserved hypothetical protein
SAG0573	54	hypothetical protein
SAG0574	89	conserved hypothetical protein
SAG0575	110	hypothetical protein
SAG0576	43	hypothetical protein
SAG0577	177	conserved hypothetical protein
SAG0578	88	conserved hypothetical protein
SAG0579	142	conserved hypothetical protein
SAG0580	111	conserved hypothetical protein, truncation
SAG0581	118	conserved hypothetical protein
SAG0582	422	conserved hypothetical protein
SAG0583	406	conserved hypothetical protein
SAG0584	62	conserved hypothetical protein, truncation
SAG0585	471	conserved hypothetical protein
SAG0586	154	conserved hypothetical protein
SAG0587	300	prophage LambdaSa1, structural protein, putative
SAG0588	71	conserved hypothetical protein
SAG0589	143	conserved hypothetical protein
SAG0590	112	conserved hypothetical protein
SAG0591	78	conserved hypothetical protein
SAG0592	111	conserved hypothetical protein
SAG0593	185	prophage LambdaSa1, structural protein
SAG0594	81	conserved hypothetical protein
SAG0595	123	conserved hypothetical protein
SAG0596	670	prophage LambdaSa1, pblA protein, internal deletion
SAG0597	506	prophage LambdaSa1, minor structural protein, putative
SAG0598	1374	prophage LambdaSa1, N-acetylmuramoyl-L-alanine amidase, family 4
SAG0599	668	prophage LambdaSa1, minor structural protein, putative
SAG0600	109	hypothetical protein
SAG0601	70	hypothetical protein
SAG0602	100	conserved hypothetical protein
SAG0603	111	conserved hypothetical protein
SAG0604	239	prophage LambdaSa1, lysin, putative
SAG0605	323	conserved hypothetical protein
SAG0606	66	conserved hypothetical protein
SAG0607	56	conserved hypothetical protein
SAG0608	59	hypothetical protein
SAG0609	NA	prophage LambdaSa1, integrase, degenerate
SAG0610	134	conserved hypothetical protein
SAG0611	NA	transposase, degenerate
SAG0612	53	conserved hypothetical protein
SAG0613	425	transmembrane protein Vexp1
SAG0614	218	ABC transporter, ATP-binding protein Vexp2

Table 1: Complete list of GBS predicted genes

ORF	Size (a.a.)	Annotation
SAG0615	458	transmembrane protein Vexp3
SAG0616	217	DNA-binding response regulator VncR
SAG0617	439	sensor histidine kinase VncS
SAG0618	195	transposase OrfB, IS3 family, truncation
SAG0619	66	conserved hypothetical protein
SAG0620	62	hypothetical protein
SAG0621	401	rod shape-determining protein RodA, putative□
SAG0622	186	hydrolase, haloacid dehalogenase-like family
SAG0623	650	DNA gyrase, B subunit
SAG0624	574	septation ring formation regulator EzrA, putative
SAG0625	213	phosphoserine phosphatase SerB
SAG0626	161	MutT/nudix family protein
SAG0627	151	conserved hypothetical protein
SAG0628	435	enolase
SAG0629	354	conserved domain protein
SAG0630	427	3-phosphoshikimate 1-carboxyvinyltransferase
SAG0631	170	shikimate kinase
SAG0632	457	psr protein
SAG0633	451	RNA methyltransferase, TrmA family
SAG0634	70	hypothetical protein
SAG0635	245	acid phosphatase, class B
SAG0636	172	conserved hypothetical protein
SAG0637	NA	transcriptional regulator, TetR family, putative, authentic frameshift
SAG0638	109	cell wall surface anchor family protein, truncation
SAG0639	273	transposase OrfB, IS3 family
SAG0640	91	transposase OrfA, IS3 family
SAG0641	NA	Tn5252, Orf 10 protein, degenerate
SAG0642	59	hypothetical protein
SAG0643	NA	chaperonin, 33 kDa, degenerate
SAG0644	402	transcriptional regulator, AraC family
SAG0645	554	cell wall surface anchor family protein
SAG0646	307	cell wall surface anchor family protein
SAG0647	305	sortase family protein
SAG0648	260	sortase family protein
SAG0649	890	cell wall surface anchor family protein, putative
SAG0650	189	sortase family protein
SAG0651	201	protein of unknown function
SAG0652	NA	Tn5252, Orf 28 protein, degenerate
SAG0653	NA	conserved hypothetical protein, degenerate
SAG0654	34	hypothetical protein
SAG0655	57	conserved hypothetical protein
SAG0656	36	hypothetical protein
SAG0657	89	hypothetical protein
SAG0658	383	lipoprotein, putative
SAG0659	330	ABC transporter, ATP-binding protein
SAG0660	272	membrane protein
SAG0661	261	conserved hypothetical protein

Table 1: Complete list of GBS predicted genes

ORF	Size (a.a.)	Annotation
SAG0662	101	cylX protein
SAG0663	282	cylD protein
SAG0664	240	cylG protein
SAG0665	101	acyl carrier protein AcpC
SAG0666	158	cylZ protein
SAG0667	309	cylA protein
SAG0668	292	cylB protein
SAG0669	667	cylE protein
SAG0670	317	cylF protein
SAG0671	731	cylI protein
SAG0672	403	cylJ protein
SAG0673	191	cylK protein
SAG0674	113	hypothetical protein
SAG0675	171	putative secreted protein
SAG0676	885	proteinase, putative
SAG0677	1062	hypothetical protein
SAG0678	NA	endopeptidase O, degenerate
SAG0679	343	protein of unknown function
SAG0680	339	protein of unknown function
SAG0681	353	conserved domain protein
SAG0682	409	permease, putative
SAG0683	NA	transmembrane protein Vexp3, putative, degenerate
SAG0684	223	ABC transporter, ATP-binding protein
SAG0685	472	conserved hypothetical protein
SAG0686	261	DNA-entry nuclease, putative
SAG0687	212	DedA family protein, putative
SAG0688	218	ABC transporter, ATP-binding protein
SAG0689	257	membrane protein, putative
SAG0690	272	conserved hypothetical protein
SAG0691	294	transcriptional regulator, LysR family
SAG0692	193	regulatory protein, putative
SAG0693	377	IS1548, transposase
SAG0694	173	regulatory protein, putative, truncation
SAG0695	330	D-lactate dehydrogenase
SAG0696	516	sodium:galactoside symporter family protein, putative
SAG0697	341	2-keto-3-deoxygluconate kinase
SAG0698	599	beta-glucuronidase
SAG0699	223	transcriptional regulator, GntR family
SAG0700	205	2-dehydro-3-deoxyphosphogluconate aldolase/4-hydroxy-2-oxoglutarate aldolase
SAG0701	466	glucuronate isomerase
SAG0702	348	mannonate dehydratase
SAG0703	279	D-mannonate oxidoreductase
SAG0704	270	hydrolase, haloacid dehalogenase-like family
SAG0705	596	glycosyl hydrolase, family 3
SAG0706	361	proline dipeptidase
SAG0707	334	transcriptional regulator, RegM family
SAG0708	488	alpha amylase family protein

Table 1: Complete list of GBS predicted genes

ORF	Size (a.a.)	Annotation
SAG0709	332	glycosyl transferase, group 1 family protein
SAG0710	444	glycosyl transferase, group 1 family protein
SAG0711	647	threonyl-tRNA synthetase
SAG0712	234	DNA-binding response regulator
SAG0713	339	conserved hypothetical protein
SAG0714	188	conserved hypothetical protein
SAG0715	216	amino acid ABC transporter, permease protein
SAG0716	231	amino acid ABC transporter, permease protein
SAG0717	266	amino acid ABC transporter, amino acid-binding protein
SAG0718	251	amino acid ABC transporter, ATP-binding protein.
SAG0719	236	DNA-binding response regulator
SAG0720	449	sensory box histidine kinase
SAG0721	269	metallo-beta-lactamase superfamily protein
SAG0722	122	conserved hypothetical protein
SAG0723	236	ribonuclease III
SAG0724	1179	chromosome segregation SMC protein
SAG0725	265	hydrolase, haloacid dehalogenase-like family
SAG0726	274	hydrolase, haloacid dehalogenase-like family
SAG0727	536	signal recognition particle-docking protein FtsY
SAG0728	270	ABC transporter, substrate-binding protein
SAG0729	300	ABC transporter, permease protein, putative
SAG0730	42	ABC transporter, ATP-binding protein
SAG0731	347	bacterial luciferase family protein
SAG0732	720	transcriptional accessory protein Tex, putative
SAG0733	142	conserved hypothetical protein
SAG0734	87	phage shock protein C, putative
SAG0735	44	hypothetical protein
SAG0736	311	HPr(Ser) kinase/phosphatase
SAG0737	257	prolipoprotein diacylglycerol transferase
SAG0738	132	conserved hypothetical protein
SAG0739	143	conserved hypothetical protein
SAG0740	91	conserved hypothetical protein
SAG0741	303	peptidase, U32 family, putative
SAG0742	428	peptidase, U32 family
SAG0743	70	conserved hypothetical protein
SAG0744	265	membrane protein, putative
SAG0745	446	Mn2+/Fe2+ transporter, NRAMP family
SAG0746	369	riboflavin biosynthesis protein RibD
SAG0747	208	riboflavin synthase, alpha subunit
SAG0748	397	riboflavin biosynthesis protein RibA
SAG0749	156	riboflavin synthase, beta subunit
SAG0750	496	lysyl-tRNA synthetase
SAG0751	300	hydrolase, haloacid dehalogenase-like family
SAG0752	213	phosphoglycerate mutase family protein
SAG0753	157	ebsC family protein, putative
SAG0754	205	conserved domain protein
SAG0755	282	peptidase, U32 family
SAG0756	174	conserved hypothetical protein

Table 1: Complete list of GBS predicted genes

ORF	Size (a.a.)	Annotation
SAG0757	129	protein of unknown function/lipoprotein, putative
SAG0758	599	oligoendopeptidase F, putative
SAG0759	931	phosphoenolpyruvate carboxylase
SAG0760	377	IS1548, transposase
SAG0761	422	cell division protein, FtsW/RodA/SpoVE family
SAG0762	398	translation elongation factor Tu
SAG0763	252	triosephosphate isomerase
SAG0764	230	phosphoglycerate mutase family protein
SAG0765	681	penicillin-binding protein 2b
SAG0766	198	recombination protein RecR
SAG0767	348	D-alanine--D-alanine ligase
SAG0768	455	UDP-N-acetylmuramoylalanyl-D-glutamyl-2,6-diaminopimelate-- D-alanyl-D-alanyl ligase
SAG0769	406	oxalate:formate antiporter
SAG0770	228	membrane protein, putative
SAG0771	512	cell wall surface anchor family protein
SAG0772	514	peptide chain release factor 3
SAG0773	126	conserved hypothetical protein
SAG0774	244	ABC transporter, ATP-binding protein
SAG0775	220	ABC transporter, permease protein
SAG0776	276	YaeC family protein, putative
SAG0777	528	ATP-dependent RNA helicase, DEAD/DEAH box family
SAG0778	88	conserved hypothetical protein
SAG0779	254	conserved hypothetical protein
SAG0780	246	acyltransferase family protein
SAG0781	217	competence protein CeaA
SAG0782	745	DNA internalization-related competence protein ComEC/Rec2
SAG0783	269	hydrolase, haloacid dehalogenase-like family
SAG0784	314	sugar-binding transcriptional regulator, LacI family
SAG0785	330	conserved hypothetical protein
SAG0786	242	conserved domain protein
SAG0787	345	DNA polymerase III, delta subunit, putative
SAG0788	202	superoxide dismutase, Fe-Mn
SAG0789	283	transcriptional antiterminator LicT
SAG0790	622	PTS system, beta-glucosides-specific IIBC components
SAG0791	475	6-phospho-beta-glucosidase
SAG0792	364	conserved hypothetical protein
SAG0793	380	glycerate kinase 2
SAG0794	418	permease, GntP family
SAG0795	354	conserved hypothetical protein
SAG0796	147	transcriptional regulator, MarR family
SAG0797	342	S-adenosylmethionine:tRNA ribosyltransferase-isomerase
SAG0798	226	membrane protein, putative
SAG0799	233	glucosamine-6-phosphate isomerase
SAG0800	318	glutathione S-transferase family protein
SAG0801	239	ribosomal small subunit pseudouridine synthase A
SAG0802	38	hypothetical protein
SAG0803	383	major facilitator family protein

Table 1: Complete list of GBS predicted genes

ORF	Size (a.a.)	Annotation
SAG0804	315	competence protein CoiA
SAG0805	601	oligoendopeptidase B
SAG0806	208	hydrolase, haloacid dehalogenase-like family
SAG0807	235	O-methyltransferase family protein
SAG0808	309	protease maturation protein, putative
SAG0809	161	conserved hypothetical protein
SAG0810	872	alanyl-tRNA synthetase
SAG0811	238	membrane protein, putative
SAG0812	272	glycosyl transferase, family 8
SAG0813	81	hypothetical protein
SAG0814	95	conserved hypothetical protein
SAG0815	71	transcriptional regulator, Cro/CI family
SAG0816	253	membrane protein, putative
SAG0817	187	membrane protein, putative
SAG0818	319	ribonucleoside-diphosphate reductase 2, beta subunit
SAG0819	719	ribonucleoside-diphosphate reductase 2, alpha subunit
SAG0820	74	ribonucleoside-diphosphate reductase 2, NrdH-redoxin
SAG0821	87	phosphocarrier protein HPr
SAG0822	577	phosphoenolpyruvate-protein phosphotransferase
SAG0823	475	glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase, NADP-dependent
SAG0824	417	polysaccharide deacetylase family protein
SAG0825	360	ATP-dependent RNA helicase, DEAD/DEAH box family
SAG0826	209	uridine kinase
SAG0827	165	conserved hypothetical protein
SAG0828	554	DNA polymerase III, gamma and tau subunits
SAG0829	64	conserved hypothetical protein
SAG0830	311	biotin--acetyl-CoA-carboxylase ligase
SAG0831	398	S-adenosylmethionine synthetase
SAG0832	753	protein of unknown function
SAG0833	181	hypothetical protein
SAG0834	42	hypothetical protein
SAG0835	188	conserved hypothetical protein
SAG0836	184	conserved hypothetical protein
SAG0837	428	ABC transporter, ATP-binding protein
SAG0838	233	hypothetical protein
SAG0839	226	transcriptional regulator, TenA family
SAG0840	265	phosphomethylpyrimidine kinase
SAG0841	256	hydroxyethylthiazole kinase
SAG0842	223	thiamine-phosphate pyrophosphorylase
SAG0843	419	UDP-N-acetylglucosamine 1-carboxyvinyltransferase
SAG0844	184	acetyltransferase, GNAT family
SAG0845	427	CBS domain protein
SAG0846	286	methionine aminopeptidase, type I
SAG0847	306	ribonuclease BN, putative
SAG0848	151	GtrA family protein
SAG0849	169	conserved hypothetical protein
SAG0850	652	DNA ligase, NAD-dependent
SAG0851	339	bmrU protein, putative

Table 1: Complete list of GBS predicted genes

ORF	Size (a.a.)	Annotation
SAG0852	766	pullulanase, putative
SAG0853	622	1,4-alpha-glucan branching enzyme
SAG0854	379	glucose-1-phosphate adenylyltransferase
SAG0855	NA	glycogen biosynthesis protein GlgD, authentic frameshift
SAG0856	476	glycogen synthase
SAG0857	66	ATP synthase F0, C subunit
SAG0858	238	ATP synthase F0, A subunit
SAG0859	165	ATP synthase F0, B subunit
SAG0860	178	ATP synthase F1, delta subunit
SAG0861	501	ATP synthase F1, alpha subunit
SAG0862	293	ATP synthase F1, gamma subunit
SAG0863	468	ATP synthase F1, beta subunit
SAG0864	137	ATP synthase F1, epsilon subunit
SAG0865	76	conserved hypothetical protein
SAG0866	423	UDP-N-acetylglucosamine 1-carboxyvinyltransferase
SAG0867	63	conserved hypothetical protein
SAG0868	285	DNA-entry nuclease
SAG0869	346	phenylalanyl-tRNA synthetase, alpha subunit
SAG0870	173	acetyltransferase, GNAT family
SAG0871	801	phenylalanyl-tRNA synthetase, beta subunit
SAG0872	300	conserved hypothetical protein
SAG0873	1077	exonuclease RexB
SAG0874	1207	exonuclease RexA
SAG0875	305	magnesium transporter, CorA family, putative
SAG0876	458	tRNA modification GTPase TrmE
SAG0877	636	ABC transporter, ATP-binding protein
SAG0878	322	acetoin dehydrogenase, thymine PPi dependent, E1 component, alpha subunit
SAG0879	332	acetoin dehydrogenase, thymine PPi dependent, E1 component, beta subunit
SAG0880	462	acetoin dehydrogenase, thymine PPi dependent, E2 component, dihydrolipoamide acetyltransferase
SAG0881	585	acetoin dehydrogenase, thymine PPi dependent, E3 component, dihydrolipoamide dehydrogenase
SAG0882	329	lipoate-protein ligase A
SAG0883	261	cobyric acid synthase, putative
SAG0884	447	mur ligase family protein
SAG0885	283	conserved hypothetical protein TIGR00159
SAG0886	319	protein of unknown function
SAG0887	450	phosphoglucomutase/phosphomannomutase family protein
SAG0888	123	conserved hypothetical protein
SAG0889	126	conserved hypothetical protein
SAG0890	376	oxygen-independent coproporphyrinogen III oxidase, putative
SAG0891	245	conserved hypothetical protein
SAG0892	256	hydrolase, haloacid dehalogenase-like family
SAG0893	218	conserved hypothetical protein
SAG0894	1370	protein of unknown function
SAG0895	289	lipoyl-binding domain protein



Table 1: Complete list of GBS predicted genes

ORF	Size (a.a.)	Annotation
SAG0896	108	oxidoreductase, putative
SAG0897	221	conserved hypothetical protein
SAG0898	83	hypothetical protein
SAG0899	57	hypothetical protein
SAG0900	56	hypothetical protein
SAG0901	127	hypothetical protein
SAG0902	45	hypothetical protein
SAG0903	44	hypothetical protein
SAG0904	56	hypothetical protein
SAG0905	138	nucleoside diphosphate kinase
SAG0906	610	GTP-binding protein LepA
SAG0907	877	protein of unknown function/lipoprotein, putative
SAG0908	203	HD domain protein
SAG0909	154	acetyltransferase, GNAT family
SAG0910	144	PilB-related protein
SAG0911	930	cation-transporting ATPase, E1-E2 family
SAG0912	367	nucleoside diphosphate kinase domain protein
SAG0913	212	chloramphenicol acetyltransferase
SAG0914	203	conserved hypothetical protein
SAG0915	405	Tn916, transposase
SAG0916	67	Tn916, excisionase
SAG0917	83	Tn916, hypothetical protein
SAG0918	76	Tn916, hypothetical protein
SAG0919	157	Tn916, hypothetical protein
SAG0920	23	Tn916, hypothetical protein
SAG0921	117	Tn916, transcriptional regulator, putative
SAG0922	61	Tn916, hypothetical protein
SAG0923	639	Tn916, tetracycline resistance protein
SAG0924	28	Tn916, tetM leader peptide
SAG0925	310	Tn916, hypothetical protein
SAG0926	333	Tn916, NLP/P60 family protein
SAG0927	725	membrane protein, putative
SAG0928	NA	Tn916, hypothetical protein, authentic frameshift
SAG0929	168	Tn916, hypothetical protein
SAG0930	165	Tn916, hypothetical protein
SAG0931	73	Tn916, hypothetical protein
SAG0932	401	Tn916, transcriptional regulator, putative
SAG0933	461	Tn916, FtsK/SpoIIIE family protein
SAG0934	128	Tn916, hypothetical protein
SAG0935	104	Tn916, hypothetical protein
SAG0936	39	Tn916, hypothetical protein
SAG0937	NA	ABC transporter, ATP-binding protein, authentic frameshift
SAG0938	122	transcriptional regulator, GntR family
SAG0939	1034	DNA polymerase III, alpha subunit
SAG0940	340	6-phosphofructokinase
SAG0941	500	pyruvate kinase
SAG0942	185	signal peptidase I, putative
SAG0943	47	hypothetical protein

Table 1: Complete list of GBS predicted genes

ORF	Size (a.a.)	Annotation
SAG0944	604	glucosamine--fructose-6-phosphate aminotransferase, isomerizing
SAG0945	377	IS1548, transposase
SAG0946	109	phnA protein
SAG0947	213	amino acid ABC transporter, permease protein
SAG0948	209	amino acid ABC transporter, ATP-binding protein
SAG0949	276	amino acid ABC transporter, amino acid-binding protein
SAG0950	82	ribosomal protein S20
SAG0951	306	pantothenate kinase
SAG0952	196	conserved hypothetical protein
SAG0953	129	cytidine deaminase
SAG0954	349	protein of unknown function/lipoprotein, putative
SAG0955	511	sugar ABC transporter, ATP-binding protein
SAG0956	353	sugar ABC transporter, permease protein, putative
SAG0957	318	sugar ABC transporter, permease protein, putative
SAG0958	456	NADH oxidase
SAG0959	329	L-lactate dehydrogenase
SAG0960	819	DNA gyrase, A subunit
SAG0961	247	sortase SrtA
SAG0962	137	glyoxylase family protein
SAG0963	320	conserved hypothetical protein
SAG0964	375	Na <sup>+</sup> /H <sup>+</sup> exchanger family protein
SAG0965	127	IS1381, transposase OrfA
SAG0966	129	IS1381, transposase OrfB
SAG0967	520	GMP synthase
SAG0968	232	transcriptional regulator, GntR family
SAG0969	444	gid protein
SAG0970	247	acetyltransferase, GNAT family
SAG0971	282	protein of unknown function/lipoprotein, putative
SAG0972	NA	conserved hypothetical protein, authentic frameshift
SAG0973	320	nisin-resistance protein, putative
SAG0974	250	ABC transporter, ATP-binding protein
SAG0975	651	ABC transporter, permease protein, putative
SAG0976	222	DNA-binding response regulator
SAG0977	312	sensor histidine kinase
SAG0978	356	site-specific recombinase, phage integrase family
SAG0979	553	ABC transporter, substrate-binding protein
SAG0980	257	conserved hypothetical protein
SAG0981	228	satD protein
SAG0982	521	signal recognition particle protein Ffh
SAG0983	110	conserved hypothetical protein
SAG0984	437	sensor histidine kinase CiaH
SAG0985	226	DNA-binding response regulator CiaR
SAG0986	849	aminopeptidase N
SAG0987	217	phosphate transport system regulatory protein PhoU
SAG0988	252	phosphate ABC transporter, ATP-binding protein PstB, putative
SAG0989	267	phosphate ABC transporter, ATP-binding protein PstB, putative
SAG0990	295	phosphate ABC transporter, permease protein PstA, putative
SAG0991	305	phosphate ABC transporter, permease protein

Table 1: Complete list of GBS predicted genes

ORF	Size (a.a.)	Annotation
SAG0992	286	phosphate ABC transporter, phosphate-binding protein
SAG0993	436	NOL1/NOP2/sun family protein
SAG0994	254	inositol monophosphatase family protein
SAG0995	93	conserved hypothetical protein
SAG0996	137	conserved hypothetical protein
SAG0997	310	macrolide-efflux protein mreA/riboflavin biosynthesis protein RibF
SAG0998	294	tRNA pseudouridine synthase B
SAG0999	143	acetyltransferase, GNAT family
SAG1000	423	conserved hypothetical protein
SAG1001	196	conserved hypothetical protein
SAG1002	292	protease, putative
SAG1003	876	permease, putative
SAG1004	233	ABC transporter, ATP-binding protein
SAG1005	706	DNA topoisomerase I
SAG1006	280	DprA/SMF protein, putative DNA processing factor
SAG1007	342	iron-compound ABC transporter, iron-compound-binding protein
SAG1008	253	iron compound ABC transporter, ATP-binding protein
SAG1009	324	iron compound ABC transporter, permease protein
SAG1010	320	iron compound ABC transporter, permease protein
SAG1011	182	acetyltransferase, CysE/LacA/LpxA/NodL family
SAG1012	253	ribonuclease HII
SAG1013	283	GTP-binding protein
SAG1014	190	conserved hypothetical protein
SAG1015	494	carbon starvation protein CstA, putative
SAG1016	244	response regulator
SAG1017	579	sensor histidine kinase, putative
SAG1018	40	lipoprotein, putative
SAG1019	39	hypothetical protein
SAG1020	227	lipoprotein, putative
SAG1021	107	hypothetical protein
SAG1022	177	hypothetical protein
SAG1023	48	hypothetical protein
SAG1024	183	lipoprotein, putative
SAG1025	149	hypothetical protein
SAG1026	NA	immunogenic secreted protein, degenerate
SAG1027	84	conserved hypothetical protein
SAG1028	196	hypothetical protein
SAG1029	101	hypothetical protein
SAG1030	304	protein of unknown function
SAG1031	120	conserved domain protein
SAG1032	85	conserved hypothetical protein
SAG1033	1309	FtsK/SpoIIIE family protein
SAG1034	55	hypothetical protein
SAG1035	424	conserved hypothetical protein
SAG1036	80	conserved hypothetical protein
SAG1037	157	hypothetical protein
SAG1038	1003	phage infection protein, putative

Table 1: Complete list of GBS predicted genes

ORF	Size (a.a.)	Annotation
SAG1039	96	conserved hypothetical protein
SAG1040	260	conserved domain protein
SAG1041	107	hypothetical protein
SAG1042	1060	carbamoyl-phosphate synthase, large subunit
SAG1043	358	carbamoyl-phosphate synthase, small subunit
SAG1044	307	aspartate carbamoyltransferase
SAG1045	430	dihydroorotase, multifunctional complex type
SAG1046	209	orotate phosphoribosyltransferase
SAG1047	233	orotidine 5'-phosphate decarboxylase
SAG1048	410	membrane protein, putative
SAG1049	513	ABC transporter, ATP-binding protein
SAG1050	112	ribonucleotide reductase, truncation
SAG1051	358	aspartate-semialdehyde dehydrogenase
SAG1052	47	cell wall surface anchor family protein, putative
SAG1053	30	hypothetical protein
SAG1054	531	cardiolipin synthetase
SAG1055	556	formate-tetrahydrofolate ligase
SAG1056	339	lipoate-protein ligase A
SAG1057	292	conserved hypothetical protein
SAG1058	272	conserved hypothetical protein
SAG1059	110	glycine cleavage system H protein, putative
SAG1060	328	bacterial luciferase family protein
SAG1061	399	oxidoreductase, FMN-binding
SAG1062	282	lipoate-protein ligase A family protein
SAG1063	228	flavoprotein-related protein
SAG1064	180	flavoprotein family protein
SAG1065	190	membrane protein, putative
SAG1066	572	phosphoglucomutase
SAG1067	178	IS861, transposase OrfA
SAG1068	277	IS861, transposase OrfB
SAG1069	65	hypothetical protein
SAG1070	577	ABC transporter, ATP-binding/permease protein
SAG1071	573	ABC transporter, ATP-binding/permease protein
SAG1072	200	conserved hypothetical protein
SAG1073	325	conserved hypothetical protein
SAG1074	418	serine hydroxymethyltransferase
SAG1075	183	Sua5/YciO/YrdC/YwlC family protein
SAG1076	276	modification methylase, HemK family
SAG1077	359	peptide chain release factor 1
SAG1078	189	thymidine kinases
SAG1079	60	4-oxalocrotonate tautomerase
SAG1080	47	hypothetical protein
SAG1081	312	ApbE family protein
SAG1082	200	conserved hypothetical protein
SAG1083	411	conserved hypothetical protein
SAG1084	262	formate/nitrite transporter family protein
SAG1085	424	xanthine permease
SAG1086	193	xanthine phosphoribosyltransferase

Table 1: Complete list of GBS predicted genes

ORF	Size (a.a.)	Annotation
SAG1087	327	guanosine monophosphate reductase
SAG1088	446	drug resistance transporter, EmrB/QacA family, putative
SAG1089	230	conserved hypothetical protein
SAG1090	666	potassium uptake protein, putative
SAG1091	216	oxidoreductase, short chain dehydrogenase/reductase family
SAG1092	330	phosphate acetyltransferase
SAG1093	294	ribosomal large subunit pseudouridine synthase, RluD subfamily
SAG1094	278	conserved hypothetical protein
SAG1095	223	GTP pyrophosphokinase family protein
SAG1096	190	conserved hypothetical protein
SAG1097	324	ribose-phosphate pyrophosphokinase
SAG1098	371	cysteine desulphurase
SAG1099	115	conserved hypothetical protein
SAG1100	210	conserved hypothetical protein
SAG1101	226	DNA repair protein RadC
SAG1102	377	membrane protein, putative
SAG1103	478	6-phospho-beta-glucosidase
SAG1104	204	platelet activating factor, putative
SAG1105	273	hydrolase, haloacid dehalogenase-like family
SAG1106	309	transcriptional regulator, AraC family, putative
SAG1107	510	voltage-gated chloride channel family protein
SAG1108	357	spermidine/putrescine ABC transporter, spermidine/putrescine-binding protein
SAG1109	258	spermidine/putrescine ABC transporter, permease protein
SAG1110	264	spermidine/putrescine ABC transporter, permease protein
SAG1111	384	spermidine/putrescine ABC transporter, ATP-binding protein
SAG1112	300	UDP-N-acetylenolpyruvoylglucosamine reductase
SAG1113	162	2-amino-4-hydroxy-6-hydroxymethyldihydropteridine pyrophosphokinase
SAG1114	120	dihydroneopterin aldolase
SAG1115	267	dihydropteroate synthase
SAG1116	187	GTP cyclohydrolase I
SAG1117	420	folylpolyglutamate synthase
SAG1118	295	rarD protein
SAG1119	288	homoserine kinase
SAG1120	427	homoserine dehydrogenase
SAG1121	295	polysaccharide deacetylase family protein
SAG1122	515	transporter, BCCT family protein
SAG1123	34	hypothetical protein
SAG1124	458	aldehyde dehydrogenase family protein
SAG1125	335	membrane protein, putative
SAG1126	228	protein of unknown function
SAG1127	446	conserved domain protein
SAG1128	65	transcriptional regulator, Cro/C1 family
SAG1129	36	hypothetical protein
SAG1130	49	hypothetical protein
SAG1131	164	thiol peroxidase
SAG1132	219	conserved hypothetical protein

Table 1: Complete list of GBS predicted genes

ORF	Size (a.a.)	Annotation
SAG1133	254	conserved hypothetical protein
SAG1134	213	transcriptional regulator, GntR family/potassium uptake protein, TrkA family
SAG1135	183	gls24 protein, putative
SAG1136	65	conserved hypothetical protein
SAG1137	180	gls24 protein, putative
SAG1138	64	conserved hypothetical protein
SAG1139	193	conserved hypothetical protein
SAG1140	82	conserved hypothetical protein
SAG1141	112	conserved hypothetical protein
SAG1142	759	ATP-dependent DNA helicase PcrA
SAG1143	128	conserved hypothetical protein
SAG1144	441	uracil permease
SAG1145	448	sodium:alanine symporter family protein
SAG1146	411	cation efflux family protein
SAG1147	130	conserved hypothetical protein
SAG1148	231	membrane protein, putative
SAG1149	207	lipoprotein, putative
SAG1150	400	ribosomal protein S1
SAG1151	76	conserved hypothetical protein
SAG1152	340	branched-chain amino acid aminotransferase
SAG1153	819	DNA topoisomerase IV, A subunit
SAG1154	653	DNA topoisomerase IV, B subunit
SAG1155	212	membrane protein, putative
SAG1156	217	uracil-DNA glycosylase
SAG1157	161	conserved hypothetical protein
SAG1158	413	CMP-N-acetylneuraminic acid synthetase NeuA
SAG1159	209	neuD protein
SAG1160	384	UDP-N-acetylglucosamine-2-epimerase NeuC
SAG1161	341	N-acetyl neuramic acid synthetase NeuB
SAG1162	466	polysaccharide biosynthesis protein CpsL
SAG1163	318	polysaccharide biosynthesis protein CpsK(V)
SAG1164	321	glycosyl transferase CpsJ(V)
SAG1165	327	glycosyl transferase CpsO(V)
SAG1166	295	glycosyl transferase CpsN(V)
SAG1167	241	polysaccharide biosynthesis protein CpsM(V)
SAG1168	364	polysaccharide biosynthesis protein cpsH(V)
SAG1169	163	glycosyl transferase CpsG(V)
SAG1170	149	polysaccharide biosynthesis protein CpsF
SAG1171	462	glycosyl transferase CpsE
SAG1172	229	cpsD protein
SAG1173	230	cpsC protein
SAG1174	243	capsular polysaccharide biosynthesis protein CpsB
SAG1175	485	capsular polysaccharide biosynthesis protein CpsA
SAG1176	290	transcriptional regulator, LysR family, putative
SAG1177	255	conserved hypothetical protein
SAG1178	236	purine nucleoside phosphorylase
SAG1179	418	voltage-gated chloride channel family protein, putative

Table 1: Complete list of GBS predicted genes

ORF	Size (a.a.)	Annotation
SAG1180	269	purine nucleoside phosphorylase
SAG1181	135	arsenate reductase
SAG1182	403	phosphopentomutase
SAG1183	223	ribose 5-phosphate isomerase
SAG1184	236	conserved hypothetical protein
SAG1185	262	tributylin esterase
SAG1186	553	metallo-beta-lactamase superfamily protein
SAG1187	253	ABC transporter, ATP-binding protein
SAG1188	287	ABC transporter, permease protein
SAG1189	334	conserved hypothetical protein
SAG1190	551	adherence and virulence protein A
SAG1191	239	alpha-acetolactate decarboxylase
SAG1192	560	acetolactate synthase, catabolic
SAG1193	408	TPR domain protein
SAG1194	396	membrane protein, putative
SAG1195	153	MutT/nudix family protein
SAG1196	160	mutator MutT protein
SAG1197	1072	hyaluronidase
SAG1198	348	dTDP-glucose 4,6-dehydratase
SAG1199	197	dTDP-4-dehydrorhamnose 3,5-epimerase
SAG1200	289	glucose-1-phosphate thymidyltransferase
SAG1201	367	iminodiacetate oxidase, putative
SAG1202	262	conserved hypothetical protein TIGR00486
SAG1203	227	conserved hypothetical protein
SAG1204	226	DNA replication protein DnaD, putative
SAG1205	172	adenine phosphoribosyltransferase
SAG1206	854	conserved domain protein
SAG1207	32	hypothetical protein
SAG1208	732	single-stranded-DNA-specific exonuclease RecJ
SAG1209	253	oxidoreductase, short chain dehydrogenase/reductase family
SAG1210	309	metallo-beta-lactamase superfamily protein
SAG1211	215	conserved hypothetical protein
SAG1212	412	GTP-binding protein HflX
SAG1213	296	tRNA delta(2)-isopentenylpyrophosphate transferase
SAG1214	58	hypothetical protein
SAG1215	305	exfoliative toxin A, putative
SAG1216	1252	pullulanase, putative
SAG1217	NA	conserved hypothetical protein, authentic frameshift
SAG1218	194	conserved hypothetical protein
SAG1219	468	peptidase, M20/M25/M40 family
SAG1220	200	nitroreductase family protein
SAG1221	NA	glycerophosphoryl diester phosphodiesterase, putative, authentic point mutation
SAG1222	593	excinuclease ABC, C subunit
SAG1223	255	conserved hypothetical protein
SAG1224	446	MATE efflux family protein
SAG1225	136	conserved hypothetical protein
SAG1226	165	conserved hypothetical protein

Table 1: Complete list of GBS predicted genes

ORF	Size (a.a.)	Annotation
SAG1227	198	protein of unknown function
SAG1228	96	ISSdy1, transposase OrfA
SAG1229	259	ISSdy1, transposase OrfB
SAG1230	96	conserved hypothetical protein
SAG1231	NA	transposase OrfB, IS3 family, degenerate
SAG1232	77	transposase OrfB, IS3 family, truncation
SAG1233	822	streptococcal histidine triad family protein
SAG1234	306	laminin-binding surface protein
SAG1235	425	GBS11, group II intron, maturase
SAG1236	NA	C5a peptidase, authentic frameshift
SAG1237	444	hypothetical protein
SAG1238	202	hypothetical protein
SAG1239	76	conserved hypothetical protein
SAG1240	125	conserved hypothetical protein, truncation
SAG1241	91	transposase OrfA, IS3 family
SAG1242	67	transposase OrfB, IS3 family, truncation
SAG1243	96	ISSdy1, transposase OrfA
SAG1244	259	ISSdy1, transposase OrfB
SAG1245	38	hypothetical protein
SAG1246	389	hypothetical protein
SAG1247	399	site-specific recombinase, phage integrase family
SAG1248	75	conserved hypothetical protein
SAG1249	74	transcriptional regulator, Cro/CI family
SAG1250	621	Tn5252, relaxase
SAG1251	121	Tn5252, Orf 9 protein
SAG1252	120	Tn5252, Orf 10 protein
SAG1253	435	transposase, ISL3 family
SAG1254	546	mercuric reductase
SAG1255	130	mercuric resistance operon regulatory protein MerR
SAG1256	142	IS861, transposase OrfB, truncation
SAG1257	709	cation-transporting ATPase, E1-E2 family
SAG1258	122	cadmium efflux system accessory protein
SAG1259	99	conserved hypothetical protein
SAG1260	262	hypothetical protein
SAG1261	198	conserved hypothetical protein
SAG1262	695	cation-transporting ATPase, E1-E2 family
SAG1263	NA	conserved domain protein, authentic frameshift
SAG1264	148	transcriptional repressor CopY, putative
SAG1265	206	cadmium resistance transporter, putative
SAG1266	152	hypothetical protein
SAG1267	108	hypothetical protein
SAG1268	230	repressor protein, putative
SAG1269	44	hypothetical protein
SAG1270	471	ImpB/MucB/SamB family protein
SAG1271	116	conserved hypothetical protein
SAG1272	102	conserved hypothetical protein
SAG1273	118	conserved hypothetical protein
SAG1274	129	conserved hypothetical protein



Table 1: Complete list of GBS predicted genes

ORF	Size (a.a.)	Annotation
SAG1275	75	hypothetical protein
SAG1276	358	conserved hypothetical protein
SAG1277	163	hypothetical protein
SAG1278	96	hypothetical protein
SAG1279	99	conserved domain protein
SAG1280	2274	SNF2 family protein
SAG1281	183	hypothetical protein
SAG1282	63	calcium-binding protein, putative
SAG1283	1631	agglutinin receptor
SAG1284	196	abortive infection protein AbiGI
SAG1285	281	abortive infection protein AbiGII
SAG1286	933	Tn5252, Orf28
SAG1287	776	Tn5252, Orf26
SAG1288	NA	Tn5252, Orf25, degenerate
SAG1289	284	Tn5252, Orf23
SAG1290	80	hypothetical protein
SAG1291	605	Tn5252, Orf 21 protein, internal deletion
SAG1292	162	hypothetical protein
SAG1293	194	protease, putative
SAG1294	77	conserved hypothetical protein
SAG1295	127	conserved hypothetical protein
SAG1296	142	conserved hypothetical protein
SAG1297	451	C-5 cytosine-specific DNA methylase
SAG1298	31	hypothetical protein
SAG1299	272	conserved hypothetical protein
SAG1300	57	conserved hypothetical protein
SAG1301	121	ribosomal protein L7/L12
SAG1302	166	ribosomal protein L10
SAG1303	702	ATP-dependent Clp protease, ATP-binding subunit
SAG1304	32	hypothetical protein
SAG1305	314	homocysteine S-methyltransferase MmuM, putative
SAG1306	458	amino acid permease
SAG1307	216	hypothetical protein
SAG1308	167	hypothetical protein
SAG1309	30	hypothetical protein
SAG1310	182	transcriptional regulator, TetR family
SAG1311	198	GTP-binding protein
SAG1312	408	ATP-dependent Clp protease, ATP-binding subunit ClpX
SAG1313	56	conserved hypothetical protein
SAG1314	164	dihydrofolate reductase
SAG1315	279	thymidylate synthase
SAG1316	390	HMG-CoA synthase
SAG1317	427	3-hydroxy-3-methylglutaryl-CoA reductase
SAG1318	149	conserved hypothetical protein
SAG1319	214	hemolysin III, putative
SAG1320	304	conserved hypothetical protein TIGR00147
SAG1321	284	glutathione S-transferase family protein, putative
SAG1322	72	conserved domain protein

Table 1: Complete list of GBS predicted genes

ORF	Size (a.a.)	Annotation
SAG1323	331	isopentenyl-diphosphate delta-isomerase
SAG1324	330	phosphomevalonate kinase
SAG1325	314	diphosphomevalonate decarboxylase
SAG1326	292	mevalonate kinase, putative
SAG1327	409	sensor histidine kinase
SAG1328	228	DNA-binding response regulator
SAG1329	208	GTP pyrophosphokinase family protein
SAG1330	68	hypothetical protein
SAG1331	979	R5 protein
SAG1332	146	transcriptional regulator, MarR family, putative
SAG1333	690	5'-nucleotidase family protein
SAG1334	136	polypeptide deformylase, putative
SAG1335	449	NADP-specific glutamate dehydrogenase
SAG1336	169	membrane protein, putative
SAG1337	589	ABC transporter, ATP-binding/permease protein
SAG1338	579	ABC transporter, ATP-binding/permease protein
SAG1339	157	acetyltransferase, GNAT family
SAG1340	622	ABC transporter, ATP-binding protein
SAG1341	402	polyA polymerase family protein
SAG1342	282	DegV family protein
SAG1343	126	protein of unknown function
SAG1344	177	hypothetical protein
SAG1345	164	conserved hypothetical protein
SAG1346	654	PTS system, fructose specific IIABC components
SAG1347	303	1-phosphofructokinase
SAG1348	247	lactose phosphotransferase system repressor
SAG1349	411	beta-lactam resistance factor
SAG1350	544	surface antigen-related protein
SAG1351	307	2-dehydropantoate 2-reductase, putative
SAG1352	356	regulatory protein, putative
SAG1353	330	pyridine nucleotide-disulphide oxidoreductase family protein
SAG1354	251	tRNA (guanine-N1)-methyltransferase
SAG1355	172	16S rRNA processing protein RimM
SAG1356	503	transcriptional regulator, RofA family
SAG1357	80	KH domain protein
SAG1358	90	ribosomal protein S16
SAG1359	415	permease, putative
SAG1360	236	ABC transporter, ATP-binding protein
SAG1361	414	conserved hypothetical protein
SAG1362	532	carbamoyl-phosphate synthase, large subunit, putative
SAG1363	356	carbamoyl-phosphate synthase, small subunit
SAG1364	173	pyrimidine operon regulatory protein
SAG1365	296	ribosomal large subunit pseudouridine synthase, RluD subfamily
SAG1366	154	lipoprotein signal peptidase
SAG1367	301	transcriptional regulator, LysR family
SAG1368	94	ribosomal protein L27
SAG1369	112	conserved hypothetical protein
SAG1370	104	ribosomal protein L21

Table 1: Complete list of GBS predicted genes

ORF	Size (a.a.)	Annotation
SAG1371	392	conserved hypothetical protein
SAG1372	404	thiamine biosynthesis protein ThiI
SAG1373	381	cysteine desulphurase
SAG1374	150	conserved hypothetical protein
SAG1375	449	glutathione reductase
SAG1376	111	conserved hypothetical protein
SAG1377	388	chorismate synthase
SAG1378	355	3-dehydroquinate synthase
SAG1379	225	3-dehydroquinate dehydratase
SAG1380	385	conserved hypothetical protein
SAG1381	714	sulfatase
SAG1382	119	ribosomal protein L20
SAG1383	66	ribosomal protein L35
SAG1384	176	translation initiation factor IF-3
SAG1385	227	cytidylate kinase
SAG1386	174	conserved hypothetical protein
SAG1387	65	ferredoxin, 4Fe-4S
SAG1388	163	conserved hypothetical protein
SAG1389	406	peptidase T
SAG1390	544	polysaccharide biosynthesis protein, putative
SAG1391	484	UDP-N-acetylmuramoylalanyl-D-glutamate--2,6-diaminopimelate ligase
SAG1392	264	iron compound ABC transporter, ATP-binding protein
SAG1393	310	iron compound ABC transporter, substrate-binding protein
SAG1394	341	iron compound ABC transporter, permease protein
SAG1395	333	iron compound ABC transporter, permease protein
SAG1396	217	conserved hypothetical protein
SAG1397	311	inorganic pyrophosphatase, manganese-dependent
SAG1398	262	pyruvate formate-lyase-activating enzyme
SAG1399	444	CBS domain protein
SAG1400	188	conserved hypothetical protein
SAG1401	311	conserved hypothetical protein TIGR01212
SAG1402	213	PAP2 family protein
SAG1403	194	membrane protein, putative
SAG1404	308	cell wall surface anchor family protein
SAG1405	294	sortase family protein
SAG1406	293	sortase family protein
SAG1407	705	cell wall surface anchor family protein
SAG1408	901	cell wall surface anchor family protein
SAG1409	NA	rogB protein, authentic frameshift
SAG1410	379	glycosyl transferase, group 1 family protein
SAG1411	282	glycosyl transferase, group 2 family protein
SAG1412	474	polysaccharide biosynthesis protein
SAG1413	454	membrane protein, putative
SAG1414	308	glycosyl transferase, group 2 family protein
SAG1415	311	glycosyl transferase, group 2 family protein
SAG1416	352	nucleotide sugar dehydratase, putative
SAG1417	240	nucleotidyl transferase, putative

Table 1: Complete list of GBS predicted genes

ORF	Size (a.a.)	Annotation
SAG1418	274	polysaccharide biosynthesis protein, putative
SAG1419	577	lipoprotein, putative
SAG1420	117	conserved hypothetical protein
SAG1421	243	glycosyl transferase, group 2 family protein
SAG1422	313	glycosyl transferase, group 2 family protein
SAG1423	384	glycosyl transferase, putative
SAG1424	284	dTDP-4-dehydrorhamnose reductase
SAG1425	113	conserved hypothetical protein
SAG1426	369	RNA polymerase sigma-70 factor
SAG1427	602	DNA primase
SAG1428	125	large conductance mechanosensitive channel protein
SAG1429	58	ribosomal protein S21
SAG1430	167	conserved hypothetical protein
SAG1431	268	amino acid ABC transporter, amino acid-binding protein
SAG1432	347	ammonium transporter family protein
SAG1433	375	conserved hypothetical protein
SAG1434	328	rhodanese family protein
SAG1435	101	conserved hypothetical protein
SAG1436	457	glycerol-3-phosphate transporter, putative
SAG1437	55	hypothetical protein
SAG1438	754	glycogen phosphorylase
SAG1439	498	4-alpha-glucanotransferase
SAG1440	342	maltose operon repressor MalR, putative
SAG1441	415	maltose/maltodextrin ABC transporter, maltose/maltodextrin-binding protein
SAG1442	456	maltose ABC transporter, permease protein
SAG1443	278	maltose ABC transporter, permease protein
SAG1444	490	proton/peptide symporter family protein
SAG1445	NA	MutT/nudix family protein, authentic frameshift
SAG1446	62	hypothetical protein
SAG1447	441	conserved hypothetical protein
SAG1448	502	glycosyl transferase, group 1 family protein
SAG1449	795	preprotein translocase SecA subunit, putative
SAG1450	330	conserved domain protein
SAG1451	494	conserved hypothetical protein
SAG1452	514	conserved hypothetical protein
SAG1453	409	preprotein translocase SecY family protein
SAG1454	398	glycosyl transferase, putative
SAG1455	295	glycosyl transferase, group 2 family protein
SAG1456	NA	glycosyl transferase, family 8, degenerate
SAG1457	129	IS1381, transposase OrfB
SAG1458	127	IS1381, transposase OrfA
SAG1459	413	glycosyl transferase family 8
SAG1460	401	glycosyl transferase, family 8
SAG1461	335	conserved hypothetical protein
SAG1462	970	cell wall surface anchor family protein
SAG1463	NA	transcriptional regulator, RofA family, authentic point mutation
SAG1464	663	excinuclease ABC, B subunit

Table 1: Complete list of GBS predicted genes

ORF	Size (a.a.)	Annotation
SAG1465	306	protease, putative
SAG1466	727	glutamine ABC transporter, glutamine-binding protein/permease protein
SAG1467	246	glutamine ABC transporter, ATP-binding protein, GlnQ putative
SAG1468	116	conserved hypothetical protein
SAG1469	52	conserved hypothetical protein
SAG1470	437	GTP-binding protein, GTP1/Obg family
SAG1471	42	conserved hypothetical protein
SAG1472	413	aminopeptidase PepS
SAG1473	192	cell wall surface anchor family protein
SAG1474	680	amidase family protein
SAG1475	240	ribosomal small subunit pseudouridine synthase A
SAG1476	280	oxidoreductase, aldo/keto reductase family
SAG1477	224	nitroreductase family protein
SAG1478	130	lactoylglutathione lyase
SAG1479	308	glycosyl transferase, group 2 family protein
SAG1480	462	amino acid permease
SAG1481	155	SsrA-binding protein
SAG1482	801	exoribonuclease, VacB/Rnb family
SAG1483	78	preprotein translocase, SecG subunit
SAG1484	48	ribosomal protein L33
SAG1485	389	multi-drug resistance protein
SAG1486	548	membrane protein, putative
SAG1487	233	ABC transporter, ATP binding protein
SAG1488	195	dephospho-CoA kinase
SAG1489	273	formamidopyrimidine-DNA glycosylase
SAG1490	282	transcriptional regulator, MutR family
SAG1491	530	hypothetical protein
SAG1492	58	hypothetical protein
SAG1493	66	hypothetical protein
SAG1494	32	hypothetical protein
SAG1495	81	CAAX amino terminal protease family protein
SAG1496	110	hypothetical protein
SAG1497	37	hypothetical protein
SAG1498	133	hypothetical protein
SAG1499	299	GTP-binding protein Era
SAG1500	132	diacylglycerol kinase
SAG1501	161	conserved hypothetical protein TIGR00043
SAG1502	268	tetracenomycin polyketide synthesis O-methyltransferase TcmP, putative
SAG1503	39	hypothetical protein
SAG1504	38	hypothetical protein
SAG1505	158	MutT/nudix family protein
SAG1506	267	hypothetical protein
SAG1507	345	PhoH family protein
SAG1508	590	67 kDa Myosin-crossreactive streptococcal antigen
SAG1509	71	conserved hypothetical protein
SAG1510	169	peptide methionine sulfoxide reductase

Table 1: Complete list of GBS predicted genes

ORF	Size (a.a.)	Annotation
SAG1511	284	conserved hypothetical protein
SAG1512	185	ribosome recycling factor
SAG1513	242	uridylate kinase
SAG1514	226	peptide ABC transporter, ATP-binding protein
SAG1515	262	peptide ABC transporter, ATP-binding protein
SAG1516	255	peptide ABC transporter, permease protein
SAG1517	314	peptide ABC transporter, permease protein
SAG1518	538	peptide ABC transporter, peptide-binding protein
SAG1519	229	ribosomal protein L1
SAG1520	141	ribosomal protein L11
SAG1521	388	transposase, IS30 family, putative
SAG1522	460	transporter, major facilitator family
SAG1523	404	peptidase, M20/M25/M40 family
SAG1524	294	transcriptional regulator, LysR family
SAG1525	117	conserved hypothetical protein
SAG1526	178	IS861, transposase OrfA
SAG1527	277	IS861, transposase OrfB
SAG1528	571	chorismate binding enzyme
SAG1529	816	FtsK/SpoIIIE family protein
SAG1530	267	peptidyl-prolyl cis-trans isomerase, cyclophilin-type
SAG1531	277	manganese ABC transporter, permease protein
SAG1532	238	manganese ABC transporter, ATP-binding protein
SAG1533	308	manganese ABC transporter, manganese-binding adhesion liprotein
SAG1534	215	iron-dependent transcriptional regulator
SAG1535	229	5-methylthioadenosine nucleosidase/S-adenosylhomocysteine nucleosidase
SAG1536	89	conserved hypothetical protein
SAG1537	184	MutT/nudix family protein
SAG1538	459	UDP-N-acetylglucosamine pyrophosphorylase
SAG1539	31	hypothetical protein
SAG1540	137	conserved hypothetical protein
SAG1541	125	glyoxalase family protein
SAG1542	318	oxidoreductase, Gfo/Idh/MocA family
SAG1543	NA	conserved hypothetical protein, authentic frameshift
SAG1544	232	gluconate 5-dehydrogenase, putative
SAG1545	78	conserved hypothetical protein
SAG1546	82	conserved hypothetical protein
SAG1547	166	acetyltransferase, GNAT family
SAG1548	422	glycosyl transferase, group 2 family protein
SAG1549	127	IS1381, transposase OrfA
SAG1550	129	IS1381, transposase OrfB
SAG1551	67	hypothetical protein
SAG1552	719	conserved hypothetical protein
SAG1553	477	hypothetical protein
SAG1554	225	hypothetical protein
SAG1555	231	hypothetical protein
SAG1556	445	branched-chain amino acid transport system II carrier protein

Table 1: Complete list of GBS predicted genes

ORF	Size (a.a.)	Annotation
SAG1557	665	methionyl-tRNA synthetase
SAG1558	291	tellurite resistance protein TehB
SAG1559	231	membrane protein, putative
SAG1560	40	hypothetical protein
SAG1561	405	PTS system, IIC component, putative
SAG1562	280	conserved hypothetical protein
SAG1563	275	exodeoxyribonuclease
SAG1564	118	conserved hypothetical protein
SAG1565	158	methylated-DNA--protein-cysteine S-methyltransferase
SAG1566	393	D-isomer specific 2-hydroxyacid dehydrogenase family protein
SAG1567	182	acetyltransferase, GNAT family
SAG1568	NA	phosphoserine aminotransferase, authentic frameshift
SAG1569	211	copper homeostasis protein CutC, putative
SAG1570	34	conserved hypothetical protein
SAG1571	53	hypothetical protein
SAG1572	287	tetrapyrrole methylase family protein
SAG1573	108	conserved hypothetical protein
SAG1574	287	DNA polymerase III, delta prime subunit, putative
SAG1575	211	thymidylate kinase
SAG1576	267	transposase, IS30 family, putative, truncation
SAG1577	219	AcuB family protein
SAG1578	236	branched-chain amino acid ABC transporter, ATP-binding protein
SAG1579	254	branched-chain amino acid ABC transporter, ATP-binding protein
SAG1580	317	branched-chain amino acid ABC transporter, permease protein
SAG1581	289	branched-chain amino acid ABC transporter, permease protein
SAG1582	388	branched-chain amino acid ABC transporter, amino acid-binding protein
SAG1583	81	conserved hypothetical protein
SAG1584	377	IS1548, transposase
SAG1585	196	ATP-dependent Clp protease, proteolytic subunit ClpP
SAG1586	209	uracil phosphoribosyltransferase
SAG1587	389	aminotransferase, class I
SAG1588	182	RNA methyltransferase, TrmH family, group 2
SAG1589	450	amino acid permease, putative
SAG1590	449	potassium uptake protein, Trk family
SAG1591	475	cation uptake protein, Trk family
SAG1592	83	conserved hypothetical protein TIGR00278
SAG1593	240	ribosomal large subunit pseudouridine synthase B
SAG1594	194	conserved hypothetical protein TIGR00281
SAG1595	235	conserved hypothetical protein
SAG1596	246	integrase/recombinase, phage integrase family
SAG1597	157	CBS domain protein
SAG1598	173	conserved hypothetical protein
SAG1599	324	HAM1 protein
SAG1600	264	glutamate racemase
SAG1601	79	conserved hypothetical protein
SAG1602	180	membrane protein, putative
SAG1603	173	transcriptional regulator, biotin repressor family

Table 1: Complete list of GBS predicted genes

ORF	Size (a.a.)	Annotation
SAG1604	229	membrane protein, putative
SAG1605	167	conserved hypothetical protein
SAG1606	247	RNA methyltransferase, TrmH family
SAG1607	92	acylphosphatase
SAG1608	310	lipoprotein, putative
SAG1609	221	amino acid ABC transporter, permease protein
SAG1610	285	amino acid ABC transporter, substrate-binding protein
SAG1611	486	amidase family protein
SAG1612	160	transcription elongation factor GreA
SAG1613	600	conserved hypothetical protein
SAG1614	167	acetyltransferase, GNAT family
SAG1615	443	UDP-N-acetylmuramate--alanine ligase
SAG1616	205	conserved hypothetical protein
SAG1617	32	hypothetical protein
SAG1618	1032	Snf2 family protein
SAG1619	377	IS1548, transposase
SAG1620	436	phosphoglycerate dehydrogenase-related protein
SAG1621	300	primosomal protein DnaI
SAG1622	391	conserved hypothetical protein
SAG1623	159	conserved hypothetical protein TIGR00244
SAG1624	501	sensor histidine kinase CsrS
SAG1625	229	DNA-binding response regulator CsrR
SAG1626	177	conserved hypothetical protein
SAG1627	296	heat shock protein HtpX
SAG1628	184	lemA protein
SAG1629	237	glucose-inhibited division protein B
SAG1630	459	sodium transport family protein
SAG1631	223	potassium uptake protein, Trk family, putative
SAG1632	276	cobalt transport family protein
SAG1633	558	ABC transporter, ATP-binding protein
SAG1634	212	conserved hypothetical protein
SAG1635	402	sodium:dicarboxylate symporter family protein
SAG1636	455	branched-chain amino acid transport system II carrier protein
SAG1637	351	alcohol dehydrogenase, zinc-containing
SAG1638	230	ABC transporter, permease protein
SAG1639	356	ABC transporter, ATP-binding protein
SAG1640	458	peptidase, M20/M25/M40 family
SAG1641	274	YaeC family protein
SAG1642	277	ABC transporter, substrate-binding protein
SAG1643	229	glutamine amidotransferase, class I
SAG1644	37	hypothetical protein
SAG1645	238	conserved hypothetical protein TIGR01033
SAG1646	32	hypothetical protein
SAG1647	328	dihydroxyacetone kinase family protein
SAG1648	178	transcriptional regulator, TetR family, putative
SAG1649	37	hypothetical protein
SAG1650	329	dihydroxyacetone kinase family protein
SAG1651	192	dihydroxyacetone kinase family protein



Table 1: Complete list of GBS predicted genes

ORF	Size (a.a.)	Annotation
SAG1652	124	conserved hypothetical protein
SAG1653	237	glycerol uptake facilitator protein
SAG1654	134	conserved hypothetical protein
SAG1655	237	transcriptional regulator, MerR family
SAG1656	369	conserved hypothetical protein
SAG1657	83	hypothetical protein
SAG1658	244	conserved hypothetical protein
SAG1659	118	iojap-related protein
SAG1660	173	isochorismatase family protein
SAG1661	195	conserved hypothetical protein TIGR00488
SAG1662	210	conserved hypothetical protein TIGR00482
SAG1663	105	conserved hypothetical protein TIGR00253
SAG1664	372	GTP-binding protein
SAG1665	177	hydrolase, haloacid dehalogenase-like family
SAG1666	304	membrane protein, putative
SAG1667	480	glutamyl-tRNA(Gln) amidotransferase, B subunit
SAG1668	488	glutamyl-tRNA(Gln) amidotransferase, A subunit
SAG1669	100	glutamyl-tRNA(Gln) amidotransferase, C subunit
SAG1670	881	pyruvate phosphate dikinase
SAG1671	276	protein of unknown function
SAG1672	170	CBS domain protein
SAG1673	321	3-hydroxyacyl-CoA dehydrogenase family protein
SAG1674	182	isochorismatase family protein
SAG1675	261	transcriptional regulator CodY, putative
SAG1676	403	aminotransferase, class I
SAG1677	150	conserved hypothetical protein
SAG1678	460	hydrolase, haloacid dehalogenase-like family
SAG1679	320	asparaginase family protein
SAG1680	292	shikimate 5-dehydrogenase
SAG1681	304	oxidoreductase, aldo/keto reductase family
SAG1682	671	ATP-dependent DNA helicase RecG
SAG1683	512	immunogenic secreted protein, putative
SAG1684	366	alanine racemase
SAG1685	119	holo-(acyl-carrier-protein) synthase
SAG1686	335	phospho-2-dehydro-3-deoxyheptonate aldolase
SAG1687	842	preprotein translocase, SecA subunit
SAG1688	315	mannose-6-phosphate isomerase, class I
SAG1689	293	fructokinase
SAG1690	639	PTS system, IIABC components
SAG1691	479	sucrose-6-phosphate hydrolase
SAG1692	320	sucrose operon repressor ScrR
SAG1693	144	N utilization substance protein B
SAG1694	129	conserved hypothetical protein
SAG1695	186	translation elongation factor P
SAG1696	38	hypothetical protein
SAG1697	48	hypothetical protein
SAG1698	99	conserved hypothetical protein
SAG1699	30	hypothetical protein

Table 1: Complete list of GBS predicted genes

ORF	Size (a.a.)	Annotation
SAG1700	76	hypothetical protein
SAG1701	56	hypothetical protein
SAG1702	41	hypothetical protein
SAG1703	54	hypothetical protein
SAG1704	150	cytidine/deoxycytidylate deaminase family protein
SAG1705	NA	peptidase, M24 family, authentic point mutation
SAG1706	238	conserved hypothetical protein
SAG1707	499	drug resistance transporter, EmrB/QacA family
SAG1708	38	hypothetical protein
SAG1709	942	excinuclease ABC, A subunit
SAG1710	223	conserved hypothetical protein
SAG1711	314	magnesium transporter, CorA family
SAG1712	79	ribosomal protein S18
SAG1713	163	single-strand binding protein
SAG1714	95	ribosomal protein S6
SAG1715	374	A/G-specific adenine glycosylase
SAG1716	197	transcriptional regulator, Cro/CI family
SAG1717	104	thioredoxin
SAG1718	166	PAP2 family protein
SAG1719	779	MutS2 family protein
SAG1720	180	conserved hypothetical protein
SAG1721	103	conserved hypothetical protein
SAG1722	297	ribonuclease HIII
SAG1723	197	signal peptidase I
SAG1724	806	helicase, putative
SAG1725	160	conserved hypothetical protein
SAG1726	364	DNA-damage-inducible protein P
SAG1727	770	formate acetyltransferase
SAG1728	124	FMN-binding protein
SAG1729	309	conserved hypothetical protein
SAG1730	251	conserved hypothetical protein
SAG1731	298	membrane protein, putative
SAG1732	282	glycerol uptake facilitator protein, putative
SAG1733	150	universal stress protein family
SAG1734	400	transporter, putative
SAG1735	219	transcriptional regulator, Crp/Fnr family
SAG1736	761	X-pro dipeptidyl-peptidase
SAG1737	119	hypothetical protein
SAG1738	326	polyprenyl synthetase family protein
SAG1739	582	ABC transporter, ATP-binding protein CydC
SAG1740	572	ABC transporter, ATP-binding protein CydD
SAG1741	339	cytochrome d ubiquinol oxidase, subunit II
SAG1742	475	cytochrome d oxidase, subunit I
SAG1743	402	pyridine nucleotide-disulphide oxidoreductase family protein
SAG1744	299	prenyltransferase, UbiA family
SAG1745	148	hypothetical protein
SAG1746	35	hypothetical protein
SAG1747	99	conserved hypothetical protein TIGR00103

Table 1: Complete list of GBS predicted genes

ORF	Size (a.a.)	Annotation
SAG1748	396	cyclopropane-fatty-acyl-phospholipid synthase
SAG1749	241	transcriptional regulator, merR family
SAG1750	195	exonuclease
SAG1751	178	conserved hypothetical protein
SAG1752	390	conserved hypothetical protein TIGR00275
SAG1753	260	conserved hypothetical protein
SAG1754	89	ribosomal protein S14
SAG1755	38	hypothetical protein
SAG1756	341	conserved hypothetical protein
SAG1757	336	O-sialoglycoprotein endopeptidase family protein
SAG1758	135	ribosomal-protein-alanine acetyltransferase, putative
SAG1759	230	protein of unknown function
SAG1760	76	conserved hypothetical protein
SAG1761	559	metallo-beta-lactamase superfamily protein
SAG1762	169	conserved hypothetical protein
SAG1763	448	glutamine synthetase, type I
SAG1764	123	transcriptional regulator GlnR
SAG1765	179	conserved hypothetical protein
SAG1766	398	phosphoglycerate kinase
SAG1767	289	acid phosphatase
SAG1768	336	glyceraldehyde 3-phosphate dehydrogenase
SAG1769	692	translation elongation factor G
SAG1770	156	ribosomal protein S7
SAG1771	137	ribosomal protein S12
SAG1772	270	pur operon repressor
SAG1773	313	HD domain protein
SAG1774	424	conserved hypothetical protein
SAG1775	210	conserved hypothetical protein
SAG1776	220	ribulose-phosphate 3-epimerase
SAG1777	290	conserved hypothetical protein TIGR00157
SAG1778	283	rRNA (guanine-N1-)-methyltransferase, putative
SAG1779	290	dimethyladenosine transferase
SAG1780	163	hypothetical protein
SAG1781	186	primase-related protein
SAG1782	260	deoxyribonuclease, TatD family
SAG1783	90	hypothetical protein
SAG1784	130	hypothetical protein
SAG1785	430	hypothetical protein
SAG1786	130	protein of unknown function
SAG1787	420	dltD protein
SAG1788	79	D-alanyl carrier protein
SAG1789	421	dltB protein
SAG1790	511	D-alanine-activating enzyme
SAG1791	395	sensor histidine kinase
SAG1792	224	DNA-binding response regulator
SAG1793	44	ribosomal protein L34
SAG1794	451	membrane protein, putative
SAG1795	388	transposase, IS30 family, putative

Table 1: Complete list of GBS predicted genes

ORF	Size (a.a.)	Annotation
SAG1796	575	amino acid ABC transporter, permease protein
SAG1797	407	amino acid ABC transporter, ATP-binding protein
SAG1798	39	hypothetical protein
SAG1799	792	xylulose-5-phosphate/fructose-6-phosphate phosphoketolase
SAG1800	363	conserved hypothetical protein
SAG1801	559	transcriptional antiterminator, BglG family
SAG1802	253	conserved hypothetical protein
SAG1803	505	carbohydrate kinase, FGGY family
SAG1804	329	hypothetical protein
SAG1805	483	PTS system, IIC component, putative
SAG1806	318	glyoxylate reductase, NADH-dependent
SAG1807	339	hypothetical protein
SAG1808	327	sugar binding transcriptional regulator, LacI family
SAG1809	215	transaldolase family protein
SAG1810	238	carbohydrate isomerase, AraD/FucA family
SAG1811	287	hexulose-6-phosphate isomerase, putative
SAG1812	221	hexulose-6-phosphate synthase, putative
SAG1813	161	PTS system, IIA component
SAG1814	92	PTS system, IIB component
SAG1815	479	transport protein SgaT, putative
SAG1816	205	hypothetical protein
SAG1817	157	hypothetical protein
SAG1818	430	adenylosuccinate synthetase
SAG1819	340	perfringolysin O regulator protein
SAG1820	224	conserved hypothetical protein
SAG1821	750	glutamate--cysteine ligase/amino acid ligase, putative
SAG1822	272	protein of unknown function
SAG1823	418	protein of unknown function
SAG1824	291	chaperonin, 33 kDa
SAG1825	325	NifR3/Smm1 family protein
SAG1826	213	deoxynucleoside kinase family protein
SAG1827	163	phosphinothricin N-acetyltransferase
SAG1828	815	ATP-dependent Clp protease, ATP-binding subunit
SAG1829	154	transcriptional regulator CtsR
SAG1830	153	conserved hypothetical protein
SAG1831	346	translation elongation factor Ts
SAG1832	256	ribosomal protein S2
SAG1833	186	alkyl hydroperoxide reductase, subunit C
SAG1834	510	alkyl hydroperoxide reductase, subunit F
SAG1835	134	conserved hypothetical protein
SAG1836	61	conserved hypothetical protein
SAG1837	468	prophage LambdaSa2, lysin, putative
SAG1838	109	prophage LambdaSa2, holin, putative
SAG1839	136	conserved hypothetical protein
SAG1840	112	hypothetical protein
SAG1841	76	conserved domain protein
SAG1842	1224	prophage LambdaSa2, PblB, putative
SAG1843	240	conserved hypothetical protein

Table 1: Complete list of GBS predicted genes

ORF	Size (a.a.)	Annotation
SAG1844	911	conserved hypothetical protein
SAG1845	42	hypothetical protein
SAG1846	158	hypothetical protein
SAG1847	227	conserved hypothetical protein
SAG1848	114	conserved hypothetical protein
SAG1849	115	hypothetical protein
SAG1850	101	hypothetical protein
SAG1851	111	conserved domain protein
SAG1852	420	conserved domain protein
SAG1853	180	prophage LambdaSa2, protease, putative
SAG1854	380	conserved hypothetical protein
SAG1855	570	prophage LambdaSa2, terminase large subunit, putative
SAG1856	161	hypothetical protein
SAG1857	119	prophage LambdaSa2, HNH endonuclease family protein
SAG1858	95	hypothetical protein
SAG1859	180	prophage LambdaSa2, site-specific recombinase, phage integrase family
SAG1860	154	conserved hypothetical protein
SAG1861	119	prophage LambdaSa2, transcriptional regulator, Cro/CI family
SAG1862	86	hypothetical protein
SAG1863	138	prophage LambdaSa2, single-strand binding protein
SAG1864	68	hypothetical protein
SAG1865	74	conserved hypothetical protein
SAG1866	109	conserved hypothetical protein
SAG1867	163	conserved hypothetical protein
SAG1868	134	hypothetical protein
SAG1869	437	prophage LambdaSa2, type II DNA modification methyltransferase, putative
SAG1870	273	prophage LambdaSa2, DNA replication protein DnaC, putative
SAG1871	248	prophage LambdaSa2, bacteriophage replication protein/hypothetical protein, truncation/fusion
SAG1872	200	hypothetical protein
SAG1873	443	prophage LambdaSa2, replicative DNA helicase
SAG1874	87	hypothetical protein
SAG1875	94	conserved hypothetical protein
SAG1876	176	prophage LambdaSa2, HNH endonuclease family protein
SAG1877	236	prophage LambdaSa2, antirepressor protein, putative
SAG1878	102	conserved domain protein
SAG1879	156	hypothetical protein
SAG1880	54	hypothetical protein
SAG1881	51	hypothetical protein
SAG1882	120	prophage LambdaSa2, repressor protein, putative
SAG1883	128	conserved hypothetical protein
SAG1884	134	hypothetical protein
SAG1885	356	prophage LambdaSa2, site-specific recombinase, phage integrase family
SAG1886	32	hypothetical protein
SAG1887	689	Na <sup>+</sup> /H <sup>+</sup> exchanger family protein

Table 1: Complete list of GBS predicted genes

ORF	Size (a.a.)	Annotation
SAG1888	78	hypothetical protein
SAG1889	317	microcin immunity protein MccF, putative
SAG1890	631	endopeptidase O
SAG1891	327	oxidoreductase, Gfo/Idh/MocA family
SAG1892	358	membrane protein, putative
SAG1893	59	hypothetical protein
SAG1894	214	cyclic nucleotide-binding domain protein
SAG1895	204	polypeptide deformylase
SAG1896	333	sugar binding transcriptional regulator RegR
SAG1897	634	conserved hypothetical protein
SAG1898	271	PTS system, IID component
SAG1899	288	PTS system, IIC component
SAG1900	164	PTS system, IIB component
SAG1901	398	glucuronyl hydrolase
SAG1902	144	PTS system, IIA component
SAG1903	34	hypothetical protein
SAG1904	270	oxidoreductase, short-chain dehydrogenase/reductase family
SAG1905	212	conserved hypothetical protein
SAG1906	335	carbohydrate kinase, PfkB family
SAG1907	212	2-dehydro-3-deoxyphosphogluconate aldolase/4-hydroxy-2-oxoglutarate aldolase
SAG1908	499	hypothetical protein
SAG1909	204	nitroreductase family protein
SAG1910	141	transcriptional regulator, MarR family
SAG1911	1468	DNA polymerase III, alpha subunit, Gram-positive type
SAG1912	194	N-acetylmuramoyl-L-alanine amidase, family 4 protein
SAG1913	617	prolyl-tRNA synthetase
SAG1914	419	membrane-associated zinc metalloprotease, putative
SAG1915	264	phosphatidate cytidyltransferase
SAG1916	250	undecaprenyl diphosphate synthase
SAG1917	113	preprotein translocase, YajC subunit
SAG1918	114	bacteriocin transport accessory protein, putative
SAG1919	387	malate oxidoreductase
SAG1920	445	citrate carrier protein, CCS family
SAG1921	508	sensor histidine kinase
SAG1922	229	response regulator
SAG1923	331	UDP-glucose 4-epimerase
SAG1924	535	glucan 1,6-alpha-glucosidase
SAG1925	377	sugar ABC transporter, ATP-binding protein
SAG1926	283	helix-turn-helix domain protein, fis-type
SAG1927	298	lacX protein
SAG1928	325	tagatose 1,6-diphosphate aldolase
SAG1929	310	tagatose-6-phosphate kinase
SAG1930	171	galactose-6-phosphate isomerase, LacB subunit
SAG1931	141	galactose-6-phosphate isomerase, LacA subunit
SAG1932	816	neuraminidase-related protein
SAG1933	482	PTS system, IIC component, putative
SAG1934	101	PTS system, IIB component, putative

Table 1: Complete list of GBS predicted genes

ORF	Size (a.a.)	Annotation
SAG1935	157	PTS system, IIA component, putative
SAG1936	258	lactose phosphotransferase system repressor
SAG1937	NA	streptococcal histidine triad family protein, degenerate
SAG1938	307	adhesion lipoprotein
SAG1939	147	protein of unknown function TIGR00256
SAG1940	738	GTP pyrophosphokinase family protein
SAG1941	800	2',3'-cyclic-nucleotide 2'-phosphodiesterase
SAG1942	151	nrdI protein
SAG1943	345	conserved hypothetical protein
SAG1944	165	conserved hypothetical protein
SAG1945	345	iron ABC transporter, iron-binding protein
SAG1946	257	DNA-binding response regulator
SAG1947	549	conserved hypothetical protein
SAG1948	275	PTS system, IID component
SAG1949	269	PTS system, IIC component
SAG1950	163	PTS system, IIB component
SAG1951	141	PTS system, IIA component, putative
SAG1952	353	membrane protein, putative
SAG1953	60	hypothetical protein
SAG1954	384	membrane protein, putative
SAG1955	282	ABC transporter, ATP-binding protein
SAG1956	96	conserved hypothetical protein, truncation
SAG1957	250	response regulator
SAG1958	276	conserved hypothetical protein
SAG1959	727	PTS system, IIABC components
SAG1960	551	sensor histidine kinase
SAG1961	225	phosphate regulon response regulator PhoB
SAG1962	218	phosphate transport system regulatory protein PhoU, putative
SAG1963	253	phosphate ABC transporter, ATP-binding protein
SAG1964	292	phosphate ABC transporter, permease protein
SAG1965	281	phosphate ABC transporter, permease protein
SAG1966	293	hemolysin precursor, putative
SAG1967	195	hypothetical protein
SAG1968	246	conserved hypothetical protein TIGR00046
SAG1969	317	ribosomal protein L11 methyltransferase
SAG1970	102	conserved hypothetical protein
SAG1971	41	hypothetical protein
SAG1972	238	transcriptional regulator, MerR family
SAG1973	156	acetyltransferase, GNAT family
SAG1974	152	MutI/nudix family protein
SAG1975	47	hypothetical protein
SAG1976	156	conserved hypothetical protein
SAG1977	163	acetyltransferase, GNAT family
SAG1978	422	ATPase, AAA family
SAG1979	253	membrane protein, putative
SAG1980	300	ABC transporter, ATP-binding protein
SAG1981	68	hypothetical protein
SAG1982	359	transcriptional regulator, Cro/CI family

Table 1: Complete list of GBS predicted genes

ORF	Size (a.a.)	Annotation
SAG1983	105	conserved hypothetical protein
SAG1984	188	conserved hypothetical protein TIGR00730
SAG1985	51	hypothetical protein
SAG1986	375	site-specific recombinase, phage integrase family
SAG1987	61	conserved hypothetical protein
SAG1988	342	conserved hypothetical protein
SAG1989	139	hypothetical protein
SAG1990	127	hypothetical protein
SAG1991	204	transcriptional regulator, Cro/CI family
SAG1992	518	protein of unknown function
SAG1993	373	site-specific recombinase, phage integrase family
SAG1994	108	conserved hypothetical protein
SAG1995	210	hypothetical protein
SAG1996	263	cell wall surface anchor family protein, putative
SAG1997	182	hypothetical protein
SAG1998	457	hypothetical protein
SAG1999	47	hypothetical protein
SAG2000	666	membrane protein, putative
SAG2001	756	conjugal transfer protein, interruption-C
SAG2002	129	IS1381, transposase OrfB
SAG2003	127	IS1381, transposase OrfA
SAG2004	67	conjugal transfer protein, interruption-N
SAG2005	136	conserved hypothetical protein
SAG2006	88	conserved hypothetical protein
SAG2007	317	conserved hypothetical protein
SAG2008	84	conserved hypothetical protein
SAG2009	88	conserved hypothetical protein
SAG2010	157	hypothetical protein
SAG2011	160	conserved hypothetical protein
SAG2012	90	hypothetical protein
SAG2013	189	hypothetical protein
SAG2014	449	hypothetical protein
SAG2015	99	transcriptional regulator, Cro/CI family
SAG2016	125	hypothetical protein
SAG2017	429	transcriptional regulator, Cro/CI family
SAG2018	553	FtsK/SpoIIIE family protein
SAG2019	153	hypothetical protein
SAG2020	98	hypothetical protein
SAG2021	826	cell wall surface anchor family protein
SAG2022	417	transposase, ISL3 family
SAG2023	546	mercuric reductase
SAG2024	130	mercuric resistance operon regulatory protein MerR
SAG2025	522	Mn <sup>2+</sup> /Fe <sup>2+</sup> transporter, NRAMP family
SAG2026	240	membrane protein, putative
SAG2027	205	ABC transporter, ATP-binding protein
SAG2028	36	conserved hypothetical protein
SAG2029	284	streptomycin resistance protein
SAG2030	130	hypothetical protein



Table 1: Complete list of GBS predicted genes

ORF	Size (a.a.)	Annotation
SAG2031	202	hypothetical protein
SAG2032	111	conserved hypothetical protein
SAG2033	162	acetyltransferase, GNAT family
SAG2034	247	membrane protein, putative
SAG2035	300	ABC transporter, ATP-binding protein
SAG2036	68	hypothetical protein
SAG2037	358	transcriptional regulator, Cro/CI family
SAG2038	204	PAP2 family protein
SAG2039	98	conserved hypothetical protein
SAG2040	186	conserved hypothetical protein TIGR00730
SAG2041	287	protease, putative
SAG2042	100	rhodanese family protein
SAG2043	255	cAMP factor
SAG2044	62	hypothetical protein
SAG2045	179	DNA topology modulation protein FlaR, putative
SAG2046	361	glycerol dehydrogenase, putative
SAG2047	235	conserved hypothetical protein
SAG2048	614	5-methyltetrahydrofolate--homocysteine methyltransferase, putative
SAG2049	745	5-methyltetrahydropteroyltriglutamate--homocysteine methyltransferase
SAG2050	107	conserved hypothetical protein
SAG2051	230	branched-chain amino acid transport protein AzlC, putative
SAG2052	41	hypothetical protein
SAG2053	1570	serine protease, subtilase family, putative
SAG2054	228	DNA-binding response regulator
SAG2055	462	sensor histidine kinase
SAG2056	202	chromosome assembly-related protein
SAG2057	833	leucyl-tRNA synthetase
SAG2058	415	major facilitator family protein
SAG2059	281	protein of unknown function
SAG2060	398	glycosyl transferase, family 8
SAG2061	401	glycosyl transferase, family 8
SAG2062	179	transcription antitermination protein NusG
SAG2063	630	pathogenicity protein, putative
SAG2064	57	preprotein translocase, SecE subunit, putative
SAG2065	50	ribosomal protein L33
SAG2066	773	penicillin-binding protein 2A
SAG2067	294	ribosomal large subunit pseudouridine synthase, RluD subfamily
SAG2068	546	conserved hypothetical protein
SAG2069	403	phosphopentomutase
SAG2070	223	deoxyribose-phosphate aldolase
SAG2071	400	Na <sup>+</sup> dependent nucleoside transporter
SAG2072	259	uridine phosphorylase
SAG2073	245	transcriptional regulator, GntR family
SAG2074	540	60 kda chaperonin
SAG2075	94	chaperonin, 10 kDa
SAG2076	267	ABC transporter, ATP-binding protein

Table 1: Complete list of GBS predicted genes

ORF	Size (a.a.)	Annotation
SAG2077	298	ABC transporter, permease protein
SAG2078	320	protein of unknown function/lipoprotein, putative
SAG2079	265	hydrolase, haloacid dehalogenase-like family
SAG2080	286	glyoxalase family protein
SAG2081	243	conserved hypothetical protein
SAG2082	205	anaerobic ribonucleoside-triphosphate reductase activating protein
SAG2083	163	acetyltransferase, GNAT family
SAG2084	310	virulence factor MviM, putative
SAG2085	47	conserved hypothetical protein
SAG2086	723	anaerobic ribonucleoside-triphosphate reductase
SAG2087	495	membrane protein, putative
SAG2088	40	hypothetical protein
SAG2089	105	conserved hypothetical protein
SAG2090	136	conserved hypothetical protein TIGR00250
SAG2091	88	conserved hypothetical protein
SAG2092	132	conserved hypothetical protein
SAG2093	379	recA protein
SAG2094	NA	competence/damage-inducible protein CinA, authentic frameshift
SAG2095	183	DNA-3-methyladenine glycosylase I
SAG2096	196	Holliday junction DNA helicase RuvA
SAG2097	418	transporter, putative
SAG2098	659	DNA mismatch repair protein HexB
SAG2099	33	hypothetical protein
SAG2100	67	cold shock protein, CSD family
SAG2101	858	DNA mismatch repair protein HexA
SAG2102	145	arginine repressor ArgR, putative
SAG2103	563	arginyl-tRNA synthetase
SAG2104	102	conserved hypothetical protein
SAG2105	290	conserved hypothetical protein
SAG2106	314	conserved hypothetical protein
SAG2107	583	aspartyl-tRNA synthetase
SAG2108	426	histidyl-tRNA synthetase
SAG2109	60	ribosomal protein L32
SAG2110	49	ribosomal protein L33
SAG2111	173	conserved hypothetical protein
SAG2112	494	site-specific recombinase, phage integrase family
SAG2113	82	conserved hypothetical protein
SAG2114	342	conserved hypothetical protein
SAG2115	143	hypothetical protein
SAG2116	151	conserved hypothetical protein
SAG2117	71	hypothetical protein
SAG2118	306	transcriptional regulator, Cro/CI family
SAG2119	373	conserved domain protein
SAG2120	269	hypothetical protein
SAG2121	223	hypothetical protein
SAG2122	223	DNA-binding response regulator
SAG2123	454	sensor histidine kinase
SAG2124	517	membrane protein, putative

Table 1: Complete list of GBS predicted genes

ORF	Size (a.a.)	Annotation
SAG2125	308	carbamate kinase
SAG2126	332	ornithine carbamoyltransferase
SAG2127	431	sensor histidine kinase
SAG2128	277	response regulator
SAG2129	240	amino acid ABC transporter, ATP-binding protein
SAG2130	504	amino acid ABC transporter, amino acid-binding protein/permease protein
SAG2131	847	membrane protein, putative
SAG2132	247	conserved hypothetical protein
SAG2133	118	conserved hypothetical protein
SAG2134	772	membrane protein, putative
SAG2135	179	transcriptional regulator, TetR family, putative
SAG2136	98	conserved hypothetical protein
SAG2137	203	ribosomal protein S4
SAG2138	95	conserved hypothetical protein
SAG2139	451	replicative DNA helicase
SAG2140	150	ribosomal protein L9
SAG2141	660	DHH family protein
SAG2142	613	glucose inhibited division protein A
SAG2143	203	membrane protein, putative
SAG2144	373	tRNA (5-methylaminomethyl-2-thiouridylate)-methyltransferase
SAG2145	222	L-serine dehydratase, iron-sulfur-dependent, beta subunit
SAG2146	290	L-serine dehydratase, iron-sulfur-dependent, alpha subunit
SAG2147	234	protein of unknown function/lipoprotein, putative
SAG2148	179	LysM domain protein
SAG2149	264	cobalt transport family protein
SAG2150	280	ABC transporter, ATP-binding protein
SAG2151	279	ABC transporter, ATP-binding protein
SAG2152	180	CDP-diacylglycerol-glycerol-3-phosphate 3-phosphatidyltransferase
SAG2153	427	peptidase, M16 family
SAG2154	414	conserved hypothetical protein
SAG2155	117	conserved hypothetical protein
SAG2156	369	recF protein
SAG2157	278	transporter, putative
SAG2158	220	transcriptional regulator, Cro/CI family
SAG2159	493	inosine-5'-monophosphate dehydrogenase
SAG2160	161	transcriptional regulator, ArgR family
SAG2161	226	transcriptional regulator, Crp/Fnr family
SAG2162	234	conserved hypothetical protein
SAG2163	410	arginine deiminase
SAG2164	136	acetyltransferase, GNAT family
SAG2165	337	ornithine carbamoyltransferase
SAG2166	475	arginine/ornithine antiporter
SAG2167	318	carbamate kinase
SAG2168	341	tryptophanyl-tRNA synthetase
SAG2169	230	membrane protein, putative
SAG2170	290	conserved hypothetical protein

**Table 1: Complete list of GBS predicted genes**

<b>ORF</b>	<b>Size (a.a.)</b>	<b>Annotation</b>
SAG2171	539	ABC transporter, ATP-binding protein
SAG2172	859	ABC transporter, permease protein, putative
SAG2173	159	conserved hypothetical protein TIGR00246
SAG2174	409	serine protease
SAG2175	257	partitioning protein, ParB family

Table 2

ORF	Size (aa)	Signal Peptide	Sortase motif	Lipo- protein	Other	Western blot	FACS	GBS specific	Annotation
SAG0017	447	+							pcsB
SAG0031	299	+							peptidase, M23/M37 family
SAG0032	434	+				+	+		group B streptococcal surface immunogenic protein
SAG0034	438	+		+		+	+		sugar ABC transporter, sugar-binding protein
SAG0051	126	+				+	+		MORN motif family protein
SAG0079	212				+	+	+		adenylate kinase
SAG0086	85			+				+	lipoprotein, putative
SAG0093	250	+				+	+		D-alanyl-D-alanine carboxypeptidase family protein
SAG0094	191	+							N-acetylmuramoyl-L-alanine amidase, family 4 protein
SAG0108	308	+							conserved hypothetical protein
SAG0114	322	+		+					ribose ABC transporter, periplasmic D-ribose-binding protein
SAG0124	356	+							sensor histidine kinase
SAG0132	294	+				+	+		SPFH domain/Band 7 family protein
SAG0134	96	+						+	hypothetical protein
SAG0146	395	+							penicillin-binding protein 4, putative
SAG0147	411	+							D-alanyl-D-alanine carboxypeptidase family protein
SAG0148	551			+		+	-		oligopeptide ABC transporter, substrate-binding protein, putative
SAG0166	123	+							conserved domain protein
SAG0176	94	+							conserved hypothetical protein
SAG0187	542	+		+		+	+		oligopeptide ABC transporter, oligopeptide-binding protein
SAG0206	60			+				+	lipoprotein, putative
SAG0213	39	+						+	hypothetical protein
SAG0231	135	+							hypothetical protein
SAG0242	308			+		+	-		amino acid ABC transporter, amino acid-binding protein
SAG0245	152			+		+	-	+	protein of unknown function/lipoprotein, putative
SAG0255	315	+							conserved hypothetical protein
SAG0257	53			+				+	lipoprotein, putative
SAG0265	235	+				+	-	+	conserved hypothetical protein
SAG0290	270	+				+	+		ABC transporter, substrate-binding protein
SAG0298	750	+							penicillin-binding protein 1A

Table 2

ORF	Size (aa)	Signal Peptide	Sortase motif	Lipo- protein	Other	Western blot	FACS	GBS specific	Annotation
SAG0306	535	+							KH domain protein
SAG0321	339	+							sensor histidine kinase, putative
SAG0329	106	+							PTS system, cellobiose-specific IIB component
SAG0368	435	+				+	+		protein of unknown function
SAG0371	167	+						+	hypothetical protein
SAG0383	334	+		+		+	-		protein of unknown function/lipoprotein, putative
SAG0392	521	+	+			+	+		cell wall surface anchor family protein
SAG0394	345				+				sensor histidine kinase
SAG0405	347	+		+		+	+		protein of unknown function/lipoprotein, putative
SAG0406	299	+							UTP-glucose-1-phosphate uridylyltransferase
SAG0407	338	+							glycerol-3-phosphate dehydrogenase (NAD(P)+)
SAG0416	1233	+	+			+	+		protease, putative
SAG0421	1055		+			+	-		cell wall surface anchor family protein
SAG0433	1389		+						surface protein Rib
SAG0437	123			+					lipoprotein, putative
SAG0451	149	+		+				+	bacteriocin transport accessory protein, putative
SAG0455	357	+							conserved hypothetical protein
SAG0472	126	+				+	-		rhodanese-like family protein
SAG0482	84	+							YGGT family protein
SAG0499	275				+				hemolysin A
SAG0503	279	+				+	+		lipase/acylhydrolase
SAG0504	200	+							conserved hypothetical protein
SAG0506	65	+						+	hypothetical protein
SAG0521	236	+							carboxymethylenebutenolidase-related protein
SAG0535	506	+				+	+		zinc ABC transporter, zinc-binding adhesion liprotein
SAG0596	670				+				prophage LambdaSa1, pblA protein, internal deletion
SAG0603	111				+				conserved hypothetical protein
SAG0604	239				+				prophage LambdaSa1, lysin, putative
SAG0617	439				+				sensor histidine kinase VncS
SAG0624	574	+							septation ring formation regulator EzrA, putative
SAG0629	354	+							conserved domain protein
SAG0635	245	+				+	-		acid phosphatase, class B
SAG0638	109	+							cell wall surface anchor family protein, interruption-N

Table 2

ORF	Size (aa)	Signal Peptide	Sortase motif	Lipo- protein	Other	Western blot	FACS	GBS specific	Annotation
SAG0645	554		+			+	+		cell wall surface anchor family protein
SAG0646	307	+	+			+	-		cell wall surface anchor family protein
SAG0647	305	+							sortase family protein
SAG0649	890		+			+	+		cell wall surface anchor family protein, putative
SAG0658	383	+		+					lipoprotein, putative
SAG0675	171	+							putative secreted protein
SAG0676	885				+				proteinase, putative
SAG0677	1062		+						hypothetical protein
SAG0679	343	+		+		+	-		protein of unknown function
SAG0680	339	+				+	-		protein of unknown function
SAG0681	353	+							conserved domain protein
SAG0686	261	+				+	+		DNA-entry nuclease, putative
SAG0714	188	+						+	conserved hypothetical protein
SAG0717	266	+				+	+		amino acid ABC transporter, amino acid-binding protein
SAG0720	449				+				sensory box histidine kinase
SAG0738	132	+							conserved hypothetical protein
SAG0739	143	+							conserved hypothetical protein
SAG0742	428				+	+	+		peptidase, U32 family
SAG0755	282	+							peptidase, U32 family
SAG0757	129	+		+		+	-		protein of unknown function/lipoprotein, putative
SAG0764	230				+	+	+		phosphoglycerate mutase family protein
SAG0765	681	+							penicillin-binding protein 2b
SAG0771	512	+	+			+	+	+	cell wall surface anchor family protein
SAG0776	276	+		+					YaeC family protein, putative
SAG0777	528				+	+	+		ATP-dependent RNA helicase, DEAD/DEAH box family
SAG0785	330	+							conserved hypothetical protein
SAG0808	309	+		+		+	+		protease maturation protein, putative
SAG0824	417	+							polysaccharide deacetylase family protein
SAG0832	753	+				+	+		protein of unknown function
SAG0833	181	+						+	hypothetical protein
SAG0867	63	+							conserved hypothetical protein
SAG0868	285	+				+	-		DNA-entry nuclease
SAG0886	319	+				+	+		protein of unknown function

Table 2

ORF	Size (aa)	Signal Peptide	Sortase motif	Lipo- protein	Other	Western blot	FACS	GBS specific	Annotation
SAG0904	56	+						+	hypothetical protein
SAG0907	877	+		+		+	-		protein of unknown function/lipoprotein, putative
SAG0926	333	+							Tn916, NLP/P60 family protein
SAG0942	185	+				+	+		signal peptidase I, putative
SAG0949	276	+		+		+	+		amino acid ABC transporter, amino acid-binding protein
SAG0954	349			+		+	-		protein of unknown function/lipoprotein, putative
SAG0961	247	+				+	-		sortase SrtA
SAG0963	320	+							conserved hypothetical protein
SAG0971	282	+		+		+	-		protein of unknown function/lipoprotein, putative
SAG0973	320	+						+	nisin-resistance protein, putative
SAG0977	312				+				sensor histidine kinase
SAG0979	553	+		+		+	-		ABC transporter, substrate-binding protein
SAG0984	437	+							sensor histidine kinase CiaH
SAG0992	286	+		+		+	+		phosphate ABC transporter, phosphate-binding protein
SAG1007	342	+		+		+	-		iron-compound ABC transporter, iron-compound-binding protein
SAG1014	190	+				-	-		conserved hypothetical protein
SAG1018	40			+				+	lipoprotein, putative
SAG1024	183	+		+					lipoprotein, putative
SAG1029	101	+							hypothetical protein
SAG1030	304	+				+	+		protein of unknown function
SAG1037	157	+						+	hypothetical protein
SAG1052	47		+					+	cell wall surface anchor family protein, putative
SAG1072	200	+							conserved hypothetical protein
SAG1094	278				+	+	+		conserved hypothetical protein
SAG1108	357	+				+	-		spermidine/putrescine ABC transporter, spermidine/putrescine-binding prot.
SAG1121	295	+							polysaccharide deacetylase family protein
SAG1126	228	+				+	+		protein of unknown function
SAG1127	446	+						+	conserved domain protein
SAG1130	49	+						+	hypothetical protein
SAG1138	64	+							conserved hypothetical protein
SAG1139	193	+							conserved hypothetical protein



Table 2

ORF	Size (aa)	Signal Peptide	Sortase motif	Lipo- protein	Other	Western blot	FACS	GBS specific	Annotation
SAG1149	207	+		+					lipoprotein, putative
SAG1184	236	+							conserved hypothetical protein
SAG1186	553				+				metallo-beta-lactamase superfamily protein
SAG1189	334	+							conserved hypothetical protein
SAG1190	551				+				adherence and virulence protein A
SAG1197	1072	+							hyaluronidase
SAG1201	367	+							iminodiacetate oxidase, putative
SAG1206	854	+							conserved domain protein
SAG1214	58	+							hypothetical protein
SAG1216	1252		+			+	-		pullulanase, putative
SAG1227	198	+				+	-		protein of unknown function
SAG1233	822	+				+	-		streptococcal histidine triad family protein
SAG1234	306	+		+		+	+		laminin-binding surface protein
SAG1238	202	+							hypothetical protein
SAG1283	1631		+			+	+		agglutinin receptor
SAG1313	56	+							conserved hypothetical protein
SAG1327	409	+							sensor histidine kinase
SAG1331	979	+	+			+	+		R5 protein
SAG1333	690	+	+			+	+		5'-nucleotidase family protein
SAG1350	544	+							surface antigen-related protein
SAG1361	414	+							conserved hypothetical protein
SAG1371	392	+							conserved hypothetical protein
SAG1393	310			+					iron compound ABC transporter, substrate-binding protein
SAG1404	308	+	+			+	-		cell wall surface anchor family protein
SAG1405	294	+			+	+	+		sortase family protein
SAG1406	293	+							sortase family protein
SAG1407	705	+	+			+	+		cell wall surface anchor family protein
SAG1408	901		+						cell wall surface anchor family protein
SAG1419	577			+				+	lipoprotein, putative
SAG1431	268			+					amino acid ABC transporter, amino acid-binding protein
SAG1433	375	+							conserved hypothetical protein
SAG1441	415	+				+	+		maltose/maltodextrin ABC transporter, maltose/maltodextrin-binding protein

Table 2

ORF	Size (aa)	Signal Peptide	Sortase motif	Lipo- protein	Other	Western blot	FACS	GBS specific	Annotation
SAG1462	970		+						cell wall surface anchor family protein
SAG1473	192	+	+					+	cell wall surface anchor family protein
SAG1474	680	+	+						amidase family protein
SAG1483	78	+							preprotein translocase, SecG subunit
SAG1488	195	+				+	+		dephospho-CoA kinase
SAG1491	530	+						+	hypothetical protein
SAG1508	590				+	+	-		67 kDa Myosin-crossreactive streptococcal antigen
SAG1518	538	+		+					peptide ABC transporter, peptide-binding protein
SAG1530	267	+		+		+	-		peptidyl-prolyl cis-trans isomerase, cyclophilin-type
SAG1533	308	+		+		+	-		manganese ABC transporter, manganese-binding adhesion liprotein
SAG1544	232	+							gluconate 5-dehydrogenase, putative
SAG1551	67	+						+	hypothetical protein
SAG1552	719	+							conserved hypothetical protein
SAG1553	477	+						+	hypothetical protein
SAG1562	280	+							conserved hypothetical protein
SAG1582	388	+		+		+	-		branched-chain amino acid ABC transporter, amino acid- binding protein
SAG1590	449				+	+	+		potassium uptake protein, Trk family
SAG1601	79	+							conserved hypothetical protein
SAG1610	285			+		+	-		amino acid ABC transporter, substrate-binding protein
SAG1618	1032				+	+	+		Snf2 family protein
SAG1624	501	+							sensor histidine kinase CsrS
SAG1628	184	+							lemA protein
SAG1631	223	+				+	-		potassium uptake protein, Trk family, putative
SAG1641	274	+				+	-		YaeC family protein
SAG1642	277	+		+		+	-		ABC transporter, substrate-binding protein
SAG1683	512	+							immunogenic secreted protein, putative
SAG1706	238	+							conserved hypothetical protein
SAG1745	148	+						+	hypothetical protein
SAG1752	390	+							conserved hypothetical protein TIGR00275
SAG1759	230				+	+	+		protein of unknown function
SAG1762	169	+							conserved hypothetical protein

Table 2

ORF	Size (aa)	Signal Peptide	Sortase motif	Lipo- protein	Other	Western blot	FACS	GBS specific	Annotation
SAG1767	289	+		+					acid phosphatase
SAG1768	336				+	+	+		glyceraldehyde 3-phosphate dehydrogenase
SAG1774	424	+							conserved hypothetical protein
SAG1786	130	+				+	-		protein of unknown function
SAG1787	420	+							ditD protein
SAG1791	395	+							sensor histidine kinase
SAG1822	272	+				+	-		protein of unknown function
SAG1823	418				+	+	+		protein of unknown function
SAG1837	468				+				prophage LambdaSa2, lysin, putative
SAG1838	109	+							prophage LambdaSa2, holin, putative
SAG1839	136	+							conserved hypothetical protein
SAG1842	1224				+				prophage LambdaSa2, PblB, putative
SAG1912	194	+							N-acetylmuramoyl-L-alanine amidase, family 4 protein
SAG1921	508	+							sensor histidine kinase
SAG1932	816	+							neuraminidase-related protein
SAG1938	307	+		+		+	-		adhesion lipoprotein
SAG1941	800	+	+			+	-		2',3'-cyclic-nucleotide 2'-phosphodiesterase
SAG1945	345	+							iron ABC transporter, iron-binding protein
SAG1947	549				+				conserved hypothetical protein
SAG1960	551				+	+	+		sensor histidine kinase
SAG1966	293			+		+	-		hemolysin precursor, putative
SAG1996	263	+	+						cell wall surface anchor family protein, putative
SAG1997	182	+							hypothetical protein
SAG1998	457	+							hypothetical protein
SAG2021	826		+						cell wall surface anchor family protein
SAG2043	255	+							cAMP factor
SAG2053	1570	+	+						serine protease, subtilase family, putative
SAG2055	462				+				sensor histidine kinase
SAG2056	202	+						+	chromosome assembly-related protein
SAG2063	630	+	+						pathogenicity protein, putative
SAG2078	320	+		+		+	-		protein of unknown function/lipoprotein, putative
SAG2094		+				+	+		competence/damage-inducible protein CinA, authentic frameshift

Table 2

ORF	Size (aa)	Signal Peptide	Sortase motif	Lipo- protein	Other	Western blot	FACS	GBS specific	Annotation
SAG2121	223	+						+	hypothetical protein
SAG2123	454	+							sensor histidine kinase
SAG2141	660	+				+	-		DHH family protein
SAG2147	234	+		+		+	+		protein of unknown function/lipoprotein, putative
SAG2148	179	+							LysM domain protein
SAG2174	409	+							serine protease
SAG0013	428	+				+	-		protein of unknown function

Table 3

ORF	Annotation
SAG0038	conserved hypothetical protein
SAG0048	transcriptional regulator Cro/CI family
SAG0091	transcriptional regulator ComX1 putative
SAG0137	conserved hypothetical protein
SAG0686	DNA-entry nuclease putative
SAG0770	membrane protein putative
SAG0868	DNA-entry nuclease
SAG1143	conserved hypothetical protein
SAG1233	streptococcal histidine triad family protein
SAG1596	integrase/recombinase phage integrase family
SAG1616	conserved hypothetical protein
SAG1721	conserved hypothetical protein.

Table 4: Probable recently duplicated genes

Probable recently duplicated genes are indicated on the same line and are separated by a semicolon.

SAG0148 oligopeptide ABC transporter, substrate-binding protein, putative; SAG0979 ABC transporter, substrate-binding protein

SAG0151 oligopeptide ABC transporter, ATP-binding protein; SAG1515 peptide ABC transporter, ATP-binding protein

SAG0195 IS1548, transposase; SAG0693 IS1548, transposase; SAG0760 IS1548, transposase; SAG0945 IS1548, transposase; SAG1584 IS1548, transposase; SAG1619 IS1548, transposase

SAG0230 conserved hypothetical protein; SAG1039 conserved hypothetical protein

SAG0233 hypothetical protein; SAG1785 hypothetical protein

SAG0261 IS1381, transposase OrfB; SAG0542 IS1381, transposase OrfA; SAG0543 IS1381, transposase OrfB; SAG0966 IS1381, transposase OrfB; SAG1457 IS1381, transposase OrfB; SAG1550 IS1381, transposase OrfB; SAG2002 IS1381, transposase OrfB

SAG0262 IS1381, transposase OrfA; SAG0965 IS1381, transposase OrfA; SAG1549 IS1381, transposase OrfA; SAG1458 IS1381, transposase OrfA; SAG2003 IS1381, transposase OrfA

SAG0383 protein of unknown function/lipoprotein, putative; SAG0785 conserved hypothetical protein

SAG0405 protein of unknown function/lipoprotein, putative; SAG0954 protein of unknown function/lipoprotein, putative

SAG0417 glycosyl transferase, group 2 family protein; SAG1422 glycosyl transferase, group 2 family protein

SAG0429 oxidoreductase, aldo/keto reductase family; SAG1476 oxidoreductase, aldo/keto reductase family

Table 4: Probable recently duplicated genes

SAG0432	transcriptional regulator, AraC family; SAG0644 transcriptional regulator, AraC family
SAG0434	transposase, IS256 family, truncation; SAG0448 transposase, IS256 family
SAG0438	bacteriophage L54a, integrase, truncation; SAG1986 site-specific recombinase, phage integrase family; SAG1989 hypothetical protein; SAG1993 site-specific recombinase, phage integrase family; SAG2115 hypothetical protein
SAG0442	acetyltransferase, GNAT family; SAG0443 acetyltransferase, GNAT family
SAG0447	magnesium transporter, CorA family; SAG0875 magnesium transporter, CorA family, putative
SAG0508	beta-lactam resistance factor; SAG1349 beta-lactam resistance factor
SAG0566	prophage LambdaSa1, single-strand binding protein; SAG1713 single-strand binding protein; SAG1863 prophage LambdaSa2, single-strand binding protein
SAG0603	conserved hypothetical protein; SAG1838 prophage LambdaSa2, holin, putative
SAG0604	prophage LambdaSa1, lysin, putative; SAG1837 prophage LambdaSa2, lysin, putative.
SAG0618	transposase OrfB, IS3 family, truncation; SAG0639 transposase OrfB, IS3 family; SAG1232 transposase OrfB, IS3 family, truncation; SAG1242 transposase OrfB, IS3 family, truncation
SAG0640	transposase OrfA, IS3 family; SAG1241 transposase OrfA, IS3 family
SAG0646	cell wall surface anchor family protein; SAG1404 cell wall surface anchor family protein

Table 4: Probable recently duplicated genes

SAG0647	sortase family protein; SAG0648 sortase family protein; SAG0650 sortase family protein
SAG0649	cell wall surface anchor family protein, putative; SAG1408 cell wall surface anchor family protein
SAG0676	proteinase, putative; SAG2053 serine protease, subtilase family, putative
SAG0679	protein of unknown function; SAG0680 protein of unknown function; SAG0681 conserved domain protein
SAG1002	protease, putative; SAG1465 protease, putative
SAG1025	hypothetical protein; SAG1033 FtsK/SpoIIIE family protein
SAG1067	IS861, transposase OrfA; SAG1526 IS861, transposase OrfA
SAG1068	IS861, transposase OrfB; SAG1256 IS861, transposase OrfB, truncation; SAG1527 IS861, transposase OrfB
SAG1140	conserved hypothetical protein; SAG1141 conserved hypothetical protein
SAG1164	glycosyl transferase CpsI(V); SAG1165 glycosyl transferase CpsO(V)
SAG1182	phosphopentomutase; SAG2069 phosphopentomutase
SAG1225	conserved hypothetical protein; SAG1540 conserved hypothetical protein
SAG1228	ISSdy1, transposase OrfA; SAG1243 ISSdy1, transposase OrfA
SAG1229	ISSdy1, transposase OrfB; SAG1244 ISSdy1, transposase OrfB
SAG1253	transposase, ISL3 family; SAG2022 transposase, ISL3 family



Table 4: Probable recently duplicated genes

SAG1254 mercuric reductase; SAG2023 mercuric reductase
SAG1255 mercuric resistance operon regulatory protein MerR; SAG2024 mercuric resistance operon regulatory protein MerR
SAG1259 conserved hypothetical protein; SAG1272 conserved hypothetical protein
SAG1283 agglutinin receptor; SAG2021 cell wall surface anchor family protein
SAG1297 C-5 cytosine-specific DNA methylase; SAG1869 prophage LambdaSa2, type II DNA modification methyltransferase, putative
SAG1405 sortase family protein; SAG1406 sortase family protein
SAG1414 glycosyl transferase, group 2 family protein; SAG1415 glycosyl transferase, group 2 family protein
SAG1456 glycosyl transferase, family 8, degenerate; SAG2060 glycosyl transferase, family 8
SAG1521 transposase, IS30 family, putative; SAG1576 transposase, IS30 family, putative, truncation; SAG1795 transposase, IS30 family, putative
SAG1655 transcriptional regulator, MerR family; SAG1972 transcriptional regulator, MerR family
SAG1979 membrane protein, putative; SAG2034 membrane protein, putative
SAG1980 ABC transporter, ATP-binding protein; SAG2035 ABC transporter, ATP-binding protein
SAG1982 transcriptional regulator, Cro/CI family; SAG2037 transcriptional regulator, Cro/CI family
SAG1983 conserved hypothetical protein; SAG2039 conserved hypothetical protein

**Table 4: Probable recently duplicated genes**

SAG1984 conserved hypothetical protein TIGR00730; SAG2040 conserved hypothetical protein TIGR00730

SAG1988 conserved hypothetical protein; SAG2114 conserved hypothetical protein

Table 5

Strain	Source	Capsular serotype	Reference
090	Lancefield	Ia	
515	Houston	Ia	(1)
A909	Lancefield	Ia	(2)
Davis	Channing	Ia	
DK1	Houston	Ia	
DK8	Houston	Ia	
H36b	Lancefield	Ib	(2)
(S7) 7357b	Channing	Ib	(3)
18RS21	Lancefield	II	(4)
DK21	Houston	II	
COH1	Seattle	III	(5)
COH31	Seattle	III	(6)
D136C	Lancefield	III	(4)
M781	Houston	III	(7)
M732	Houston	III	(8)
1169NT1	Atlanta	V	(9)
2603V/R	Italy	V	This study
CJB111	Houston	V	(10)
JM9130013	Japan	VIII	(11)
SMU014	Japan	VIII	(11)
CJB110	Houston	Nontypeable	(12)

Table 5

1. Wessels, M. R., Paoletti, L. C., Rodewald, A. K., Michon, F., DiFabio, J., Jennings, H. J. & Kasper, D. L. (1993) *Infect Immun* 61, 4760-6.
2. Wilkinson, H. W. & Eagon, R. G. (1971) *Infect Immun* 4, 596-604.
3. Madoff, L. C., Michel, J. L., Gong, E. W., Rodewald, A. K. & Kasper, D. L. (1992) *Infect Immun* 60, 4989-94.
4. Lancefield, R. C. (1975) in *New approaches for inducing natural immunity to pyogenic organisms* ed. Robbins, J. E. A. (National Institutes of Health, Bethesda, MD), pp. 145-151.
5. Wessels, M. R., Benedi, V.-J., Kasper, D. L., Heggen, L. M. & Rubens, C. E. (1991) in *Genetics and molecular biology of streptococci, lactococci, and enterococci* eds. Dunny, G. M., Cleary, P. P. & McKay, L. L. (American society for microbiology, Washington, DC), pp. 219-223.
6. Rubens, C. E., Wessels, M. R., Heggen, L. M. & Kasper, D. L. (1987) *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 84, 7208-12.
7. Wessels, M. R., Paoletti, L. C., Kasper, D. L., DiFabio, J. L., Michon, F., Holme, K. & Jennings, H. J. (1990) *J Clin Invest* 86, 1428-33.
8. Edwards, M. S., Wessels, M. R. & Baker, C. J. (1993) *Infect Immun* 61, 2866-71.
9. Wilkinson, H. W. (1977) *J Clin Microbiol* 6, 183-4.
10. Wessels, M. R., Paoletti, L. C., Pinel, J. & Kasper, D. L. (1995) *J Infect Dis* 171, 879-84.
11. Lachenauer, C. S., Kasper, D. L., Shimada, J., Iciman, Y., Ohtsuka, H., Kaku, M., Paoletti, L. C. & Madoff, L. C. (1997) in *ICAAC*, pp. K-80.
12. Lachenauer, C. S., Creti, R., Michel, J. L. & Madoff, L. C. (2000) *Proc Natl Acad Sci USA* 97, 9630-5.

**Table 6****Cluster 1**

SAG0230	conserved hypothetical protein
SAG0231	hypothetical protein
SAG0232	hypothetical protein
SAG0233	hypothetical protein
SAG0234	hypothetical protein
SAG0235	hypothetical protein

**Cluster 2**

SAG0222	conserved domain protein
SAG0223	conserved hypothetical protein, fusion
SAG0225	hypothetical protein
SAG0226	recombination protein
SAG0227	hypothetical protein
SAG0228	conserved hypothetical protein
SAG0229	conserved hypothetical protein

**Cluster 3**

SAG0634	hypothetical protein
SAG0635	acid phosphatase, class B
SAG0636	conserved hypothetical protein
SAG0638	cell wall surface anchor family protein, interruption-N
SAG0640	transposase OrfA, IS3 family

**Table 6**

SAG0642	hypothetical protein
SAG0643	chaperonin, 33 kDa, degenerate
SAG0644	transcriptional regulator, AraC family
SAG0645	cell wall surface anchor family protein
SAG0646	cell wall surface anchor family protein
SAG0647	sortase family protein
SAG0648	sortase family protein
SAG0649	cell wall surface anchor family protein, putative
SAG0650	sortase family protein
SAG0651	protein of unknown function

**Cluster 4**

SAG1898	PTS system, IID component
SAG1899	PTS system, IIC component
SAG1900	PTS system, IIB component
SAG1901	glucuronyl hydrolase
SAG1902	PTS system, IIA component
SAG1905	conserved hypothetical protein
SAG1906	carbohydrate kinase, PfkB family

**Cluster 5**

SAG0247	hypothetical protein
SAG0248	hypothetical protein

**Table 6**

SAG0249	hypothetical protein
SAG0674	hypothetical protein
SAG0675	putative secreted protein
SAG0676	proteinase, putative
SAG0677	hypothetical protein
SAG0680	protein of unknown function
SAG0681	conserved domain protein
SAG0684	ABC transporter, ATP-binding protein
SAG1698	conserved hypothetical protein

**Cluster 6**

SAG0261	IS1381, transposase OrfB
SAG0262	IS1381, transposase OrfA
SAG0965	IS1381, transposase OrfA
SAG0966	IS1381, transposase OrfB
SAG2002	IS1381, transposase OrfB

**Cluster 7**

SAG1027	conserved hypothetical protein
SAG1028	hypothetical protein
SAG1029	hypothetical protein
SAG1030	protein of unknown function
SAG1031	conserved domain protein

**Table 6**

SAG1032 conserved hypothetical protein

**Cluster 8**

SAG1253 transposase, ISL3 family

SAG1254 mercuric reductase

SAG1255 mercuric resistance operon regulatory protein MerR

SAG2022 transposase, ISL3 family

SAG2023 mercuric reductase

SAG2024 mercuric resistance operon regulatory protein MerR

**Cluster 9**

SAG1993 site-specific recombinase, phage integrase family

SAG1994 conserved hypothetical protein

SAG1995 hypothetical protein

SAG1996 cell wall surface anchor family protein, putative

SAG1997 hypothetical protein

SAG1998 hypothetical protein

SAG2000 membrane protein, putative

SAG2001 conjugal transfer protein, interruption-C

SAG2007 conserved hypothetical protein

SAG2008 conserved hypothetical protein

SAG2009 conserved hypothetical protein

SAG2010 hypothetical protein



**Table 6**

SAG2011	conserved hypothetical protein
SAG2012	hypothetical protein
SAG2016	hypothetical protein
SAG2017	transcriptional regulator, Cro/CI family
SAG2025	Mn <sup>2+</sup> /Fe <sup>2+</sup> transporter, NRAMP family

**Cluster 10**

SAG1039	conserved hypothetical protein
SAG1447	conserved hypothetical protein
SAG1448	glycosyl transferase, group 1 family protein
SAG1449	preprotein translocase SecA subunit, putative
SAG1450	conserved domain protein
SAG1452	conserved hypothetical protein
SAG1453	preprotein translocase SecY family protein
SAG1454	glycosyl transferase, putative
SAG1455	glycosyl transferase, group 2 family protein
SAG1456	glycosyl transferase, family 8, degenerate
SAG1459	glycosyl transferase family 8
SAG1460	glycosyl transferase, family 8
SAG1461	conserved hypothetical protein
SAG1462	cell wall surface anchor family protein
SAG1463	transcriptional regulator, RofA family, authentic point mutation
SAG1469	conserved hypothetical protein

**Table 6**

SAG1471	conserved hypothetical protein
SAG1933	PTS system, IIC component, putative

**Cluster 11**

SAG0009	hypothetical protein
SAG0120	hypothetical protein
SAG0157	deoxyribonuclease-related protein, degenerate
SAG0186	hypothetical protein
SAG0216	hypothetical protein
SAG0236	hypothetical protein
SAG0307	hypothetical protein
SAG0308	ABC transporter, ATP-binding protein
SAG0311	DNA-binding response regulator, authentic point mutation
SAG0518	peptide chain release factor 2, programmed frameshift
SAG0553	hypothetical protein
SAG0555	prophage LambdaSa1, antirepressor, putative
SAG0564	conserved hypothetical protein
SAG0579	conserved hypothetical protein
SAG0580	conserved hypothetical protein, truncation
SAG0611	transposase, degenerate
SAG0637	transcriptional regulator, TetR family, putative, authentic frameshift
SAG0641	Tn5252, Orf 10 protein, degenerate
SAG0652	Tn5252, Orf 28 protein, degenerate

**Table 6**

SAG0655	conserved hypothetical protein
SAG0678	endopeptidase O, degenerate
SAG0683	transmembrane protein Vexp3, putative, degenerate
SAG0855	glycogen biosynthesis protein GlgD, authentic frameshift
SAG0898	hypothetical protein
SAG0899	hypothetical protein
SAG0901	hypothetical protein
SAG0902	hypothetical protein
SAG0903	hypothetical protein
SAG0917	Tn916, hypothetical protein
SAG0920	Tn916, hypothetical protein
SAG0922	Tn916, hypothetical protein
SAG0924	Tn916, tetM leader peptide
SAG0928	Tn916, hypothetical protein, authentic frameshift
SAG0936	Tn916, hypothetical protein
SAG0943	hypothetical protein
SAG0972	conserved hypothetical protein, authentic frameshift
SAG1023	hypothetical protein
SAG1080	hypothetical protein
SAG1123	hypothetical protein
SAG1129	hypothetical protein
SAG1136	conserved hypothetical protein
SAG1217	conserved hypothetical protein, authentic frameshift

**Table 6**

SAG1231	transposase OrfB, IS3 family, degenerate
SAG1242	transposase OrfB, IS3 family, truncation
SAG1309	hypothetical protein
SAG1331	R5 protein
SAG1437	hypothetical protein
SAG1445	MutT/nudix family protein, authentic frameshift
SAG1484	ribosomal protein L33
SAG1493	hypothetical protein
SAG1539	hypothetical protein
SAG1543	conserved hypothetical protein, authentic frameshift
SAG1560	hypothetical protein
SAG1568	phosphoserine aminotransferase, authentic frameshift
SAG1570	conserved hypothetical protein
SAG1601	conserved hypothetical protein
SAG1644	hypothetical protein
SAG1646	hypothetical protein
SAG1699	hypothetical protein
SAG1705	peptidase, M24 family, authentic point mutation
SAG1708	hypothetical protein
SAG1857	prophage LambdaSa2, HNH endonuclease family protein
SAG1864	hypothetical protein
SAG1868	hypothetical protein

**Table 6**

SAG1869	prophage LambdaSa2, type II DNA modification methyltransferase, putative
SAG1872	hypothetical protein
SAG1874	hypothetical protein
SAG1876	prophage LambdaSa2, HNH endonuclease family protein
SAG1878	conserved domain protein
SAG1881	hypothetical protein
SAG1883	conserved hypothetical protein
SAG1886	hypothetical protein
SAG1903	hypothetical protein
SAG1937	streptococcal histidine triad family protein, degenerate
SAG1971	hypothetical protein
SAG1979	membrane protein, putative
SAG1980	ABC transporter, ATP-binding protein
SAG1981	hypothetical protein
SAG1982	transcriptional regulator, Cro/CI family
SAG1983	conserved hypothetical protein
SAG1984	conserved hypothetical protein TIGR00730
SAG1985	hypothetical protein
SAG1991	transcriptional regulator, Cro/CI family
SAG1992	protein of unknown function
SAG1999	hypothetical protein
SAG2004	conjugal transfer protein, interruption-N

Table 9: GBS genes shared with pneumococcus

## ORFxxxxx Annotation

ORF01580 polysaccharide biosynthesis protein, putative
ORF01612 conserved hypothetical protein
ORF01613 glycosyl transferase, group 1 family protein
ORF01617 conserved hypothetical protein
ORF01618 conserved hypothetical protein
ORF01621 glycosyl transferase, putative
ORF01622 glycosyl transferase, group 2 family protein
ORF01623 glycosyl transferase, family 8, degenerate
ORF01624 IS1381, transposase OrfB
ORF01625 IS1381, transposase OrfA
ORF01626 glycosyl transferase family 8
ORF01627 glycosyl transferase, family 8
ORF01628 conserved hypothetical protein
ORF01630 cell wall surface anchor family protein
ORF01635 protease, putative
ORF01643 aminopeptidase PepS (pepS)
ORF01702 peptidase, M20/M25/M40 family
ORF01731 IS1381, transposase OrfA
ORF01732 IS1381, transposase OrfB
ORF01740 tellurite resistance protein TehB (tehB)
ORF01747 methylated-DNA-protein-cysteine S-methyltransferase (ogt)
ORF01749 acetyltransferase, GNAT family
ORF01763 AcuB family protein
ORF01764 branched-chain amino acid ABC transporter, ATP-binding protein (livF)
ORF01765 branched-chain amino acid ABC transporter, ATP-binding protein (livG)
ORF01766 branched-chain amino acid ABC transporter, permease protein
ORF01767 branched-chain amino acid ABC transporter, permease protein (livH)
ORF01769 branched-chain amino acid ABC transporter, amino acid-binding protein
ORF01775 aminotransferase, class I
ORF01779 potassium uptake protein, Trk family
ORF01780 cation uptake protein, Trk family
ORF01824 cobalt transport family protein
ORF01826 conserved hypothetical protein
ORF01832 peptidase, M20/M25/M40 family
ORF01845 conserved hypothetical protein
ORF01848 transcriptional regulator, MerR family
ORF01853 isochorismatase family protein
ORF01859 membrane protein
ORF01875 oxidoreductase, aldo/keto reductase family
ORF01880 phospho-2-dehydro-3-deoxyheptonate aldolase
ORF01981 rRNA (guanine-N1-)-methyltransferase, putative
ORF02083 prophage LambdaSa2, DNA replication protein DnaC, putative
ORF02101 Na <sup>+</sup> /H <sup>+</sup> exchanger family protein
ORF02107 membrane protein, putative
ORF02139 UDP-glucose 4-epimerase (galE)
ORF02143 lacX protein
ORF02162 conserved hypothetical protein
ORF02186 hemolysin precursor, putative
ORF02192 transcriptional regulator, MerR family
ORF02195 MutT/nudix family protein
ORF02228 IS1381, transposase OrfB
ORF02229 IS1381, transposase OrfA
ORF02233 conserved hypothetical protein
ORF02234 conserved hypothetical protein
ORF02276 5-methyltetrahydropteroyltrimethylglutamate-homocysteine methyltransferase (metE)

Table 9: GBS genes shared with pneumococcus

## ORFxxxxx Annotation

ORF02278	branched-chain amino acid transport prot in AzlC, putative
ORF02288	glycosyl transferase, family 8
ORF02289	glycosyl transferase, family 8
ORF02341	ribosomal protein L32 (rpmF)
ORF02343	conserved hypothetical protein
ORF02358	sensor histidine kinase
ORF02369	conserved hypothetical protein
ORF02384	LysM domain protein
ORF02428	hypoxanthine-guanine phosphoribosyltransferase (hpt)
ORF03011	ribosomal protein L33
ORF03014	ribosomal protein L33

Table 10: GBS genes shared with GAS

## ORFxxxxx Annotation

ORF00064	ribosomal protein S14, putative
ORF00095	D-alanyl-D-alanine carboxypeptidase family protein
ORF00096	N-acetylmuramoyl-L-alanine amidase, family 4 protein
ORF00110	conserved hypothetical protein
ORF00112	DNA repair protein RadA (radA)
ORF00124	permease, putative
ORF00148	glycosyl transferase, group 4 family protein
ORF00154	penicillin-binding protein 4, putative
ORF00157	oligopeptide ABC transporter, permease protein
ORF00206	oligopeptide ABC transporter, oligopeptide-binding protein
ORF00207	oligopeptide ABC transporter, permease protein
ORF00208	oligopeptide ABC transporter, permease protein
ORF00209	peptide ABC transporter, ATP-binding protein
ORF00210	peptide ABC transporter, ATP-binding protein
ORF00216	IS1548, transposase
ORF00226	conserved hypothetical protein
ORF00232	conserved hypothetical protein
ORF00239	site-specific recombinase, phage integrase family
ORF00250	conserved hypothetical protein
ORF00251	conserved hypothetical protein
ORF00289	ABC transporter, ATP-binding protein
ORF00305	NADH oxidase, putative
ORF00317	cell division protein FtsL, putative
ORF00333	conserved hypothetical protein
ORF00383	hydrolase, haloacid dehalogenase-like family
ORF00430	expressed putative lipoprotein
ORF00431	transcriptional repressor CopY
ORF00434	membrane protein, putative
ORF00438	transcriptional regulator, Fur family
ORF00442	membrane protein, putative
ORF00445	bioY family protein
ORF00446	AtsA/ElaC family protein
ORF00468	expressed putative protease
ORF00469	glycosyl transferase, group 2 family protein
ORF00471	nrdI protein (nrdI)
ORF00473	expressed protein of unknown function
ORF00474	conserved hypothetical protein
ORF00507	conserved hypothetical protein
ORF00525	bioY family protein
ORF00528	thiolase
ORF00531	AMP-binding enzyme domain protein
ORF00548	YGGT family protein
ORF00565	exodeoxyribonuclease VII, small subunit (xseB)
ORF00568	arginine repressor ArgR, putative
ORF00572	expressed putative lipase/acylhydrolase
ORF00573	conserved hypothetical protein
ORF00586	iron-sulfur cluster-binding protein, putative
ORF00592	oxidoreductase, short chain dehydrogenase/reductase family
ORF00604	dipeptidase
ORF00611	voltage-gated chloride channel family protein
ORF00619	prophage LambdaSa1, repressor protein, putative
ORF00622	conserved hypothetical protein
ORF00627	prophage LambdaSa1, antirepressor, putative
ORF00634	conserved hypothetical protein
ORF00648	conserved hypothetical protein



**Table 6**

SAG2039	conserved hypothetical protein
SAG2044	hypothetical protein
SAG2052	hypothetical protein
SAG2065	ribosomal protein L33
SAG2094	competence/damage-inducible protein CinA, authentic frameshift
SAG2099	hypothetical protein

**Cluster 12**

SAG1164	glycosyl transferase CpsJ(V)
SAG1165	glycosyl transferase CpsO(V)
SAG1166	glycosyl transferase CpsN(V)
SAG1167	polysaccharide biosynthesis protein CpsM(V)
SAG1168	polysaccharide biosynthesis protein cpsH(V)

**Cluster 13**

SAG0581	conserved hypothetical protein
SAG0582	conserved hypothetical protein
SAG0583	conserved hypothetical protein
SAG0585	conserved hypothetical protein
SAG0586	conserved hypothetical protein
SAG0587	prophage LambdaSa1, structural protein, putative
SAG0588	conserved hypothetical protein
SAG0589	conserved hypothetical protein

**Table 6**

SAG0590	conserved hypothetical protein
SAG0591	conserved hypothetical protein
SAG0593	prophage LambdaSa1, structural protein
SAG0594	conserved hypothetical protein
SAG0595	conserved hypothetical protein
SAG0596	prophage LambdaSa1, pblA protein, internal deletion

**Cluster 14**

SAG0915	Tn916, transposase
SAG0918	Tn916, hypothetical protein
SAG0919	Tn916, hypothetical protein
SAG0921	Tn916, transcriptional regulator, putative
SAG0925	Tn916, hypothetical protein
SAG0926	Tn916, NLP/P60 family protein
SAG0927	membrane protein, putative
SAG0929	Tn916, hypothetical protein
SAG0930	Tn916, hypothetical protein
SAG0931	Tn916, hypothetical protein
SAG0932	Tn916, transcriptional regulator, putative
SAG0933	Tn916, FtsK/SpoIIIE family protein
SAG0934	Tn916, hypothetical protein
SAG0935	Tn916, hypothetical protein
SAG0937	ABC transporter, ATP-binding protein, authentic frameshift

**Table 6****Cluster 15**

SAG1835	conserved hypothetical protein
SAG1837	prophage LambdaSa2, lysin, putative
SAG1839	conserved hypothetical protein
SAG1840	hypothetical protein
SAG1842	prophage LambdaSa2, PblB, putative
SAG1843	conserved hypothetical protein
SAG1844	conserved hypothetical protein
SAG1849	hypothetical protein
SAG1851	conserved domain protein
SAG1852	conserved domain protein
SAG1853	prophage LambdaSa2, protease, putative
SAG1854	conserved hypothetical protein
SAG1855	prophage LambdaSa2, terminase large subunit, putative
SAG1856	hypothetical protein
SAG1858	hypothetical protein
SAG1859	prophage LambdaSa2, site-specific recombinase, phage integrase family
SAG1860	conserved hypothetical protein
SAG1861	prophage LambdaSa2, transcriptional regulator, Cro/CI family
SAG1862	hypothetical protein
SAG1863	prophage LambdaSa2, single-strand binding protein
SAG1865	conserved hypothetical protein

**Table 6**

SAG1866	conserved hypothetical protein
SAG1867	conserved hypothetical protein
SAG1870	prophage LambdaSa2, DNA replication protein DnaC, putative
SAG1871	prophage LambdaSa2, bacteriophage replication protein/hypothetical protein, truncation/fusion
SAG1873	prophage LambdaSa2, replicative DNA helicase
SAG1877	prophage LambdaSa2, antirepressor protein, putative
SAG1879	hypothetical protein
SAG1882	prophage LambdaSa2, repressor protein, putative
SAG1884	hypothetical protein
SAG1885	prophage LambdaSa2, site-specific recombinase, phage integrase family

**Cluster 16**

SAG1247	site-specific recombinase, phage integrase family
SAG1250	Tn5252, relaxase
SAG1251	Tn5252, Orf 9 protein
SAG1252	Tn5252, Orf 10 protein
SAG1256	IS861, transposase OrfB, truncation
SAG1257	cation-transporting ATPase, E1-E2 family
SAG1258	cadmium efflux system accessory protein
SAG1259	conserved hypothetical protein
SAG1260	hypothetical protein
SAG1261	conserved hypothetical protein

**Table 6**

SAG1262	cation-transporting ATPase, E1-E2 family
SAG1263	conserved domain protein, authentic frameshift
SAG1264	transcriptional repressor CopY, putative
SAG1265	cadmium resistance transporter, putative
SAG1266	hypothetical protein
SAG1267	hypothetical protein
SAG1268	repressor protein, putative
SAG1270	ImpB/MucB/SamB family protein
SAG1271	conserved hypothetical protein
SAG1272	conserved hypothetical protein
SAG1273	conserved hypothetical protein
SAG1274	conserved hypothetical protein
SAG1276	conserved hypothetical protein
SAG1277	hypothetical protein
SAG1278	hypothetical protein
SAG1279	conserved domain protein
SAG1280	SNF2 family protein
SAG1281	hypothetical protein
SAG1283	agglutinin receptor
SAG1284	abortive infection protein AbiGI
SAG1285	abortive infection protein AbiGII
SAG1286	Tn5252, Orf28
SAG1287	Tn5252, Orf26

**Table 6**

SAG1288	Tn5252, Orf25, degenerate
SAG1289	Tn5252, Orf23
SAG1290	hypothetical protein
SAG1291	Tn5252, Orf 21 protein, internal deletion
SAG1292	hypothetical protein
SAG1293	protease, putative
SAG1294	conserved hypothetical protein
SAG1295	conserved hypothetical protein
SAG1296	conserved hypothetical protein
SAG1297	C-5 cytosine-specific DNA methylase
SAG1299	conserved hypothetical protein
SAG1304	hypothetical protein

Table 7

Locus	Annotation
Housekeeping	
SAG0466	thiolase
SAG0471	glucokinase
SAG0492	amino acid ABC transporter, ATP-binding protein
SAG0767	D-alanine--D-alanine ligase
SAG1086	xanthine phosphoribosyltransferase
SAG1600	glutamate racemase
SAG1680	shikimate 5-dehydrogenase
SAG1723	signal peptidase I
Surface-exposed	
SAG0079	adenylate kinase
SAG0093	D-alanyl-D-alanine carboxypeptidase family protein
SAG0163	competence protein CglA
SAG0290	ABC transporter, substrate-binding protein
SAG0368	protein of unknown function
SAG0503	lipase/acylhydrolase
SAG1473	cell wall surface anchor family protein
SAG1552	conserved hypothetical protein
SAG1641	YaeC family protein
SAG2147	protein of unknown function/lipoprotein, putative
SAG2148	LysM domain protein

Table 8: GBS genes shared with GAS and pneumococcus

## ORFxxxxx Annotation

ORF00003 PcsB protein (pscB)
ORF00004 ribose-phosphat pyrophosphokinase (prsA)
ORF00005 aminotransferase, class I
ORF00006 recombination protein O
ORF00009 fatty acid/phospholipid synthesis protein PlsX (plsX)
ORF00011 phosphoribosylaminoimidazole-succinocarboxamide synthase (purC)
ORF00012 phosphoribosylformylglycinamide synthase, putative
ORF00013 amidophosphoribosyltransferase (purF)
ORF00014 phosphoribosylformylglycinamide cyclo-ligase (purM)
ORF00015 phosphoribosylglycinamide formyltransferase (purN)
ORF00020 group B streptococcal surface immunogenic protein
ORF00021 N-acetylmannosamine-6-P epimerase, putative
ORF00022 sugar ABC transporter, sugar-binding protein
ORF00023 sugar ABC transporter, permease protein
ORF00024 sugar ABC transporter, permease protein
ORF00026 conserved hypothetical protein
ORF00027 N-acetylneuraminate lyase, putative
ORF00028 expressed ROK family protein
ORF00030 phosphosugar-binding transcriptional regulator, RpiR family, putative
ORF00031 phosphoribosylamine-glycine ligase (purD)
ORF00032 phosphoribosylaminoimidazole carboxylase, catalytic subunit (purE)
ORF00033 phosphoribosylaminoimidazole carboxylase, ATPase subunit (purK)
ORF00036 adenylosuccinate lyase (purB)
ORF00037 transcriptional regulator, Cro/Ci family
ORF00038 Holliday junction DNA helicase RuvB (ruvB)
ORF00039 phosphotyrosine protein phosphatase, low molecular weight
ORF00040 MORN motif family protein
ORF00041 membrane protein, putative
ORF00043 alcohol dehydrogenase, propanol-preferring (adhP)
ORF00045 MATE efflux family protein
ORF00046 ribosomal protein S10 (rpsJ)
ORF00047 ribosomal protein L3 (rplC)
ORF00048 ribosomal protein L4 (rplD)
ORF00049-ribosomal protein L23 (rplW)
ORF00050 ribosomal protein L2 (rplB)
ORF00052 ribosomal protein S19 (rpsS)
ORF00054 ribosomal protein L22 (rplV)
ORF00055 ribosomal protein S3 (rpsC)
ORF00056 ribosomal protein L16 (rplP)
ORF00058 ribosomal protein L29 (rpmC)
ORF00059 ribosomal protein S17 (rpsQ)
ORF00060 ribosomal protein L14 (rplN)
ORF00061 ribosomal protein L24 (rplX)
ORF00063 ribosomal protein L5 (rplE)
ORF00065 ribosomal protein S8 (rpsH)
ORF00066 ribosomal protein L6 (rplF)
ORF00068 ribosomal protein L18 (rplR)
ORF00069 ribosomal protein S5 (rpsE)
ORF00070 ribosomal protein L30 (rpmD)
ORF00071 ribosomal protein L15 (rplO)
ORF00072 preprotein translocase, SecY subunit
ORF00073 adenylate kinase (adk)
ORF00074 translation initiation factor IF-1 (InfA)
ORF00075 ribosomal protein L36 (rpmJ)
ORF00077 ribosomal protein S13 (rpsM)



Tabl 8: GBS genes shared with GAS and pneumococcus

## ORFxxxxx Annotation

ORF00078	ribosomal protein S11 (rpsK)
ORF00080	DNA-directed RNA polymerase, alpha subunit (rpoA)
ORF00093	transcriptional regulator ComX1, putative
ORF00094	phosphoglycerate mutase family protein
ORF00097	heat-inducible transcription repressor HrcA (hrcA)
ORF00098	heat shock protein GrpE (grpE)
ORF00099	dnaK protein (dnaK)
ORF00100	dnaJ protein (dnaJ)
ORF00101	transcriptional regulator, GntR family
ORF00102	tRNA pseudouridine synthase A (truA)
ORF00103	phosphomethylpyrimidine kinase, putative
ORF00104	conserved hypothetical protein
ORF00105	conserved hypothetical protein
ORF00106	conserved hypothetical protein
ORF00107	trigger factor (tig)
ORF00108	DNA-directed RNA polymerase, delta subunit, putative
ORF00109	CTP synthase (pyrG)
ORF00111	deoxyuridine 5'-triphosphate nucleotidohydrolase (dut)
ORF00113	carbonic anhydrase-related protein
ORF00115	pyridine nucleotide-disulphide oxidoreductase family protein
ORF00116	glutamyl-tRNA synthetase (glx)
ORF00119	ribose ABC transporter, ATP-binding protein (rbsA)
ORF00122	ribose operon repressor RbsR (rbsR)
ORF00125	ABC transporter, ATP-binding protein
ORF00126	DNA-binding response regulator
ORF00128	sensor histidine kinase
ORF00131	fructose-bisphosphate aldolase (fba)
ORF00132	L-2-hydroxyisocaproate dehydrogenase
ORF00133	ribosomal protein L28 (rpmB)
ORF00134	conserved hypothetical protein
ORF00135	DAK2 domain protein
ORF00136	expressed SPFH domain/Band 7 family protein
ORF00141	amino acid ABC transporter, ATP-binding protein
ORF00142	amino acid ABC transporter, amino acid-binding protein/permease protein
ORF00143	conserved hypothetical protein
ORF00145	undecaprenol kinase, putative
ORF00146	negative regulator of competence MecA, putative
ORF00149	ABC transporter, ATP-binding protein
ORF00150	conserved hypothetical protein
ORF00151	selenocysteine lyase (csdB)
ORF00152	NifU family protein
ORF00153	conserved hypothetical protein
ORF00155	D-alanyl-D-alanine carboxypeptidase
ORF00158	oligopeptide ABC transporter, permease protein
ORF00160	oligopeptide ABC transporter, ATP-binding protein
ORF00161	oligopeptide ABC transporter, ATP-binding protein
ORF00167	adc operon repressor AdcR (adcR)
ORF00168	zinc ABC transporter, ATP-binding protein
ORF00169	zinc ABC transporter, permease protein
ORF00172	tyrosyl-tRNA synthetase (tyrS)
ORF00173	penicillin-binding protein 1B, putative
ORF00174	DNA-directed RNA polymerase, beta subunit (rpoB)
ORF00176	DNA-directed RNA polymerase beta' subunit (rpoC)
ORF00178	conserved hypothetical protein
ORF00179	competence protein CglA (cglA)

Table 8: GBS genes shared with GAS and pneumococcus

## ORFxxxxx Annotation

ORF00180	competence protein in CglB (cglB)
ORF00181	conserved hypothetical protein
ORF00183	conserved hypothetical protein
ORF00184	acetate kinase (ackA)
ORF00190	pyrroline-5-carboxylate reductase (proC)
ORF00191	glutamyl-aminopeptidase (pepA)
ORF00198	single-strand binding protein (ssb)
ORF00211	PTS system, IIBC components
ORF00212	alpha amylase family protein
ORF00214	transcriptional antiterminator, BglG family
ORF00219	PTS system, IIC component, putative
ORF00224	ribosomal protein S15 (rpsO)
ORF00225	polyribonucleotide nucleotidyltransferase (pnp)
ORF00227	serine O-acetyltransferase (cysE)
ORF00229	cysteinyl-tRNA synthetase (cysS)
ORF00230	conserved hypothetical protein
ORF00231	RNA methyltransferase, TrmH family, group 3
ORF00233	DegV family protein
ORF00236	ribosomal protein L13 (rplM)
ORF00237	ribosomal protein S9 (rpsI)
ORF00261	transcriptional regulator MutR family
ORF00262	transporter, putative
ORF00263	amino acid ABC transporter, permease protein
ORF00264	amino acid ABC transporter, amino acid-binding protein
ORF00265	amino acid ABC transporter, permease protein
ORF00266	amino acid ABC transporter, ATP-binding protein
ORF00295	N-acetylglucosamine-6-phosphate deacetylase (nagA)
ORF00296	conserved hypothetical protein
ORF00297	glycyl-tRNA synthetase, alpha subunit (glyQ)
ORF00299	glycyl-tRNA synthetase, beta subunit (glyS)
ORF00300	conserved hypothetical protein
ORF00302	glycerol kinase (glpK)
ORF00303	alpha-glycerophosphate oxidase
ORF00304	glycerol uptake facilitator protein (glpF)
ORF00306	conserved hypothetical protein
ORF00307	transketolase (tkt)
ORF00309	ABC transporter, ATP-binding protein
ORF00310	membrane protein, putative
ORF00313	PTS system, IIBC components
ORF00314	glutamate 5-kinase (proB)
ORF00315	gamma-glutamyl phosphate reductase (proA)
ORF00316	conserved hypothetical protein TIGR00006
ORF00318	penicillin-binding protein 2X (pbpX)
ORF00319	phospho-N-acetylmuramoyl-pentapeptide-transferase (mraY)
ORF00320	ATP-dependent RNA helicase, DEAD/DEAH box family
ORF00321	ABC transporter, substrate-binding protein
ORF00322	amino acid ABC transporter, permease protein
ORF00323	amino acid ABC transporter, ATP-binding protein
ORF00325	thioredoxin reductase (trxB)
ORF00326	conserved hypothetical protein
ORF00327	NAD synthetase (nadE)
ORF00328	aminopeptidase C (pepC)
ORF00329	penicillin-binding protein 1A (pbp1A)
ORF00330	recombination protein U (recU)
ORF00331	conserved hypothetical protein

Tabl 8: GBS genes shar d with GAS and pneumoc ccus

## ORFxxxxx Annotation

ORF00335 conserved hypothetical protein
ORF00336 conserved hypothetical protein
ORF00337 autoinducer-2 production protein LuxS (luxS)
ORF00338 KH domain protein
ORF00348 guanylate kinase (gmk)
ORF00349 DNA-directed RNA polymerase, omega subunit, putative
ORF00350 primosomal protein N' (priA)
ORF00351 methionyl-tRNA formyltransferase (frm)
ORF00352 Sun protein (sun)
ORF00353 serine/threonine phosphatase, putative
ORF00354 serine/threonine protein kinase
ORF00355 conserved hypothetical protein
ORF00356 sensor histidine kinase, putative
ORF00358 DNA-binding response regulator
ORF00359 hydrolase, haloacid dehalogenase family/peptidyl-prolyl cis-trans isomerase, cyclophilin type
ORF00360 general stress protein, putative
ORF00361 pyruvate formate-lyase-activating enzyme (pflA)
ORF00362 transcriptional regulator, DeoR family
ORF00363 transcriptional regulator, putative
ORF00364 PTS system, cellobiose-specific IIA component (celC)
ORF00366 PTS system, cellobiose-specific IIB component (celA)
ORF00367 PTS system, cellobiose-specific IIC component (celB)
ORF00368 formate acetyltransferase (pflD)
ORF00369 transaldolase family protein
ORF00371 glycerol dehydrogenase (gldA)
ORF00372 cysteine synthase A (cysK)
ORF00373 conserved hypothetical protein TIGR00257
ORF00374 helicase, putative
ORF00375 competence protein F, putative
ORF00376 ribosomal subunit interface protein (yfiA)
ORF00385 enoyl-CoA hydratase/isomerase family protein
ORF00386 transcriptional regulator, MarR family
ORF00387 3-oxoacyl-(acyl-carrier-protein) synthase III (fabH)
ORF00388 acyl carrier protein (acpP)
ORF00390 enoyl-(acyl-carrier-protein) reductase II (fabK)
ORF00391 malonyl CoA-acyl carrier protein transacylase (fabD)
ORF00392 3-oxoacyl-[acyl-carrier protein] reductase (fabG)
ORF00393 3-oxoacyl-(acyl-carrier-protein) synthase II (fabF)
ORF00394 acetyl-CoA carboxylase, biotin carboxyl carrier protein (accB)
ORF00395 (3R)-hydroxymyristoyl-(acyl-carrier-protein) dehydratase (fabZ)
ORF00396 acetyl-CoA carboxylase, biotin carboxylase (accC)
ORF00397 acetyl-CoA carboxylase, carboxyl transferase, beta subunit (accD)
ORF00398 acetyl-CoA carboxylase, carboxyl transferase, alpha subunit (accA)
ORF00400 seryl-tRNA synthetase (serS)
ORF00403 conserved hypothetical protein
ORF00404 PTS system, mannose-specific IID component
ORF00405 PTS system, mannose-specific IIC component (manM)
ORF00406 PTS system, mannose-specific IIAB components (manL)
ORF00407 hydrolase, haloacid dehalogenase-like family
ORF00410 xanthine/uracil permease family protein
ORF00411 conserved hypothetical protein TIGR00150, putative
ORF00412 acetyltransferase, GNAT family
ORF00413 xpressed protein of unknown function
ORF00415 HIT family protein (hit)
ORF00419 ABC transporter, ATP-binding protein

Table 8: GBS genes shared with GAS and pneumococcus

## ORFxxxxx Annotation

ORF00421 ABC transport r, permease protein
ORF00422 conserved hypothetical protein
ORF00423 conserved hypothetical protein TIGR00091
ORF00424 conserved hypothetical protein, POINT MUTATION
ORF00425 N utilization substance protein A (nusA)
ORF00426 conserved hypothetical protein
ORF00427 ribosomal protein L7A family
ORF00428 translation initiation factor IF-2
ORF00429 ribosome-binding factor A (rbfA)
ORF00432 copper-transporter ATPase CopA
ORF00435 hydrolase, haloacid dehalogenase-like family
ORF00436 DNA polymerase I (polA)
ORF00437 CoA binding domain protein
ORF00440 DNA-binding response regulator
ORF00441 sensor histidine kinase
ORF00443 queuine tRNA-ribosyltransferase (tgt)
ORF00444 conserved hypothetical protein
ORF00449 glucose-6-phosphate isomerase (pgi)
ORF00451 rhomboid family protein
ORF00452 expressed putative lipoprotein
ORF00453 UTP-glucose-1-phosphate uridylyltransferase (galU)
ORF00454 glycerol-3-phosphate dehydrogenase (NAD(P)+) (gpsA)
ORF00455 ribonuclease P protein component (mpA)
ORF00456 SpoIIJ family protein
ORF00458 R3H domain protein
ORF00463 conserved hypothetical protein
ORF00464 RecX protein
ORF00465 RNA methyltransferase, TrmA family
ORF00470 ribonucleoside-diphosphate reductase 2, beta subunit (nrdF)
ORF00472 ribonucleoside-diphosphate reductase 2, alpha subunit (nrdE)
ORF00482 alcohol dehydrogenase, zinc-containing
ORF00483 oxidoreductase, aldo/keto reductase family
ORF00484 cation efflux system protein
ORF00485 transcriptional regulator, TetR family
ORF00496 conserved hypothetical protein
ORF00500 acetyltransferase, GNAT family
ORF00501 conserved hypothetical protein
ORF00502 valyl-tRNA synthetase (valS)
ORF00508 aspartate-ammonia ligase (asnA)
ORF00511 type II DNA modification methyltransferase, putative
ORF00513 phosphopantetheine adenylyltransferase (coaD)
ORF00515 conserved hypothetical protein
ORF00519 conserved hypothetical protein
ORF00520 conserved hypothetical protein TIGR00048
ORF00522 ABC transporter, ATP-binding/permease protein
ORF00523 ABC transporter, ATP-binding/permease protein
ORF00524 anthranilate synthase component II (trpG)
ORF00532 endonuclease III (nth)
ORF00534 conserved hypothetical protein
ORF00535 glucokinase (glk)
ORF00536 expressed protein with rhodanese domain
ORF00537 elongation factor Tu family protein
ORF00540 UDP-N-acetylmuramylalanine-D-glutamate ligase (murD)
ORF00541 UDP-N-acetylglucosamine-N-acetylmuramyl-(pentapeptide) pyrophosphoryl-undecaprenol N-acetylglucosamine transferase (murG)

Tabl 8: GBS genes shared with GAS and pneumoc ccus

## ORFxxxxx Annotation

ORF00542 cell division protein DivIB, putative
ORF00544 cell division protein FtsA (ftsA)
ORF00545 cell division protein FtsZ (ftsZ)
ORF00546 ylmE protein, putative
ORF00547 ylmF protein (ylmF)
ORF00549 ylmH protein (ylmH)
ORF00550 cell division protein DivIVA, putative
ORF00552 isoleucyl-tRNA synthetase (ileS)
ORF00553 conserved hypothetical protein
ORF00554 MutT/nudix family protein
ORF00555 ATP-dependent Clp protease, ATP-binding subunit
ORF00557 conserved hypothetical protein
ORF00558 amino acid ABC transporter, permease protein
ORF00559 amino acid ABC transporter, ATP-binding protein
ORF00560 phosphoglucomutase/phosphomannomutase family protein
ORF00562 methylenetetrahydrofolate dehydrogenase/methenyltetrahydrofolate cyclohydrolase (folD)
ORF00564 exodeoxyribonuclease VII, large subunit (xseA)
ORF00566 geranyltransferase, putative
ORF00567 hemolysin A
ORF00570 DNA repair protein RecN (recN)
ORF00571 expressed DegV family protein
ORF00574 DNA-binding protein HU (hup)
ORF00576 dihydroorotate dehydrogenase A (pyrDA)
ORF00577 beta-lactam resistance factor (fibB)
ORF00578 beta-lactam resistance factor (fibA)
ORF00579 murM protein, putative
ORF00580 hydrolase, haloacid dehalogenase-like family
ORF00581 HD domain protein
ORF00582 conserved hypothetical protein
ORF00583 cation-transporting ATPase, E1-E2 family
ORF00588 cell division ABC transporter, ATP-binding protein FtsE (ftsE)
ORF00589 cell division ABC transporter, permease protein FtsX (ftsX)
ORF00591 metallo-beta-lactamase superfamily protein
ORF00593 DNA polymerase III, epsilon subunit/ATP-dependent helicase DinG
ORF00595 aspartate aminotransferase (aspC)
ORF00596 asparaginyl-tRNA synthetase (asnS)
ORF00601 conserved hypothetical protein
ORF00602 conserved hypothetical protein
ORF00603 conserved hypothetical protein
ORF00605 zinc ABC transporter, zinc-binding adhesion liprotein
ORF00606 ribosomal protein L31 (rpmE)
ORF00607 DHH family protein
ORF00609 flavodoxin
ORF00614 ribosomal protein L19 (rplS)
ORF00640 prophage LambdaSa1, single-strand binding protein (ssb)
ORF00693 DNA-binding response regulator VncR (vncR)
ORF00694 sensor histidine kinase VncS (vncS)
ORF00699 rod shape-determining protein RodA, putative (rodA)
ORF00700 hydrolase, haloacid dehalogenase-like family
ORF00701 DNA gyrase, B subunit (gyrB)
ORF00702 septation ring formation regulator EzrA, putative
ORF00705 conserved hypothetical protein
ORF00706 enolase (eno)
ORF00708 3-phosphoshikimate 1-carboxyvinyltransferase (aroA)
ORF00709 shikimate kinase (aroK)

Tabl 8: GBS genes shared with GAS and pneumococcus

## ORFxxxxx Annotation

ORF00710	psr protein
ORF00711	RNA methyltransferase, TrmA family
ORF00729	sortase family protein
ORF00731	sortase family protein
ORF00734	sortase family protein, FRAMESHIFT
ORF00743	ABC transporter, ATP-binding protein
ORF00744	membrane protein
ORF00745	conserved hypothetical protein
ORF00748	cylG protein (cylG)
ORF00776	DNA-entry nuclease, putative
ORF00789	2-keto-3-deoxygluconate kinase
ORF00792	2-dehydro-3-deoxyphosphogluconate aldolase/4-hydroxy-2-oxoglutarate aldolase (eda)
ORF00798	proline dipeptidase (pepQ)
ORF00799	transcriptional regulator, RegM family
ORF00802	glycosyl transferase, group 1 family protein
ORF00803	threonyl-tRNA synthetase (thrS)
ORF00804	DNA-binding response regulator
ORF00808	amino acid ABC transporter, permease protein
ORF00810	amino acid ABC transporter, ATP-binding protein
ORF00811	DNA-binding response regulator
ORF00812	sensory box histidine kinase
ORF00813	metallo-beta-lactamase family protein
ORF00815	ribonuclease III (rnc)
ORF00816	expressed putative chromosome segregation SMC protein
ORF00817	hydrolase, haloacid dehalogenase-like family
ORF00818	hydrolase, haloacid dehalogenase-like family
ORF00819	signal recognition particle-docking protein FtsY (ftsY)
ORF00820	ABC transporter, substrate-binding protein
ORF00821	ABC transporter, permease protein, putative
ORF00824	transcriptional accessory protein Tex, putative
ORF00825	conserved hypothetical protein
ORF00828	HPr(Ser) kinase/phosphatase (hprK)
ORF00830	prolipoprotein diacylglycerol transferase (lgt)
ORF00832	conserved hypothetical protein
ORF00835	peptidase, U32 family, putative
ORF00836	peptidase, U32 family
ORF00837	conserved hypothetical protein
ORF00844	lysyl-tRNA synthetase (lysS)
ORF00846	phosphoglycerate mutase family protein
ORF00847	ebsC family protein, putative
ORF00850	peptidase, U32 family
ORF00855	oligoendopeptidase F, putative
ORF00856	phosphoenolpyruvate carboxylase (ppc)
ORF00859	cell division protein, FtsW/RodA/SpoVE family (ftsW)
ORF00861	translation elongation factor Tu (tuf)
ORF00863	triosephosphate isomerase (tpiA)
ORF00865	phosphoglycerate mutase (gpmA)
ORF00867	recombination protein RecR (recR)
ORF00868	D-alanine-D-alanine ligase
ORF00869	UDP-N-acetylmuramoylalanyl-D-glutamyl-2,6-diaminopimelate-D-alanyl-D-alanyl ligase (murF)
ORF00870	oxalate:formate antiporter
ORF00871	membrane protein, putative
ORF00873	peptide chain release factor 3 (prfC)
ORF00876	ABC transporter, ATP-binding protein
ORF00880	ATP-dependent RNA helicase, DEAD/DEAH box family

Tabl 8: GBS genes shared with GAS and pneumococcus

## ORFxxxxx Annotation

ORF00882 conserved hypothetical protein
ORF00883 conserved hypothetical protein
ORF00884 acyltransferase family protein
ORF00885 competence protein CeiA (ceiA)
ORF00887 DNA internalization-related competence protein ComEC/Rec2
ORF00889 sugar-binding transcriptional regulator, LacI family
ORF00892 DNA polymerase III, delta subunit, putative
ORF00893 superoxide dismutase, Fe-Mn (sodA)
ORF00894 transcriptional antiterminator LicT
ORF00895 PTS system, beta-glucosides-specific IIBC components
ORF00896 6-phospho-beta-glucosidase (bglA)
ORF00899 glycerate kinase 2 (gark)
ORF00904 S-adenosylmethionine:tRNA ribosyltransferase-isomerase (queA)
ORF00906 glucosamine-6-phosphate isomerase (nagB)
ORF00908 ribosomal small subunit pseudouridine synthase
ORF00911 competence protein CeiA (ceiA)
ORF00912 oligoendopeptidase B (pepB)
ORF00914 O-methyltransferase family protein
ORF00916 protease maturation protein, putative
ORF00919 alanyl-tRNA synthetase (alaS)
ORF00925 transcriptional regulator, Cro/Ci family
ORF00928 ribonucleoside-diphosphate reductase 2, beta subunit (nrdF)
ORF00929 ribonucleoside-diphosphate reductase 2, alpha subunit (nrdE)
ORF00930 ribonucleoside-diphosphate reductase 2, NrdH-redoxin (nrdH)
ORF00931 phosphocarrier protein HPr (ptsH)
ORF00932 phosphoenolpyruvate-protein phosphotransferase (ptsI)
ORF00933 glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase, NADP-dependent (gapN)
ORF00934 polysaccharide deacetylase family protein
ORF00935 ATP-dependent RNA helicase, DEAD/DEAH box family
ORF00936 uridine kinase (udk)
ORF00937 conserved hypothetical protein
ORF00938 DNA polymerase III, gamma and tau subunits (dnaX)
ORF00940 biotin--acetyl-CoA-carboxylase ligase
ORF00941 S-adenosylmethionine synthetase (metK)
ORF00955 UDP-N-acetylglucosamine 1-carboxyvinyltransferase (murA)
ORF00956 acetyltransferase, GNAT family
ORF00957 CBS domain protein
ORF00958 methionine aminopeptidase, type I (map)
ORF00959 ribonuclease BN, putative
ORF00962 conserved hypothetical protein
ORF00963 DNA ligase, NAD-dependent (ligA)
ORF00964 BmrU protein, putative
ORF00966 pullulanase, putative
ORF00973 ATP synthase F0, A subunit (atpB)
ORF00974 ATP synthase F0, B subunit (atpF)
ORF00975 ATP synthase F1, delta subunit (atpH)
ORF00976 ATP synthase F1, alpha subunit (atpA)
ORF00977 ATP synthase F1, gamma subunit (atpG)
ORF00978 ATP synthase F1, beta subunit (atpD)
ORF00979 ATP synthase F1, epsilon subunit (atpC)
ORF00981 UDP-N-acetylglucosamine 1-carboxyvinyltransferase (murA)
ORF00983 DNA-entry nuclease (endA)
ORF00984 phenylalanyl-tRNA synthetase, alpha subunit (pheS)
ORF00986 phenylalanyl-tRNA synthetase, beta subunit (pheT)
ORF00988 exonuclease RexB (rexB)

Tabl 8: GBS genes shared with GAS and pneumococcus

## ORFxxxxx Annotation

ORF00989	exonuclease RexA (rexA)
ORF00991	tRNA modification GTPase TrmE (trmE)
ORF00992	ABC transporter, ATP-binding protein
ORF00993	acetoin dehydrogenase, thymine PPI dependent, E1 component, alpha subunit
ORF00994	acetoin dehydrogenase, thymine PPI dependent, E1 component, beta subunit
ORF00995	acetoin dehydrogenase, thymine PPI dependent, E2 component, dihydrolipoamide
ORF00996	acetoin dehydrogenase, thymine PPI dependent, E3 component, dihydrolipoamide dehydrogenase
ORF00997	lipoate-protein ligase A (lplA)
ORF00998	cobyrinic acid synthase, putative
ORF00999	mur ligase family protein
ORF01000	conserved hypothetical protein TIGR00159
ORF01001	expressed protein of unknown function
ORF01002	phosphoglucomutase/phosphomannomutase family protein
ORF01005	oxygen-independent coproporphyrinogen III oxidase, putative
ORF01006	conserved hypothetical protein
ORF01007	hydrolase, haloacid dehalogenase-like family
ORF01008	conserved hypothetical protein
ORF01023	GTP-binding protein LepA (lepA)
ORF01027	PilB-related protein
ORF01030	cation-transporting ATPase, E1-E2 family
ORF01033	conserved hypothetical protein
ORF01040	Tn916, tetracycline resistance protein (tetM)
ORF01057	transcriptional regulator, GntR family
ORF01058	DNA polymerase III, alpha subunit (dnaE)
ORF01059	6-phosphofructokinase (pfk)
ORF01060	pyruvate kinase (pyk)
ORF01063	glucosamine-fructose-6-phosphate aminotransferase (isomerizing) (glmS)
ORF01066	phnA protein (phnA)
ORF01068	amino acid ABC transporter, permease protein
ORF01069	amino acid ABC transporter, ATP-binding protein
ORF01070	amino acid ABC transporter, amino acid-binding protein
ORF01072	ribosomal protein S20 (rpsT)
ORF01073	pantothenate kinase (coaA)
ORF01074	conserved hypothetical protein
ORF01075	cytidine deaminase (cdd)
ORF01076	expressed putative lipoprotein
ORF01077	sugar ABC transporter, ATP-binding protein
ORF01078	sugar ABC transporter, permease protein, putative
ORF01079	sugar ABC transporter, permease protein, putative
ORF01080	NADH oxidase (nox-2)
ORF01081	L-lactate dehydrogenase (ldh)
ORF01082	DNA gyrase, A subunit (gyrA)
ORF01083	sortase SrtA (srtA)
ORF01089	GMP synthase (guaA)
ORF01090	transcriptional regulator, GntR family
ORF01091	gid protein (gid)
ORF01093	expressed putative lipoprotein
ORF01097	ABC transporter, ATP-binding protein
ORF01099	DNA-binding response regulator
ORF01101	site-specific recombinase, phage integrase family
ORF01106	signal recognition particle protein Ffh (ffh)
ORF01108	conserved hypothetical protein
ORF01109	sensor histidine kinase CiaH
ORF01110	DNA-binding response regulator CiaR (ciaR)
ORF01111	aminopeptidase N (pepN)



Tabl 8: GBS genes shared with GAS and pneumococcus

## ORFxxxxx Annotation

ORF01112 phosphate transport system regulatory protein PhoU (phoU)
ORF01113 phosphate ABC transporter, ATP-binding protein PstB, putative
ORF01114 phosphate ABC transporter, ATP-binding protein PstB, putative
ORF01115 phosphate ABC transporter, permease protein PstA, putative
ORF01116 phosphate ABC transporter, permease protein
ORF01117 phosphate ABC transporter, phosphate-binding protein
ORF01118 NOL1/NOP2/sun family protein
ORF01119 inositol monophosphatase family protein
ORF01120 conserved hypothetical protein
ORF01121 conserved hypothetical protein
ORF01122 macrolide-efflux protein mreA/riboflavin biosynthesis protein RibF
ORF01123 tRNA pseudouridine synthase B (truB)
ORF01125 conserved hypothetical protein
ORF01128 permease, putative
ORF01129 ABC transporter, ATP-binding protein
ORF01131 DNA topoisomerase I (topA)
ORF01132 DprA/SMF protein, putative DNA processing factor (dprA)
ORF01134 iron compound ABC transporter, ATP-binding protein
ORF01137 acetyltransferase, CysE/LacA/LpxA/NodL family
ORF01138 ribonuclease HII (rnhB)
ORF01139 GTP-binding protein
ORF01176 carbamoyl-phosphate synthase, large subunit (carB)
ORF01177 carbamoyl-phosphate synthase, small subunit (carA)
ORF01178 aspartate carbamoyltransferase (pyrB)
ORF01179-dihydroorotase, multifunctional complex type (pyrC)
ORF01180 orotate phosphoribosyltransferase (pyrE)
ORF01181 orotidine 5'-phosphate decarboxylase (pyrF)
ORF01183 ABC transporter, ATP-binding protein
ORF01184 ribonucleotide reductase, truncation
ORF01188 cardiolipin synthetase (cls)
ORF01189 formate-tetrahydrofolate ligase (fhs)
ORF01190 lipote-protein ligase A (lplA)
ORF01198 flavoprotein-related protein
ORF01199 flavoprotein family protein
ORF01200 membrane protein, putative
ORF01201 phosphoglucomutase (pgm)
ORF01203 IS861, transposase OrfB
ORF01205 ABC transporter, ATP-binding/permease protein
ORF01206 ABC transporter, ATP-binding/permease protein
ORF01207 conserved hypothetical protein
ORF01208 conserved hypothetical protein
ORF01209 Serine hydroxymethyltransferase
ORF01210 Sua5/YciO/YrdC/YwlC family protein
ORF01211 modification methylase, HemK family
ORF01212 peptide chain release factor 1 (prfA)
ORF01213 thymidine kinases (tdk)
ORF01214 4-oxalocrotonate tautomerase (xylM)
ORF01216 ApbE family protein
ORF01220 xanthine permease (pbuX)
ORF01221 xanthine phosphoribosyltransferase (xpt)
ORF01222 guanosine monophosphate reductase (guaC)
ORF01227 phosphate acetyltransferase
ORF01228 ribosomal large subunit pseudouridine synthase, RluD subfamily
ORF01229 expressed protein of unknown function
ORF01230 GTP pyrophosphokinase family protein

Table 8: GBS genes shared with GAS and pneumococcus

## ORFxxxxx Annotation

ORF01231 conserved hypothetical protein
ORF01232 ribose-phosphate pyrophosphokinase (prsA)
ORF01233 cysteine desulphurase (iscS)
ORF01234 conserved hypothetical protein
ORF01235 conserved hypothetical protein
ORF01236 DNA repair protein RadC (radC)
ORF01238 6-phospho-beta-glucosidase (ascB)
ORF01239 platelet activating factor, putative
ORF01240 hydrolase, haloacid dehalogenase-like family
ORF01242 voltage-gated chloride channel family protein
ORF01243 spermidine/putrescine ABC transporter, spermidine/putrescine-binding protein (potD)
ORF01244 spermidine/putrescine ABC transporter, permease protein (potC)
ORF01245 spermidine/putrescine ABC transporter, permease protein (potB)
ORF01246 spermidine/putrescine ABC transporter, ATP-binding protein (potA)
ORF01247 UDP-N-acetylglucosamine-6-phosphate deacetylase (murB)
ORF01248 2-amino-4-hydroxy-6-hydroxymethylidihydropteridine pyrophosphokinase (folK)
ORF01250 dihydropteroate synthase (folP)
ORF01251 GTP cyclohydrolase I (folE)
ORF01252 folypolyglutamate synthase (folC)
ORF01259 aldehyde dehydrogenase family protein
ORF01260 membrane protein
ORF01274 gls24 protein, putative
ORF01276 gls24 protein, putative
ORF01279 conserved hypothetical protein
ORF01282 ATP-dependent DNA helicase PcrA (pcrA)
ORF01283 conserved hypothetical protein, FRAMESHIFT
ORF01284 uracil permease (uraA)
ORF01285 sodium:alanine symporter family protein
ORF01286 cation efflux family protein
ORF01290 ribosomal protein S1 (rpsA)
ORF01292 branched-chain amino acid aminotransferase (ilvE)
ORF01294 DNA topoisomerase IV, A subunit (parC)
ORF01295 DNA topoisomerase IV, B subunit (parE)
ORF01296 membrane protein, putative
ORF01297 uracil-DNA glycosylase (ung)
ORF01317 transcriptional regulator, LysR family, putative
ORF01319 purine nucleoside phosphorylase (deoD)
ORF01321 purine nucleoside phosphorylase (deoD)
ORF01323 phosphopentomutase (deoB)
ORF01324 ribose 5-phosphate isomerase (rpiA)
ORF01327 tributyrin esterase (estA)
ORF01328 metallo-beta-lactamase superfamily protein
ORF01329 ABC transporter, ATP-binding protein
ORF01330 ABC transporter, permease protein
ORF01331 conserved hypothetical protein
ORF01332 adherence and virulence protein A (pavA)
ORF01335 TPR domain protein
ORF01336 membrane protein
ORF01338 mutator MutT protein (mutX)
ORF01339 hyaluronidase
ORF01343 iminodiacetate oxidase, putative
ORF01344 conserved hypothetical protein TIGR00486
ORF01345 conserved hypothetical protein
ORF01346 DNA replication protein DnaD, putative
ORF01347 adenine phosphoribosyltransferase (apt)

Tabl 8: GBS genes shared with GAS and pneumococcus

## ORFxxxxx Annotation

ORF01350 single-stranded-DNA-specific exonuclease RecJ (recJ)
ORF01351 oxidoreductase, short chain dehydrogenase/reductase family
ORF01352 metallo-beta-lactamase superfamily protein
ORF01353 conserved hypothetical protein
ORF01354 GTP-binding protein HflX (hflX)
ORF01355 tRNA delta(2)-isopentenylpyrophosphate transferase (miaA)
ORF01357 exfoliative toxin A, putative
ORF01358 pullulanase, putative
ORF01362 conserved hypothetical protein
ORF01363 peptidase, M20/M25/M40 family
ORF01364 nitroreductase family protein
ORF01367 excinuclease ABC, C subunit (uvrC)
ORF01380 streptococcal histidine triad family protein
ORF01381 laminin-binding surface protein (lmb)
ORF01397 Tn5252, relaxase
ORF01403 mercuric reductase (merA)
ORF01406 IS861, transposase OrfB, truncation
ORF01407 cation-transporting ATPase, E1-E2 family
ORF01411 conserved hypothetical protein
ORF01412 cation-transporting ATPase, E1-E2 family
ORF01415 transcriptional repressor CopY, putative
ORF01416 cadmium resistance transporter, putative
ORF01451 C-5 cytosine-specific DNA methylase
ORF01453 conserved hypothetical protein
ORF01455 ribosomal protein L7/L12 (rplL)
ORF01456 ribosomal protein L10 (rplJ)
ORF01458 ATP-dependent Clp protease, ATP-binding subunit
ORF01467 GTP-binding protein (cgpA)
ORF01468 ATP-dependent Clp protease, ATP-binding subunit ClpX (clpX)
ORF01470 dihydrofolate reductase (folA)
ORF01471 thymidylate synthase (thyA)
ORF01472 HMG-CoA synthase
ORF01473 3-hydroxy-3-methylglutaryl-CoA reductase
ORF01474 conserved hypothetical protein
ORF01475 hemolysin III, putative
ORF01476 conserved hypothetical protein TIGR00147
ORF01479 isopentenyl-diphosphate delta-isomerase
ORF01480 phosphomevalonate kinase
ORF01481 diphosphomevalonate decarboxylase (mvaD)
ORF01482 mevalonate kinase, putative
ORF01484 DNA-binding response regulator
ORF01491 polypeptide deformylase, putative
ORF01495 ABC transporter, ATP-binding/permease protein
ORF01496 ABC transporter, ATP-binding/permease protein
ORF01498 ABC transporter, ATP-binding protein
ORF01499 polyA polymerase family protein
ORF01500 DegV family protein
ORF01501 expressed protein of unknown function
ORF01504 PTS system, fructose specific IIABC components
ORF01505 1-phosphofructokinase (fruk)
ORF01506 lactose phosphotransferase system repressor (lacR)
ORF01507 beta-lactam resistance factor
ORF01511 pyridin nucleotide-disulphid oxidoreductase family protein
ORF01512 tRNA (guanine-N1)-methyltransferase (trmD)
ORF01513 16S rRNA processing protein RimM (rimM)

Tabl 8: GBS genes shared with GAS and pn umococcus

## ORFxxxxx Annotation

ORF01515 transcriptional regulator, RofA family
ORF01516 KH domain protein
ORF01517 ribosomal protein S16 (rpsP)
ORF01518 permease, putative
ORF01519 ABC transporter, ATP-binding protein
ORF01520 conserved hypothetical protein
ORF01523 carbamoyl-phosphate synthase, small subunit (carA)
ORF01524 pyrimidine operon regulatory protein (pyrR)
ORF01525 ribosomal large subunit pseudouridine synthase, RluD subfamily
ORF01526 lipoprotein signal peptidase (lspA)
ORF01527 transcriptional regulator, LysR family
ORF01528 ribosomal protein L27 (rpmA)
ORF01529 conserved hypothetical protein
ORF01530 ribosomal protein L21 (rplU)
ORF01531 conserved hypothetical protein, FRAMESHIFT
ORF01532 thiamine biosynthesis protein Thil (thil)
ORF01533 cysteine desulphurase (iscS)
ORF01536 glutathione reductase (gor)
ORF01537 conserved hypothetical protein
ORF01538 chorismate synthase (aroC)
ORF01539 3-dehydroquinate synthase (aroB)
ORF01540 3-dehydroquinate dehydratase (aroD)
ORF01541 conserved hypothetical protein
ORF01543 ribosomal protein L20 (rplT)
ORF01544 ribosomal protein L35 (rpmI)
ORF01545 translation initiation factor IF-3 (infC)
ORF01546 cytidylate kinase (cmk)
ORF01548 ferredoxin, 4Fe-4S
ORF01550 peptidase t (pepT)
ORF01551 polysaccharide biosynthesis protein, putative
ORF01552 UDP-N-acetylmuramoylalanyl-D-glutamate-2,6-diaminopimelate ligase (murE)
ORF01553 iron compound ABC transporter, ATP-binding protein (fepC)
ORF01555 iron compound ABC transporter, permease protein
ORF01556 iron compound ABC transporter, permease protein
ORF01558 inorganic pyrophosphatase, manganese-dependent (ppa)
ORF01559 pyruvate formate-lyase-activating enzyme (pflA)
ORF01560 CBS domain protein
ORF01561 conserved hypothetical protein
ORF01564 PAP2 family protein
ORF01565 membrane protein, putative
ORF01567 expressed sortase family protein
ORF01568 sortase family protein
ORF01571 rogB protein FRAMESHIFT (rogB)
ORF01587 conserved hypothetical protein
ORF01589 RNA polymerase sigma-70 factor (rpoD)
ORF01590 DNA primase (dnaG)
ORF01591 large conductance mechanosensitive channel protein (mscL)
ORF01592 ribosomal protein S21 (rpsU)
ORF01594 amino acid ABC transporter, amino acid-binding protein
ORF01598 rhodanese family protein
ORF01602 glycogen phosphorylase (glgP)
ORF01603 4-alpha-glucanotransferase (malQ)
ORF01604 maltose peron repr ssor MalR, putativ
ORF01605 maltose/maltodextrin ABC transporter, maltose/maltodextrin-binding protein
ORF01606 maltose ABC transporter, permease protein

Table 8: GBS genes shared with GAS and pneumococcus

## ORFxxxxx Annotation

ORF01607	maltose ABC transporter, permease protein
ORF01614	preprotein translocase SecA subunit, putative
ORF01619	preprotein translocase SecY family protein
ORF01634	excinuclease ABC, B subunit (uvrB)
ORF01636	glutamine ABC transporter, glutamine-binding protein/permease protein (glnP)
ORF01637	glutamine ABC transporter, ATP-binding protein, GlnQ putative
ORF01640	GTP-binding protein, GTP1/Obg family (obg)
ORF01646	amidase family protein
ORF01647	ribosomal small subunit pseudouridine synthase A (rsuA)
ORF01648	oxidoreductase, aldo/keto reductase family
ORF01651	lactoylglutathione lyase (gloA)
ORF01652	glycosyl transferase, group 2 family protein
ORF01654	SsrA-binding protein (smpB)
ORF01655	exoribonuclease, VacB/Rnb family (vacB)
ORF01657	preprotein translocase, SecE subunit
ORF01658	multi-drug resistance protein
ORF01662	dephospho-CoA kinase
ORF01663	formamidopyrimidine-DNA glycosylase (mutM)
ORF01677	GTP-binding protein Era (era)
ORF01678	diacylglycerol kinase (dgkA)
ORF01679	conserved hypothetical protein TIGR00043
ORF01685	PhoH family protein
ORF01687	conserved hypothetical protein
ORF01689	conserved hypothetical protein
ORF01690	ribosome recycling factor (frr)
ORF01691	uridylate kinase (pyrH)
ORF01693	peptide ABC transporter, ATP-binding protein FRAMESHIFT
ORF01697	ribosomal protein L1 (rplA)
ORF01698	ribosomal protein L11 (rplK)
ORF01706	IS861, transposase OrfB
ORF01707	chorismate binding enzyme
ORF01708	FtsK/SpoIIIE family protein
ORF01709	peptidyl-prolyl cis-trans isomerase, cyclophilin-type
ORF01710	manganese ABC transporter, permease protein
ORF01711	manganese ABC transporter, ATP-binding protein
ORF01712	manganese ABC transporter, manganese-binding adhesion liprotein
ORF01713	iron-dependent transcriptional regulator
ORF01714	5-methylthioadenosine nucleosidase/S-adenosylhomocysteine nucleosidase (pfs)
ORF01716	MutT/nudix family protein
ORF01718	UDP-N-acetylglucosamine pyrophosphorylase (glmU)
ORF01722	oxidoreductase, Gfo/Idh/MocA family
ORF01725	gluconate 5-dehydrogenase, putative
ORF01726	conserved hypothetical protein
ORF01738	branched-chain amino acid transport system II carrier protein (brnQ)
ORF01739	methionyl-tRNA synthetase (metG)
ORF01745	exodeoxyribonuclease (exoA)
ORF01746	conserved hypothetical protein
ORF01752	copper homeostasis protein CutC, putative
ORF01755	tetrapyrrole methylase family protein
ORF01756	conserved hypothetical protein
ORF01758	DNA polymerase III, delta prime subunit, putative
ORF01759	thymidylate kinase (tmk)
ORF01773	ATP-dependent Clp protease, pro teolytic subunit ClpP (clpP)
ORF01774	uracil phosphoribosyltransferase (upp)
ORF01777	RNA methyltransferase, TrmH family, group 2

Tabl 8: GBS genes shared with GAS and pneumococcus

## ORFxxxxx Annotation

ORF01781 conserved hypothetical protein TIGR00278
ORF01782 ribosomal large subunit pseudouridine synthase B (riuB)
ORF01783 conserved hypothetical protein TIGR00281
ORF01784 conserved hypothetical protein
ORF01785 integrase/recombinase, phage integrase family
ORF01786 CBS domain protein
ORF01787 conserved hypothetical protein
ORF01788 HAM1 protein
ORF01789 glutamate racemase (murl)
ORF01791 membrane protein, putative
ORF01792 transcriptional regulator, biotin repressor family
ORF01793 membrane protein, putative
ORF01795 RNA methyltransferase, TrmH family
ORF01796 acylphosphatase
ORF01797 lipoprotein, putative
ORF01799 amino acid ABC transporter, permease protein
ORF01801 amidase family protein
ORF01802 transcription elongation factor GreA (greA)
ORF01803 conserved hypothetical protein
ORF01804 acetyltransferase, GNAT family
ORF01805 UDP-N-acetylmuramate-alanine ligase (murC)
ORF01806 conserved hypothetical protein
ORF01808 expressed putative helicase
ORF01811 phosphoglycerate dehydrogenase-related protein
ORF01812 primosomal protein DnaI (dnaI)
ORF01813 conserved hypothetical protein
ORF01814 conserved hypothetical protein TIGR00244
ORF01815 sensor histidine kinase CsrS (csrS)
ORF01816 DNA-binding response regulator CsrR (csrR)
ORF01817 conserved hypothetical protein
ORF01818 heat shock protein HtpX (htpX)
ORF01820 lemA protein (lemA)
ORF01821 glucose-inhibited division protein B (gidB)
ORF01822 sodium transport family protein
ORF01823 potassium uptake protein, Trk family, putative
ORF01825 ABC transporter, ATP-binding protein
ORF01828 branched-chain amino acid transport system II carrier protein (brnQ)
ORF01829 alcohol dehydrogenase, zinc-containing (adh)
ORF01830 ABC transporter, permease protein
ORF01831 ABC transporter, ATP-binding protein
ORF01833 expressed YaeC family protein
ORF01834 ABC transporter, substrate-binding protein
ORF01835 glutamine amidotransferase, class I
ORF01837 conserved hypothetical protein TIGR01033
ORF01846 glycerol uptake facilitator protein (glpF)
ORF01849 conserved hypothetical protein
ORF01851 conserved hypothetical protein
ORF01852 iojap-related protein
ORF01854 conserved hypothetical protein TIGR00488
ORF01855 conserved hypothetical protein TIGR00482
ORF01856 conserved hypothetical protein TIGR00253
ORF01857 GTP-binding protein
ORF01858 hydrolase, haloacid dehalogenase-like family
ORF01860 glutamyl-tRNA(Gln) amidotransferase, B subunit (gatB)
ORF01861 glutamyl-tRNA(Gln) amidotransferase, A subunit (gatA)

Tabl 8: GBS g n s shared with GAS and pneum coccus

## ORFxxxxx Annotation

ORF01862 glutamyl-tRNA(Gln) amidotransferase, C subunit (gatC)
ORF01867 isochorismatase family protein
ORF01869 transcriptional regulator CodY, putative
ORF01870 aminotransferase, class I
ORF01871 universal stress protein family FRAMESHIFT
ORF01872 hydrolase, haloacid dehalogenase-like family
ORF01873 asparaginase family protein
ORF01874 shikimate 5-dehydrogenase (aroE)
ORF01876 ATP-dependent DNA helicase RecG (recG)
ORF01878 alanine racemase (alr)
ORF01879 holo-(acyl-carrier-protein) synthase (acpS)
ORF01881 preprotein translocase, SecA subunit (secA)
ORF01882 mannose-6-phosphate isomerase, class I (manA)
ORF01883 fructokinase (scrK)
ORF01885 PTS system IIABC components
ORF01886 sucrose-6-phosphate hydrolase (scrB)
ORF01887 sucrose operon repressor ScrR (scrR)
ORF01888 N utilization substance protein B (nusB)
ORF01889 conserved hypothetical protein
ORF01890 translation elongation factor P (efp)
ORF01900 cytidine/deoxycytidylate deaminase family protein
ORF01906 excinuclease ABC, A subunit (uvrA)
ORF01907 conserved hypothetical protein
ORF01908 magnesium transporter, CorA family (corA)
ORF01909 ribosomal protein S18 (rpsR)
ORF01910 single-strand binding protein (ssb)
ORF01911 ribosomal protein S6 (rpsF)
ORF01912 A/G-specific adenine glycosylase (mutY)
ORF01914 thioredoxin (trx)
ORF01915 PAP2 family protein
ORF01916 MutS2 family protein
ORF01917 conserved hypothetical protein
ORF01918 conserved hypothetical protein
ORF01919 ribonuclease HIII (mhC)
ORF01920 signal peptidase I
ORF01921 helicase, putative
ORF01923 DNA-damage Inducible protein P (dinP)
ORF01924 formate acetyltransferase (pflD)
ORF01926 conserved hypothetical protein
ORF01927 proteinase, putative, degenerate, FRAMESHIFT
ORF01929 glycerol uptake facilitator protein, putative
ORF01930 universal stress protein family
ORF01933 X-pro dipeptidyl-peptidase (pepX)
ORF01937 ABC transporter, ATP-binding protein CydC (cydC)
ORF01938 ABC transporter, ATP-binding protein CydD
ORF01945 conserved hypothetical protein TIGR00103
ORF01948 exonuclease
ORF01949 conserved hypothetical protein
ORF01950 conserved hypothetical protein TIGR00275
ORF01952 ribosomal protein S14 (rpsN)
ORF01957 O-sialoglycoprotein endopeptidase family protein
ORF01958 ribosomal-protein-alanine acetyltransferase, putative
ORF01960 expressed protein f unknown function
ORF01961 conserved hypothetical protein
ORF01962 metallo-beta-lactamase superfamily protein

Tabl 8: GBS genes shar d with GAS and pneumococcus

## ORFxxxxx Ann tation

ORF01963 conserved hypothetical protein
ORF01964 glutamine synthase, type I (glnA)
ORF01965 transcriptional regulator GlnR (glnR)
ORF01967 conserved hypothetical protein
ORF01969 phosphoglycerate kinase (pgk)
ORF01971 glyceraldehyde 3-phosphate dehydrogenase (gap)
ORF01972 translation elongation factor G (fusA)
ORF01973 ribosomal protein S7 (rpsG)
ORF01974 ribosomal protein S12 (rpsL)
ORF01975 pur operon repressor (purR)
ORF01976 HD domain protein
ORF01977 conserved hypothetical protein
ORF01978 conserved hypothetical protein
ORF01979 ribulose-phosphate 3-epimerase (rpe)
ORF01980 conserved hypothetical protein TIGR00157
ORF01983 dimethyladenosine transferase (ksgA)
ORF01985 primase-related protein
ORF01987 deoxyribonuclease, TatD family
ORF01992 dltD protein (dltD)
ORF01993 D-alanyl carrier protein (dltC)
ORF01994 dltB protein (dltB)
ORF01996 D-alanine-activating enzyme (dltA)
ORF01997 sensor histidine kinase
ORF01998 DNA-binding response regulator
ORF01999 ribosomal protein L34 (rpmH)
ORF02004 amino acid ABC transporter, ATP-binding protein
ORF02007 conserved hypothetical protein
ORF02008 transcriptional antiterminator, BglG family
ORF02017 sugar binding transcriptional regulator, LacI family
ORF02018 transaldolase family protein
ORF02019 carbohydrate isomerase, AraD/FucA family
ORF02020 hexulose-6-phosphate isomerase, putative
ORF02021 hexulose-6-phosphate synthase, putative
ORF02022 PTS system, IIA component
ORF02023 PTS system, IIB component
ORF02024 transport protein SgaT, putative
ORF02027 adenylosuccinate synthetase (purA)
ORF02033 chaperonin, 33 kDa (hslO)
ORF02034 NifR3/Smm1 family protein
ORF02037 ATP-dependent Clp protease, ATP-binding subunit
ORF02038 transcriptional regulator CtsR (ctsR)
ORF02040 translation elongation factor Ts (tsf)
ORF02041 ribosomal protein S2 (rpsB)
ORF02043 alkyl hydroperoxide reductase, subunit F (ahpF)
ORF02076 prophage LambdaSa2, single-strand binding protein (ssb)
ORF02082 prophage LambdaSa2, type II DNA modification methyltransferase, putative
ORF02086 prophage LambdaSa2, replicative DNA helicase (dnaC)
ORF02104 endopeptidase O (pepO)
ORF02110 polypeptide deformylase (def)
ORF02111 sugar binding transcriptional regulator RegR (regR)
ORF02112 conserved hypothetical protein
ORF02113 PTS system, IID component
ORF02114 PTS system, IIC component
ORF02115 PTS system, IIB component
ORF02116 glucuronyl hydrolase



Tabl 8: GBS genes shared with GAS and pneumococcus

## ORFxxxxx Annotation

ORF02118	PTS system, IIA component
ORF02120	oxidoreductase, short-chain dehydrogenase/reductase family
ORF02121	conserved hypothetical protein
ORF02122	carbohydrate kinase, PfkB family
ORF02123	2-dehydro-3-deoxyphosphogluconate aldolase/4-hydroxy-2-oxoglutarate aldolase (eda)
ORF02127	DNA polymerase III, alpha subunit, Gram-positive type
ORF02129	prolyl-tRNA synthetase (proS)
ORF02130	membrane-associated zinc metalloprotease, putative
ORF02131	phosphatidate cytidyltransferase (cdsA)
ORF02132	undecaprenyl diphosphate synthase (uppS)
ORF02133	preprotein translocase, YajC subunit (yajC)
ORF02140	glucan 1,6-alpha-glucosidase (dexB)
ORF02141	sugar ABC transporter, ATP-binding protein (msmK)
ORF02142	helix-turn-helix domain protein, fis-type
ORF02144	tagatose 1,6-diphosphate aldolase (lacD)
ORF02145	tagatose-6-phosphate kinase (lacC)
ORF02146	galactose-6-phosphate isomerase, LacB subunit (lacB)
ORF02147	galactose-6-phosphate isomerase, LacA subunit (lacA)
ORF02149	PTS system, IIC component, putative
ORF02150	PTS system, IIB component, putative
ORF02152	PTS system, IIA component, putative
ORF02153	lactose phosphotransferase system repressor (lacR)
ORF02157	adhesion lipoprotein
ORF02158	expressed protein of unknown function TIGR00256
ORF02159	GTP pyrophosphokinase (relA)
ORF02161	nrdf protein (nrdf)
ORF02164	iron ABC transporter, iron-binding protein
ORF02165	DNA-binding response regulator
ORF02167	PTS system, IID component
ORF02168	PTS system, IIC component
ORF02174	ABC transporter, ATP-binding protein
ORF02176	response regulator
ORF02177	conserved hypothetical protein
ORF02178	PTS system, IIABC components
ORF02179	sensor histidine kinase
ORF02180	phosphate regulon response regulator PhoB (phoB)
ORF02182	phosphate ABC transporter, ATP-binding protein (pstB)
ORF02183	phosphate ABC transporter, permease protein
ORF02184	phosphate ABC transporter, permease protein
ORF02188	conserved hypothetical protein TIGR00046
ORF02189	ribosomal protein L11 methyltransferase (pmaA)
ORF02197	conserved hypothetical protein
ORF02199	ATPase, AAA family
ORF02249	mercuric reductase (merA)
ORF02272	DNA topology modulation protein FlhA, putative
ORF02273	glycerol dehydrogenase, putative
ORF02281	DNA-binding response regulator
ORF02285	leucyl-tRNA synthetase (leuS)
ORF02290	transcription antitermination protein NusG (nusG)
ORF02293	penicillin-binding protein 2A (pbp2A)
ORF02294	ribosomal large subunit pseudouridine synthase, RluD subfamily
ORF02296	phosphopentomutase (deoB)
ORF02297	deoxyribose-phosphate aldolase (deoC)
ORF02300	uridine phosphorylase (udp)
ORF02302	60 kDa chaperonin (groEL)

Tabl 8: GBS genes shared with GAS and pn umococcus

## ORFxxxxx Annotation

ORF02303 chaperonin, 10 kDa (groES)
ORF02305 ABC transporter, ATP-binding protein
ORF02306 ABC transporter, permease protein
ORF02307 expressed putative lipoprotein
ORF02309 glyoxalase family protein
ORF02310 conserved hypothetical protein
ORF02311 anaerobic ribonucleoside-triphosphate reductase activating protein (nrdG)
ORF02312 acetyltransferase, GNAT family
ORF02315 anaerobic ribonucleoside-triphosphate reductase (nrdD)
ORF02318 conserved hypothetical protein
ORF02320 conserved hypothetical protein
ORF02321 conserved hypothetical protein
ORF02322 recA protein (recA)
ORF02325 DNA-3-methyladenine glycosylase I (tag)
ORF02327 Holliday junction DNA helicase RuvA (ruvA)
ORF02329 DNA mismatch repair protein HexB (hexB)
ORF02333 arginine repressor ArgR, putative
ORF02334 arginyl-tRNA synthetase (argS)
ORF02337 conserved hypothetical protein
ORF02338 conserved hypothetical protein
ORF02339 aspartyl-tRNA synthetase (aspS)
ORF02340 histidyl-tRNA synthetase (hisS)
ORF02342 ribosomal protein L33 (rpmG)
ORF02357 DNA-binding response regulator
ORF02359 membrane protein, putative
ORF02360 carbamate kinase (arcC)
ORF02361 ornithine carbamoyltransferase (argF)
ORF02364 amino acid ABC transporter, ATP-binding protein
ORF02365 amino acid ABC transporter, permease and amino acid-binding protein
ORF02370 membrane protein, putative
ORF02371 transcriptional regulator, TetR family, putative
ORF02373 ribosomal protein S4 (rpsD)
ORF02374 conserved hypothetical protein
ORF02375 replicative DNA helicase (dnaC)
ORF02376 ribosomal protein L9 (rplI)
ORF02377 DHH family protein
ORF02378 glucose inhibited division protein A (gidA)
ORF02380 tRNA (5-methylaminomethyl-2-thiouridylate)-methyltransferase (trmU)
ORF02381 L-serine dehydratase, iron-sulfur-dependent, beta subunit (sdhB)
ORF02382 L-serine dehydratase, iron-sulfur-dependent, alpha subunit (sdhA)
ORF02385 cobalt transport family protein
ORF02386 ABC transporter, ATP-binding protein
ORF02387 ABC transporter, ATP-binding protein, FRAMESHIFT
ORF02388 CDP-diacylglycerol-glycerol-3-phosphate 3-phosphatidyltransferase (pgsA)
ORF02389 peptidase, M16 family
ORF02390 conserved hypothetical protein
ORF02391 conserved hypothetical protein
ORF02392 recF protein (recF)
ORF02396 inosine-5'-monophosphate dehydrogenase (guaB)
ORF02397 transcriptional regulator, ArgR family
ORF02400 arginine deiminase (arcA)
ORF02402 ornithine carbamoyltransferase (argF)
ORF02404 carbamate kinase (arcC)
ORF02405 tryptophanyl-tRNA synthetase (trpS)
ORF02407 conserved hypothetical protein

**Tabl 8: GBS genes shar d with GAS and pneumococcus****ORFxxxxx Annotation**

ORF02408 ABC transporter, ATP-binding protein
ORF02409 ABC transporter, permease protein, putative
ORF02410 conserved hypothetical protein TIGR00246
ORF02411 serine protease
ORF02412 partitioning protein, ParB family
ORF02413 chromosomal replication initiator protein DnaA (dnaA)
ORF02415 DNA polymerase III, beta subunit (dnaN)
ORF02417 conserved hypothetical protein
ORF02419 conserved hypothetical GTP-binding protein
ORF02420 peptidyl-tRNA hydrolase (pth)
ORF02421 transcription-repair coupling factor (mfd)
ORF02423 S4 domain protein
ORF02424 cell division protein DivIC, putative
ORF02426 expressed protein of unknown function
ORF02427 MesJ/Ycf62 family protein
ORF02429 cell division protein FtsH (ftsH)

Table 9: GBS genes shared with pneumococcus

## ORFxxxxx Annotation

ORF00017	phosphoribosylaminoimidazolecarboxamide formyltransferase/IMP cyclohydrolase (purH)
ORF00025	conserved hypothetical protein
ORF00029	acetyl xylan esterase, putative
ORF00042	aldehyde-alcohol dehydrogenase (adhE)
ORF00044	threonine synthase (thrC)
ORF00081	ribosomal protein L17 (rplQ)
ORF00090	conserved hypothetical protein
ORF00129	argininosuccinate synthase (argG)
ORF00156	oligopeptide ABC transporter, substrate-binding protein, putative
ORF00189	protease, putative
ORF00194	thioredoxin family protein
ORF00195	tRNA binding domain protein
ORF00217	conserved domain protein
ORF00218	PTS system, IIB component, putative
ORF00220	transketolase, N-terminal subunit
ORF00221	transketolase, C-terminal subunit
ORF00223	oxidoreductase, putative
ORF00282	acetyltransferase, GNAT family
ORF00290	IS1381, transposase OrfB
ORF00291	IS1381, transposase OrfA
ORF00293	conserved hypothetical protein
ORF00301	membrane protein, putative
ORF00343	ABC transporter, permease protein, putative
ORF00344	conserved hypothetical protein
ORF00382	aspartate kinase family protein
ORF00399	conserved hypothetical protein
ORF00439	cell wall surface anchor family protein
ORF00447	cytidine/deoxycytidylate deaminase family protein
ORF00450	5-formyltetrahydrofolate cyclo-ligase family protein
ORF00480	transcriptional regulator, MerR family
ORF00499	acetyltransferase, GNAT family
ORF00504	magnesium transporter, CorA family
ORF00521	VanZF domain protein
ORF00612	IS1381, transposase OrfA
ORF00613	IS1381, transposase OrfB
ORF00690	transmembrane protein Vexp1 (vex1)
ORF00691	ABC transporter, ATP-binding protein Vexp2 (vex2)
ORF00692	transmembrane protein Vexp3 (vex3)
ORF00714	conserved hypothetical protein
ORF00732	expressed cell wall surface anchor family protein, putative
ORF00774	ABC transporter, ATP-binding protein
ORF00778	ABC transporter, ATP-binding protein
ORF00780	conserved hypothetical protein
ORF00790	beta-glucuronidase
ORF00800	alpha amylase family protein
ORF00807	amino acid ABC transporter, permease protein
ORF00809	amino acid ABC transporter, amino acid-binding protein
ORF00814	conserved hypothetical protein
ORF00823	bacterial luciferase family protein
ORF00840	riboflavin biosynthesis protein RibD (ribD)
ORF00841	riboflavin synthase, alpha subunit (ribE)
ORF00842	riboflavin biosynthesis protein RibA (ribA)
ORF00843	riboflavin synthase, beta subunit (ribH)
ORF00866	penicillin-binding protein 2b
ORF00905	membrane protein, putative

Tabl 9: GBS g nes shar d with pneumococcus

## ORFxxxx Annotation

ORF00910 major facilitator family protein
ORF00913 hydrolase, haloacid dehalogenase-like family
ORF00918 conserved hypothetical protein
ORF00945 conserved hypothetical protein
ORF00948 ABC transporter, ATP-binding protein
ORF00952 phosphomethylpyrimidine kinase (thiD)
ORF00953 hydroxyethylthiazole kinase (thiM)
ORF00954 thiamine-phosphate pyrophosphorylase (thiE)
ORF00961 GtrA family protein
ORF00967 1,4-alpha-glucan branching enzyme (glgB)
ORF00968 glucose-1-phosphate adenylyltransferase (glgC)
ORF00971 glycogen synthase (glgA)
ORF00985 acetyltransferase, GNAT family
ORF00990 magnesium transporter, CorA family, putative
ORF01022 nucleoside diphosphate kinase (ndk)
ORF01031 nucleoside diphosphate kinase domain protein
ORF01085 conserved hypothetical protein
ORF01087 IS1381, transposase OrfA
ORF01088 IS1381, transposase OrfB
ORF01098 ABC transporter, permease protein, putative
ORF01100 sensor histidine kinase
ORF01102 ABC transporter, substrate-binding protein
ORF01127 protease, putative
ORF01135 iron compound ABC transporter, permease protein
ORF01136 iron compound ABC transporter, permease protein
ORF01185 aspartate-semialdehyde dehydrogenase (asd)
ORF01217 conserved hypothetical protein
ORF01218 conserved hypothetical protein
ORF01219 formate/nitrite transporter family protein
ORF01226 oxidoreductase, short chain dehydrogenase/reductase family, FRAMESHIFT
ORF01254 homoserine kinase (thrB)
ORF01255 homoserine dehydrogenase (hom)
ORF01264 transcriptional regulator, Cro/C1 family
ORF01268 thiol peroxidase (psaD)
ORF01305 glycosyltransferase CpsJ(V) (cpsJ)
ORF01306 glycosyltransferase CpsO(V) (cpsO)
ORF01313 CpsD protein (cpsD)
ORF01314 cpsC protein (cpsC)
ORF01315 capsular polysaccharide biosynthesis protein CpsB (cpsB)
ORF01316 capsular polysaccharide biosynthesis protein CpsA (cpsA)
ORF01326 conserved hypothetical protein
ORF01333 alpha-acetolactate decarboxylase (budA)
ORF01334 acetolactate synthase, catabolic (ilvK)
ORF01337 MutT/nudix family protein
ORF01369 MATE efflux family protein
ORF01398 Tn5252, Orf 9 protein
ORF01399 Tn5252, Orf 10 protein
ORF01446 protease, putative
ORF01447 conserved hypothetical protein
ORF01449 conserved hypothetical protein
ORF01492 NADP-specific glutamate dehydrogenase (gdhA)
ORF01569 expressed cell wall surface anchor family protein
ORF01570 cell wall surface anchor family prot in
ORF01574 polysaccharide biosynthesis protein
ORF01579 nucleotidyl transferase, putative

Table 10: GBS genes shared with GAS

## ORFxxxxx Annotation

ORF00654 conserved hypothetical protein
ORF00655 conserved hypothetical protein
ORF00656 conserved hypothetical protein
ORF00658 conserved hypothetical protein
ORF00659 conserved hypothetical protein
ORF00660 prophage LambdaSa1, structural protein, putative
ORF00662 conserved hypothetical protein
ORF00663 conserved hypothetical protein
ORF00664 conserved hypothetical protein
ORF00665 conserved hypothetical protein
ORF00666 prophage LambdaSa1, structural protein
ORF00668 conserved hypothetical protein
ORF00669 prophage LambdaSa1, pblA protein, internal deletion
ORF00677 prophage LambdaSa1, lysin, putative
ORF00679 conserved hypothetical protein
ORF00695 transposase OrfB, IS3 family, truncation
ORF00697 conserved hypothetical protein
ORF00707 conserved domain protein
ORF00713 acid phosphatase precursor, class B
ORF00720 transposase OrfB, IS3 family FRAMESHIFT
ORF00721 transposase OrfA, IS3 family
ORF00751 cylA protein (cylA)
ORF00755 cylI protein (cylI)
ORF00760 serine protease, subtilase family, putative POINT MUTATION
ORF00781 transcriptional regulator, LysR family
ORF00783 regulatory protein, putative
ORF00785 IS1548, transposase
ORF00786 regulatory protein, putative, truncation
ORF00787 D-lactate dehydrogenase (ldhA)
ORF00801 glycosyl transferase, group 1 family protein
ORF00805 conserved hypothetical protein
ORF00826 phage shock protein C, putative
ORF00833 conserved hypothetical protein
ORF00845 hydrolase, haloacid dehalogenase-like family
ORF00852 conserved hypothetical protein
ORF00853 expressed putative lipoprotein
ORF00857 IS1548, transposase
ORF00890 conserved hypothetical protein
ORF00902 conserved hypothetical protein
ORF00926 membrane protein, putative
ORF00927 membrane protein, putative
ORF00987 conserved hypothetical protein
ORF01009 expressed protein of unknown function
ORF01010 lipoyl-binding domain protein
ORF01011 oxidoreductase, putative
ORF01012 conserved hypothetical protein
ORF01024 expressed putative lipoprotein
ORF01061 signal peptidase I, putative
ORF01064 IS1548, transposase
ORF01084 glyoxylase family protein
ORF01104 SatD
ORF01126 conserved hypothetical protein
ORF01191 conserved hypothetical protein
ORF01192 conserved hypothetical protein
ORF01193 glycine cleavage system H protein, putative

Tabl 10: GBS genes shar d with GAS

## ORFxxxxx Annotation

ORF01194 bacterial luciferase family protein
ORF01195 oxidoreductase, FMN-binding
ORF01197 lipoteichoic acid-protein ligase A family protein
ORF01202 IS861, transposase OrfA
ORF01223 drug resistance transporter, EmrB/QacA family, putative
ORF01224 conserved hypothetical protein
ORF01225 potassium uptake protein, putative
ORF01237 membrane protein, putative
ORF01249 dihydronicotinamide aldolase (folB)
ORF01256 polysaccharide deacetylase family protein
ORF01273 transcriptional regulator, GntR family/potassium uptake protein, TrkA family
ORF01280 conserved hypothetical protein
ORF01281 conserved hypothetical protein
ORF01289 lipoprotein, putative
ORF01291 conserved hypothetical protein
ORF01298 conserved hypothetical protein
ORF01318 conserved hypothetical protein
ORF01320 voltage-gated chloride channel family protein, putative
ORF01322 arsenate reductase (arsC)
ORF01340 dTDP-glucose 4,6-dehydratase (rfbB)
ORF01341 dTDP-4-dehydrorhamnose 3,5-epimerase
ORF01342 glucose-1-phosphate thymidyltransferase (rfbA)
ORF01356 hypothetical protein
ORF01368 conserved hypothetical protein
ORF01374 ISSdy1, transposase OrfB
ORF01388 transposase OrfA, IS3 family
ORF01389 transposase OrfB, IS3 family, truncation
ORF01391 ISSdy1, transposase OrfB FRAMESHIFT
ORF01396 transcriptional regulator, Cro/C1 family
ORF01419 repressor protein, putative
ORF01461 amino acid permease
ORF01469 conserved hypothetical protein
ORF01483 sensor histidine kinase
ORF01485 GTP pyrophosphokinase family protein
ORF01490 5'-nucleotidase family protein
ORF01509 2-dehydropantoate 2-reductase, putative
ORF01510 regulatory protein, putative
ORF01522 carbamoyl-phosphate synthase, large subunit, putative
ORF01542 sulfatase
ORF01549 conserved hypothetical protein
ORF01554 iron compound ABC transporter, substrate-binding protein
ORF01557 conserved hypothetical protein
ORF01563 conserved hypothetical protein TIGR01212
ORF01583 glycosyltransferase, group 2 family protein
ORF01584 glycosyltransferase, group 2 family protein
ORF01585 glycosyltransferase, putative
ORF01586 dTDP-4-dehydrorhamnose reductase (rfbD)
ORF01593 conserved hypothetical protein
ORF01599 conserved hypothetical protein
ORF01600 glycerol-3-phosphate transporter, putative
ORF01639 conserved hypothetical protein
ORF01650 nitroreductase family protein
ORF01653 amino acid permease
ORF01665 transcriptional regulator, MutR family
ORF01683 MutT/nudix family protein

Table 10: GBS genes shared with GAS

## ORFxxxxx Annotation

ORF01686 67 kDa Myosin-crossreactive streptococcal antigen
ORF01688 peptide methionine sulfoxide reductase (msrA)
ORF01694 peptide ABC transporter, permease protein
ORF01704 conserved hypothetical protein
ORF01705 IS861, transposase OrfA
ORF01741 membrane protein, putative
ORF01770 conserved hypothetical protein
ORF01772 IS1548, transposase
ORF01790 conserved hypothetical protein
ORF01794 conserved hypothetical protein
ORF01800 amino acid ABC transporter, substrate-binding protein
ORF01810 IS1548, transposase
ORF01827 sodium:dicarboxylate symporter family protein
ORF01877 immunogenic secreted protein, putative
ORF01913 transcriptional regulator, Cro/C1 family
ORF01928 membrane protein, putative
ORF01931 transporter, putative
ORF01932 transcriptional regulator, Crp/Fnr family
ORF01947 transcriptional regulator, merR family
ORF01970 acid phosphatase
ORF02002 amino acid ABC transporter, permease protein
ORF02028 perfringolysin O regulator protein (pfoR)
ORF02029 conserved hypothetical protein
ORF02031 expressed protein of unknown function
ORF02032 expressed protein of unknown function
ORF02035 deoxynucleoside kinase family protein
ORF02042 alkyl hydroperoxide reductase, subunit C (ahpC)
ORF02126 transcriptional regulator, MarR family
ORF02128 N-acetylmuramoyl-L-alanine amidase, family 4 protein
ORF02135 malate oxidoreductase
ORF02136 citrate carrier protein, CCS family
ORF02137 sensor histidine kinase family protein
ORF02138 response regulator
ORF02166 conserved hypothetical protein
ORF02169 PTS system, IIB component
ORF02170 PTS system, IIA component, putative
ORF02202 ABC transporter, ATP-binding protein
ORF02262 ABC transporter, ATP-binding protein
ORF02270 cAMP factor (cfb)
ORF02280 serine protease, subtilase family, putative
ORF02286 major facilitator family protein
ORF02292 preprotein translocase, SecE subunit, putative
ORF02295 Lyme disease proteins of unknown function, putative
ORF02298 Na <sup>+</sup> dependent nucleoside transporter
ORF02301 transcriptional regulator, GntR family
ORF02313 virulence factor MviM, putative
ORF02316 membrane protein, putative
ORF02319 conserved hypothetical protein TIGR00250
ORF02328 transporter, putative
ORF02331 cold shock protein, CSD family
ORF02332 DNA mismatch repair protein HexA (hexA)
ORF02335 conserved hypothetical protein
ORF02372 conserved hypothetical protein
ORF02383 expressed putative lipoprotein
ORF02393 transporter, putative



Table 10: GBS genes shared with GAS

## ORFxxxxx Annotation

ORF02398	transcriptional regulator, Crp/Fnr family
ORF02399	conserved hypothetical protein
ORF02401	acetyltransferase, GNAT family
ORF02403	arginine/ornithine antiporter (arcD)
ORF03002	conserved hypothetical protein, truncation

Tabl 11: GBS genes not shared with GAS or pneumococcus

ORFxxxxx Annotation
ORF00008 protease, putative
ORF00010 acyl carrier protein (acpP)
ORF00016 acetyltransferase, GNAT family
ORF00018 peptidase, M23/M37 family, putative secreted protein
ORF00035 membrane protein, putative
ORF00087 lipoprotein, putative
ORF00088 hypothetical protein
ORF00089 hypothetical protein
ORF00091 conserved hypothetical protein
ORF00117 ribose ABC transporter, periplasmic D-ribose-binding protein (rbsB)
ORF00118 ribose ABC transporter, permease protein (rbsC)
ORF00120 ribose ABC transporter protein RbsD (rbsD)
ORF00121 ribokinase (rbsK)
ORF00123 hypothetical protein
ORF00130 argininosuccinate lyase (argH)
ORF00137 conserved hypothetical protein
ORF00138 hypothetical protein
ORF00166 4-diphosphocytidyl-2C-methyl-D-erythritol kinase (ispE)
ORF00182 conserved domain protein
ORF00186 transcriptional regulator, Cro/C1 family
ORF00187 hypothetical protein
ORF00188 hypothetical protein
ORF00192 hypothetical protein
ORF00193 conserved hypothetical protein
ORF00196 conserved hypothetical protein
ORF00199 hydrolase, haloacid dehalogenase-like family
ORF00200 sensor histidine kinase, putative
ORF00201 response regulator
ORF00203 conserved hypothetical protein
ORF00204 membrane protein, putative
ORF00205 hypothetical protein
ORF00228 lipoprotein, putative
ORF00234 hypothetical protein
ORF00235 hypothetical protein
ORF00238 hypothetical protein
ORF00240 transcriptional regulator, Cro/C1 family
ORF00241 hypothetical protein
ORF00242 conserved hypothetical protein
ORF00243 hypothetical protein
ORF00244 conserved domain protein
ORF00245 conserved hypothetical protein, fusion
ORF00246 replication initiation protein, putative
ORF00247 hypothetical protein
ORF00248 recombination protein
ORF00249 hypothetical protein
ORF00252 conserved hypothetical protein
ORF00253 hypothetical protein
ORF00254 hypothetical protein
ORF00255 hypothetical protein
ORF00256 hypothetical protein
ORF00257 hypothetical protein
ORF00258 hypothetical protein
ORF00259 hypothetical protein
ORF00260 hypothetical protein
ORF00272 expressed putative lipoprotein

Table 11: GBS genes not shared with GAS or pneumococcus

ORFxxxxx Annotati n
ORF00273 hypothetical prot in
ORF00274 hypothetical protein
ORF00275 hypothetical protein
ORF00276 hypothetical protein
ORF00278 membrane protein, putative
ORF00279 transcriptional regulator, Cro/C1 family
ORF00280 acetyltransferase, GNAT family
ORF00281 acetyltransferase, GNAT family
ORF00283 conserved hypothetical protein
ORF00284 RNA polymerase sigma factor, ECF subfamily
ORF00285 lipoprotein, putative
ORF00287 transcriptional regulator, TetR family
ORF00288 ABC transporter efflux protein, DrrB family, putative
ORF00292 hypothetical protein
ORF00294 expressed protein of unknown function
ORF00298 acyl carrier protein phosphodiesterase, putative
ORF00308 conserved hypothetical protein
ORF00324 conserved hypothetical protein
ORF00332 hypothetical protein
ORF00340 hypothetical protein
ORF00347 conserved hypothetical protein
ORF00384 hypothetical protein
ORF00402 membrane protein, putative
ORF00408 hypothetical protein
ORF00409 membrane protein, putative
ORF00414 conserved hypothetical protein
ORF00416 hypothetical protein
ORF00417 hypothetical protein
ORF00433 copper-transporter protein CopZ
ORF00448 hypothetical protein
ORF00466 conserved hypothetical protein
ORF00467 acetyltransferase, GNAT family
ORF00475 conserved domain protein
ORF00476 hypothetical protein
ORF00478 carboxymuconolactone decarboxylase family protein
ORF00479 conserved hypothetical protein
ORF00486 transcriptional regulator, AraC family
ORF00487 surface protein Rib
ORF00488 transposase, IS256 family, truncation
ORF00489 DNA-damage-inducible protein J, putative
ORF00490 hypothetical protein
ORF00491 lipoprotein, putative
ORF00493 bacteriophage L54a, integrase, truncation
ORF00497 conserved domain protein
ORF00503 oxidoreductase, Gfo/Idh/MocA family
ORF00506 transposase, IS256 family
ORF00510 bacteriocin transport accessory protein, putative
ORF00512 hypothetical protein
ORF00526 biotin synthetase (bioB)
ORF00527 hypothetical protein
ORF00533 type IV prepilin peptidase-related protein
ORF00538 conserved hypothetical protein
ORF00566 hypothetical protein
ORF00563 expressed protein of unknown function
ORF00575 hypothetical protein

Tabl 11: GBS genes n t shared with GAS or pn umococcus

ORFxxxxx Annotation
ORF00584 conserved hypothetical protein
ORF00585 fructose-1,6-bisphosphatase, putative
ORF00590 carboxymethylenebutenolide-related protein
ORF00597 conserved hypothetical protein
ORF00598 inosine-uridine preferring nucleoside hydrolase
ORF00599 hypothetical protein
ORF00600 OsmC/Ohr family protein
ORF00608 adenosine deaminase, putative
ORF00610 chorismate mutase, putative
ORF00615 prophage LambdaSa1, site-specific recombinase, phage integrase family
ORF00617 conserved domain protein
ORF00618 hypothetical protein
ORF00620 hypothetical protein
ORF00621 conserved hypothetical protein
ORF00623 hypothetical protein
ORF00624 hypothetical protein
ORF00626 prophage LambdaSa1, transcriptional regulator, Cro/Ci family
ORF00628 hypothetical protein
ORF00630 hypothetical protein
ORF00632 hypothetical protein
ORF00633 conserved hypothetical protein
ORF00635 hypothetical protein
ORF00636 hypothetical protein
ORF00637 hypothetical protein
ORF00638 conserved hypothetical protein
ORF00639 conserved domain protein
ORF00641 prophage LambdaSa1, reverse transcriptase/maturase family protein
ORF00642 conserved hypothetical protein
ORF00643 conserved hypothetical protein
ORF00644 hypothetical protein
ORF00645 hypothetical protein
ORF00646 conserved hypothetical protein
ORF00647 hypothetical protein
ORF00649 hypothetical protein
ORF00650 hypothetical protein
ORF00652 conserved hypothetical protein
ORF00653 conserved hypothetical protein
ORF00657 conserved hypothetical protein, truncation
ORF00661 conserved hypothetical protein
ORF00667 conserved hypothetical protein
ORF00670 prophage LambdaSa1, minor structural protein, putative
ORF00671 prophage LambdaSa1, N-acetylmuramoyl-L-alanine amidase, family 4
ORF00672 prophage LambdaSa1, minor structural protein, putative
ORF00673 hypothetical protein
ORF00674 hypothetical protein
ORF00675 conserved hypothetical protein
ORF00676 conserved hypothetical protein
ORF00678 conserved hypothetical protein
ORF00681 conserved hypothetical protein
ORF00682 hypothetical protein
ORF00683 prophage LambdaSa1, site-specific recombinase, phage integrase family FRAMESHIFT
ORF00685 conserved hypothetical protein
ORF00689 conserved hypothetical protein, FRAMESHIFT
ORF00698 hypothetical protein
ORF00703 phosphoserine phosphatase SerB (serB)

Tabl 11: GBS genes not shared with GAS or pn umococcus

ORFxxxxx Ann tation
ORF00704 MutT/nudix family protein
ORF00712 hypothetical protein
ORF00718 cell wall surface protein, interruption-N
ORF00723 hypothetical protein
ORF00726 transcriptional regulator, AraC family
ORF00727 expressed cell wall surface anchor family protein
ORF00728 expressed cell wall surface anchor family protein
ORF00735 expressed protein of unknown function
ORF00737 conserved hypothetical protein, degenerate
ORF00738 hypothetical protein
ORF00740 hypothetical protein
ORF00741 hypothetical protein
ORF00742 lipoprotein, putative
ORF00747 cylD protein (cylD)
ORF00749 acyl carrier protein AcpC
ORF00750 cylZ protein FRAMESHIFT
ORF00752 cylB protein (cylB)
ORF00753 cylE protein (cylE)
ORF00754 cylF protein (cylF)
ORF00756 cylJ protein (cylJ)
ORF00757 cylK protein (cylK)
ORF00758 hypothetical protein
ORF00759 putative secreted protein
ORF00761 hypothetical protein
ORF00766 expressed putative secreted protein
ORF00767 hypothetical protein
ORF00768 conserved domain protein
ORF00769 permease, putative
ORF00775 conserved hypothetical protein
ORF00777 DedA family protein, putative
ORF00779 membrane protein, putative
ORF00788 sodium:galactoside symporter family protein, putative
ORF00791 transcriptional regulator, GntR family
ORF00793 Glucuronate isomerase (uxaC)
ORF00794 mannonate dehydratase (uxuA)
ORF00795 D-mannonate oxidoreductase
ORF00796 hydrolase, haloacid dehalogenase-like family
ORF00797 glycosyl hydrolase, family 3
ORF00806 conserved hypothetical protein
ORF00822 ABC transporter, ATP-binding protein
ORF00827 hypothetical protein
ORF00834 conserved hypothetical protein
ORF00838 membrane protein, putative
ORF00839 Mn2+/Fe2+ transporter, NRAMP family
ORF00848 conserved domain protein
ORF00872 cell wall surface anchor family protein
ORF00874 conserved hypothetical protein
ORF00878 ABC transporter, permease protein
ORF00879 YaeC family protein, putative
ORF00888 hydrolase, haloacid dehalogenase-like family
ORF00891 conserved domain protein
ORF00898 conserved hypothetical protein
ORF00900 permease, GntP family
ORF00903 transcriptional regulator, MarR family
ORF00907 glutathione S-transferase family protein

Table 11: GBS genes not shared with GAS or pneumococcus

ORFxxxxx Annotation
ORF00909 hypothetical protein
ORF00921 membrane protein, putative
ORF00922 glycosyl transferase, family 8
ORF00923 hypothetical protein
ORF00924 conserved hypothetical protein
ORF00939 conserved hypothetical protein
ORF00942 expressed putative secreted protein
ORF00943 hypothetical protein
ORF00944 hypothetical protein
ORF00946 conserved hypothetical protein
ORF00950 hypothetical protein
ORF00951 transcriptional regulator, TenA family
ORF00972 ATP synthase F0, C subunit (atpE)
ORF00980 conserved hypothetical protein
ORF00982 conserved hypothetical protein
ORF01003 conserved hypothetical protein
ORF01004 conserved hypothetical protein
ORF01013 hypothetical protein
ORF01014 hypothetical protein
ORF01015 hypothetical protein
ORF01016 hypothetical protein
ORF01018 hypothetical protein
ORF01019 hypothetical protein
ORF01021 hypothetical protein
ORF01025 HD domain protein
ORF01026 acetyltransferase, GNAT family
ORF01032 chloramphenicol acetyltransferase (cat)
ORF01034 Tn916, transposase
ORF01035 Tn916, excisionase
ORF01037 Tn916, hypothetical protein
ORF01038 Tn916, hypothetical protein
ORF01039 Tn916, transcriptional regulator, putative
ORF01041 Tn916, hypothetical protein
ORF01042 Tn916, NLP/P60 family protein
ORF01044 membrane protein, putative FRAMESHIFT
ORF01048 Tn916, hypothetical protein
ORF01049 Tn916, hypothetical protein
ORF01050 Tn916, hypothetical protein
ORF01051 Tn916, transcriptional regulator, putative
ORF01052 Tn916, FtsK/SpoIIIE family protein
ORF01053 Tn916, hypothetical protein
ORF01054 Tn916, hypothetical protein
ORF01062 hypothetical protein
ORF01086 Na <sup>+</sup> /H <sup>+</sup> exchanger family protein
ORF01092 acetyltransferase, GNAT family
ORF01096 nisin-resistance protein, putative
ORF01103 conserved hypothetical protein
ORF01124 acetyltransferase, GNAT family
ORF01133 iron-compound ABC transporter, iron-compound-binding protein
ORF01140 conserved hypothetical protein
ORF01142 carbon starvation protein CstA, putative
ORF01143 response regulator
ORF01144 sensor histidine kinase, putative
ORF01145 lipoprotein, putative
ORF01146 conserved hypothetical protein, FRAMESHIFT

Tabl 11: GBS genes not shared with GAS or pneumococcus

ORFxxxxx Annotation
ORF01148 lipoprotein, putative
ORF01149 hypothetical protein
ORF01150 hypothetical protein
ORF01151 hypothetical protein
ORF01152 lipoprotein, putative
ORF01153 hypothetical protein
ORF01157 conserved hypothetical protein
ORF01158 hypothetical protein
ORF01159 hypothetical protein
ORF01160 expressed protein of unknown function FRAMESHIFT
ORF01161 expressed conserved domain protein
ORF01162 conserved hypothetical protein
ORF01164 FtsK/SpoIIIE family protein FRAMESHIFT
ORF01166 hypothetical protein
ORF01167 conserved hypothetical protein
ORF01168 conserved hypothetical protein
ORF01169 hypothetical protein
ORF01172 phage infection protein, putative
ORF01173 conserved hypothetical protein
ORF01174 conserved domain protein
ORF01175 hypothetical protein
ORF01182 membrane protein, putative
ORF01186 cell wall surface anchor family protein, putative
ORF01187 hypothetical protein
ORF01204 hypothetical protein
ORF01215 hypothetical protein
ORF01241 transcriptional regulator, AraC family, putative
ORF01253 rarD protein (rarD)
ORF01257 transporter, BCCT family protein
ORF01258 hypothetical protein
ORF01261 expressed protein of unknown function
ORF01262 conserved hypothetical protein, FRAMESHIFT
ORF01263 hypothetical protein
ORF01265 hypothetical protein
ORF01266 hypothetical protein
ORF01269 conserved hypothetical protein
ORF01272 conserved hypothetical protein
ORF01277 conserved hypothetical protein
ORF01287 conserved hypothetical protein
ORF01288 membrane protein, putative
ORF01299 CMP-N-acetylneuraminic acid synthetase NeuA (neuA)
ORF01300 neuD protein (neuD)
ORF01301 UDP-N-acetylglucosamine-2-epimerase NeuC (neuC)
ORF01302 N-acetyl neuramic acid synthetase NeuB (neuB)
ORF01303 polysaccharide biosynthesis protein CpsL (cpsL)
ORF01304 polysaccharide biosynthesis protein CpsK(V) (cpsK)
ORF01307 glycosyltransferase CpsN(V) (cpsN)
ORF01308 polysaccharide biosynthesis protein CpsM(V) (cpsM)
ORF01309 polysaccharide biosynthesis protein cpsH(V) (cpsH)
ORF01310 glycosyltransferase CpsG(V) (cpsG)
ORF01311 polysaccharide biosynthesis protein CpsF (cpsF)
ORF01312 glycosyltransferase CpsE (cpsE)
ORF01348 conserved domain protein
ORF01349 hypothetical protein
ORF01370 conserved hypothetical protein

Tabl 11: GBS g n s not shared with GAS r pneumococcus

ORFxxxxx Annotati n
ORF01371 conserved hypothetical protein
ORF01372 expressed protein of unknown function
ORF01373 ISSdy1, transposase OrfA
ORF01375 conserved hypothetical protein
ORF01379 transposase OrfB, IS3 family, truncation
ORF01382 GBSi1, group II intron, maturase
ORF01384 hypothetical protein
ORF01385 hypothetical protein
ORF01386 conserved hypothetical protein
ORF01387 conserved hypothetical protein, truncation
ORF01390 ISSdy1, transposase OrfA FRAMESHIFT
ORF01392 hypothetical protein
ORF01393 hypothetical protein
ORF01394 site-specific recombinase, phage integrase family
ORF01395 conserved hypothetical protein
ORF01401 transposase, ISL3 family
ORF01404 mercuric resistance operon regulatory protein MerR (merR)
ORF01408 cadmium efflux system accessory protein (CadC)
ORF01409 conserved hypothetical protein
ORF01410 hypothetical protein
ORF01417 hypothetical protein
ORF01418 hypothetical protein
ORF01420 hypothetical protein
ORF01421 ImpB/MucB/SamB family protein
ORF01423 conserved hypothetical protein
ORF01424 conserved hypothetical protein
ORF01425 conserved hypothetical protein
ORF01426 conserved hypothetical protein
ORF01427 hypothetical protein
ORF01428 conserved hypothetical protein
ORF01430 hypothetical protein
ORF01431 hypothetical protein
ORF01432 conserved domain protein
ORF01433 SNF2 family protein
ORF01434 hypothetical protein
ORF01435 calcium-binding protein, putative
ORF01436 agglutinin receptor (ssp-5)
ORF01437 abortive infection protein AbiGI (abiGI)
ORF01438 abortive infection protein AbiGII (abiGII)
ORF01439 conserved hypothetical protein
ORF01440 expressed protein of unknown function
ORF01441 conserved hypothetical protein, degenerate
ORF01442 membrane protein, putative
ORF01443 hypothetical protein
ORF01444 Tn5252, Orf 21 protein, internal deletion
ORF01445 hypothetical protein
ORF01450 conserved hypothetical protein
ORF01452 hypothetical protein
ORF01454 conserved hypothetical protein
ORF01459 hypothetical protein
ORF01460 homocysteine S-methyltransferase MmuM, putative
ORF01463 hypothetical protein
ORF01464 hypothetical protein
ORF01465 hypothetical protein
ORF01466 transcriptional regulator, TetR family



Table 11: GBS genes not shared with GAS or pneumococcus

ORFxxxxx Annotation
ORF01477 glutathione S-transferase family protein, putative
ORF01478 conserved domain protein
ORF01486 hypothetical protein
ORF01488 R5 protein
ORF01489 transcriptional regulator, MarR family, putative
ORF01494 membrane protein, putative
ORF01497 acetyltransferase, GNAT family
ORF01502 hypothetical protein
ORF01503 conserved hypothetical protein
ORF01508 surface antigen-related protein
ORF01535 conserved hypothetical protein
ORF01547 conserved hypothetical protein
ORF01566 expressed cell wall surface anchor family protein
ORF01572 glycosyltransferase, group 1 family protein
ORF01573 glycosyltransferase, group 2 family protein
ORF01575 membrane protein, putative
ORF01576 glycosyltransferase, group 2 family protein
ORF01577 glycosyltransferase, group 2 family protein
ORF01578 nucleotide sugar dehydratase, putative
ORF01581 lipoprotein, putative
ORF01582 conserved hypothetical protein
ORF01596 ammonium transporter family protein
ORF01597 conserved hypothetical protein
ORF01601 hypothetical protein
ORF01608 proton/peptide symporter family protein
ORF01611 hypothetical protein
ORF01615 conserved domain protein
ORF01638 conserved hypothetical protein
ORF01641 conserved hypothetical protein
ORF01645 cell wall surface anchor family protein
ORF01660 membrane protein, putative
ORF01661 ABC transporter, ATP binding protein
ORF01666 hypothetical protein
ORF01667 hypothetical protein
ORF01670 hypothetical protein
ORF01672 protease, putative, POINT MUTATION
ORF01673 hypothetical protein
ORF01674 hypothetical protein
ORF01675 hypothetical protein
ORF01680 tetracenomycin polyketide synthesis O-methyltransferase TcmP, putative
ORF01681 hypothetical protein
ORF01682 hypothetical protein
ORF01684 hypothetical protein
ORF01692 peptide ABC transporter, ATP-binding protein
ORF01695 peptide ABC transporter, permease protein
ORF01696 peptide ABC transporter, peptide-binding protein
ORF01699 transposase, IS30 family, putative
ORF01700 transporter, major facilitator family
ORF01703 transcriptional regulator, LysR family
ORF01715 conserved hypothetical protein
ORF01719 hypothetical protein
ORF01720 conserved hypothetical protein
ORF01721 glyoxalase family protein
ORF01727 conserved hypothetical protein
ORF01729 acetyltransferase, GNAT family

Tabl 11: GBS genes not shared with GAS or pneumococcus

ORFxxxxx Annotation
ORF01730 glycosyl transferase, group 2 family protein
ORF01733 hypothetical protein
ORF01734 conserved hypothetical protein
ORF01735 hypothetical protein
ORF01736 hypothetical protein
ORF01737 hypothetical protein
ORF01742 hypothetical protein
ORF01743 PTS system component, putative
ORF01744 conserved hypothetical protein
ORF01748 D-isomer specific 2-hydroxyacid dehydrogenase family protein
ORF01753 conserved hypothetical protein
ORF01754 hypothetical protein
ORF01761 transposase, IS30 family, putative, truncation
ORF01778 amino acid permease, putative
ORF01807 hypothetical protein
ORF01836 hypothetical protein
ORF01838 hypothetical protein
ORF01839 dihydroxyacetone kinase family protein
ORF01840 transcriptional regulator, TetR family, putative
ORF01842 hypothetical protein
ORF01843 dihydroxyacetone kinase family protein
ORF01844 dihydroxyacetone kinase family protein
ORF01847 conserved hypothetical protein
ORF01850 hypothetical protein
ORF01863 pyruvate phosphate dikinase (ppdK)
ORF01864 expressed protein of unknown function
ORF01865 CBS domain protein
ORF01866 3-hydroxyacyl-CoA dehydrogenase family protein, putative secreted protein
ORF01892 hypothetical protein
ORF01893 hypothetical protein
ORF01894 conserved hypothetical protein
ORF01895 hypothetical protein
ORF01896 hypothetical protein
ORF01897 hypothetical protein
ORF01898 hypothetical protein
ORF01899 hypothetical protein
ORF01903 conserved hypothetical protein
ORF01904 drug resistance transporter, EmrB/QacA family
ORF01905 hypothetical protein
ORF01922 conserved hypothetical protein
ORF01925 FMN-binding protein
ORF01934 hypothetical protein
ORF01936 polyprenyl synthetase family protein
ORF01939 cytochrome d ubiquinol oxidase, subunit II (cydB)
ORF01940 cytochrome d oxidase, subunit I (cydA)
ORF01941 pyridine nucleotide-disulphide oxidoreductase family protein
ORF01942 prenyltransferase, UbiA family
ORF01943 hypothetical protein
ORF01944 hypothetical protein
ORF01946 cyclopropane-fatty-acyl-phospholipid synthase (cfa)
ORF01951 conserved hypothetical protein
ORF01953 hypothetical protein
ORF01954 conserved hypothetical protein
ORF01984 hypothetical protein
ORF01988 hypothetical protein

Tabl 11: GBS g n s not shared with GAS r pneumococcus

ORFxxxxx Annotation
ORF01989 hypothetical protein
ORF01990 hypothetical protein
ORF01991 hypothetical protein
ORF02000 membrane protein, putative
ORF02001 transposase, IS30 family, putative
ORF02005 hypothetical protein
ORF02006 xylulose-5-phosphate/fructose-6-phosphate phosphoketolase (xfp)
ORF02009 conserved hypothetical protein
ORF02010 carbohydrate kinase, FGGY family
ORF02011 hypothetical protein
ORF02012 PTS system component, putative
ORF02015 glyoxylate reductase, NADH-dependent
ORF02016 hypothetical protein
ORF02025 hypothetical protein
ORF02026 hypothetical protein
ORF02030 glutamate-cysteine ligase-related protein
ORF02036 phosphinothricin N-acetyltransferase (pat)
ORF02039 conserved hypothetical protein
ORF02044 conserved hypothetical protein
ORF02045 conserved hypothetical protein
ORF02046 prophage LambdaSa2, lysin, putative
ORF02047 prophage LambdaSa2, holin, putative
ORF02048 conserved hypothetical protein
ORF02049 hypothetical protein
ORF02050 conserved domain protein
ORF02051 prophage LambdaSa2, PblB, putative
ORF02053 conserved hypothetical protein
ORF02056 conserved hypothetical protein
ORF02057 hypothetical protein
ORF02058 hypothetical protein
ORF02059 conserved hypothetical protein
ORF02060 conserved hypothetical protein
ORF02061 hypothetical protein
ORF02062 hypothetical protein
ORF02063 conserved domain protein
ORF02064 conserved domain protein
ORF02066 prophage LambdaSa2, protease, putative
ORF02067 conserved hypothetical protein
ORF02068 prophage LambdaSa2, terminase large subunit, putative
ORF02069 hypothetical protein
ORF02070 hypothetical protein
ORF02071 prophage LambdaSa2, site-specific recombinase, phage integrase family
ORF02072 conserved hypothetical protein
ORF02073 prophage LambdaSa2, transcriptional regulator, Cro/C1 family
ORF02075 hypothetical protein
ORF02077 hypothetical protein
ORF02078 conserved hypothetical protein
ORF02079 conserved hypothetical protein
ORF02080 conserved hypothetical protein
ORF02081 hypothetical protein
ORF02084 prophage LambdaSa2, bacteriophage replication protein/hypothetical protein, truncation/fusion
ORF02085 hypoth tical prot In
ORF02087 hypothetical protein
ORF02088 conserved hypoth tical protein

Table 11: GBS genes not shared with GAS or pneumococcus

ORFxxxxx Annotation
ORF02089 prophage LambdaSa2, HNH endonuclease family protein
ORF02090 prophage LambdaSa2, antirepressor protein, putative
ORF02091 conserved domain protein
ORF02092 hypothetical protein
ORF02093 hypothetical protein
ORF02094 hypothetical protein
ORF02095 prophage LambdaSa2, repressor protein, putative
ORF02097 hypothetical protein
ORF02098 prophage LambdaSa2, site-specific recombinase, phage integrase family
ORF02100 hypothetical protein
ORF02102 hypothetical protein
ORF02103 microcin immunity protein MccF, putative
ORF02105 oxidoreductase, Gfo/Idh/MocA family
ORF02108 hypothetical protein
ORF02109 Cyclic nucleotide-binding domain protein
ORF02119 hypothetical protein
ORF02124 hypothetical protein
ORF02125 nitroreductase family protein
ORF02134 bacteriocin transport accessory protein, putative
ORF02148 neuraminidase-related protein
ORF02160 2',3'-cyclic-nucleotide 2'-phosphodiesterase (cpdB)
ORF02163 conserved hypothetical protein
ORF02171 membrane protein, putative
ORF02172 hypothetical protein
ORF02173 membrane protein, putative
ORF02175 conserved hypothetical protein, truncation
ORF02181 phosphate transport system regulatory protein PhoU, putative
ORF02187 hypothetical protein
ORF02190 conserved hypothetical protein
ORF02191 hypothetical protein
ORF02194 acetyltransferase, GNAT family
ORF02196 hypothetical protein
ORF02198 acetyltransferase, GNAT family
ORF02201 membrane protein, putative
ORF02203 hypothetical protein
ORF02205 transcriptional regulator, Cro/C1 family
ORF02206 conserved hypothetical protein
ORF02207 conserved hypothetical protein TIGR00730
ORF02208 hypothetical protein
ORF02209 site-specific recombinase, phage integrase family
ORF02210 conserved hypothetical protein
ORF02211 conserved hypothetical protein
ORF02212 hypothetical protein
ORF02213 hypothetical protein
ORF02214 transcriptional regulator, Cro/C1 family
ORF02215 expressed protein of unknown function
ORF02216 site-specific recombinase, phage integrase family
ORF02217 conserved hypothetical protein
ORF02219 hypothetical protein
ORF02221 cell wall anchor protein-related protein
ORF02223 hypothetical protein
ORF02224 hypothetical protein
ORF02225 hypothetical protein
ORF02226 membrane protein, putative
ORF02227 conjugal transfer protein, interruption-C

Tabl 11: GBS g nes not shared with GAS or pn um coccus

ORFxxxxx Annotation
ORF02230 cons rved hypothetical protein
ORF02231 conserved hypothetical protein
ORF02232 conserved hypothetical protein
ORF02235 hypothetical protein
ORF02236 conserved hypothetical protein
ORF02237 hypothetical protein
ORF02238 hypothetical protein
ORF02239 hypothetical protein
ORF02240 transcriptional regulator, Cro/Ci family
ORF02241 hypothetical protein
ORF02242 transcriptional regulator, Cro/Ci family
ORF02243 FtsK/SpoIIIE family protein
ORF02244 hypothetical protein
ORF02245 hypothetical protein
ORF02246 cell wall surface anchor family protein
ORF02247 transposase, ISL3 family
ORF02250 mercuric resistance operon regulatory protein MerR (merR)
ORF02251 Mn2+/Fe2+ transporter, NRAMP family
ORF02252 membrane protein, putative
ORF02253 ABC transporter, ATP-binding protein
ORF02254 conserved hypothetical protein
ORF02255 streptomycin resistance protein
ORF02257 hypothetical protein
ORF02258 hypothetical protein
ORF02259 conserved hypothetical protein
ORF02260 acetyltransferase, GNAT family
ORF02261 membrane protein, putative
ORF02263 hypothetical protein
ORF02264 transcriptional regulator, Cro/Ci family
ORF02265 PAP2 family protein
ORF02266 conserved hypothetical protein FRAMESHIFT
ORF02267 conserved hypothetical protein TIGR00730
ORF02268 protease, putative
ORF02269 rhodanese family protein
ORF02271 hypothetical protein
ORF02274 conserved hypothetical protein
ORF02275 5-methyltetrahydrofolate-homocysteine methyltransferase, putative
ORF02277 conserved hypothetical protein
ORF02279 hypothetical protein
ORF02282 sensor histidine kinase
ORF02283 chromosome assembly-related protein
ORF02287 expressed protein of unknown function
ORF02291 pathogenicity protein, putative
ORF02308 hydrolase, haloacid dehalogenase-like family
ORF02314 conserved hypothetical protein
ORF02317 hypothetical protein
ORF02330 hypothetical protein
ORF02344 site-specific recombinase, phage integrase family
ORF02345 conserved hypothetical protein
ORF02346 conserved hypothetical protein
ORF02347 hypothetical protein
ORF02349 conserved hypothetical protein
ORF02350 hypothetical protein
ORF02351 transcriptional regulator, Cro/Ci family
ORF02352 conserved domain protein

**Table 11: GBS genes not shared with GAS or pneumococcus**

ORFxxxxx Annotation
ORF02354 hypothetical protein
ORF02356 expressed putative secreted protein
ORF02362 sensor histidine kinase
ORF02363 response regulator
ORF02367 membrane protein, putative
ORF02368 conserved hypothetical protein
ORF02379 membrane protein, putative
ORF02395 transcriptional regulator, Cro/C1 family
ORF02406 membrane protein, putative
ORF02416 diacylglycerol kinase catalytic domain protein, putative
ORF02418 hypothetical protein
ORF02422 hypothetical protein
ORF02425 conserved hypothetical protein
ORF03001 conserved hypothetical protein
ORF03004 conserved hypothetical protein
ORF03005 cylX protein
ORF03006 Tn916, hypothetical protein
ORF03007 Tn916, hypothetical protein
ORF03008 Tn916, hypothetical protein
ORF03009 Tn916, tetM leader peptide
ORF03010 Tn916, hypothetical protein
ORF03012 prophage LambdaSa2, HNH endonuclease family protein
ORF03013 conserved hypothetical protein
ORF03015 conjugal transfer protein, Interruption-N

**Tabl 12: GBS ORF's not shared with GAS, pneumococcus or any publish d genom**

**ORFxxxx Annotati n**

ORF00035 membrane protein, putative
ORF00087 lipoprotein, putative
ORF00088 hypothetical protein
ORF00089 hypothetical protein
ORF00123 hypothetical protein
ORF00138 hypothetical protein
ORF00187 hypothetical protein
ORF00188 hypothetical protein
ORF00192 hypothetical protein
ORF00205 hypothetical protein
ORF00228 lipoprotein, putative
ORF00234 hypothetical protein
ORF00235 hypothetical protein
ORF00238 hypothetical protein
ORF00240 transcriptional regulator, Cro/Ci family
ORF00241 hypothetical protein
ORF00242 conserved hypothetical protein
ORF00243 hypothetical protein
ORF00247 hypothetical protein
ORF00249 hypothetical protein
ORF00253 hypothetical protein
ORF00254 hypothetical protein
ORF00255 hypothetical protein
ORF00256 hypothetical protein
ORF00257 hypothetical protein
ORF00258 hypothetical protein
ORF00259 hypothetical protein
ORF00260 hypothetical protein
ORF00272 expressed putative lipoprotein
ORF00273 hypothetical protein
ORF00274 hypothetical protein
ORF00275 hypothetical protein
ORF00276 hypothetical protein
ORF00278 membrane protein, putative
ORF00285 lipoprotein, putative
ORF00292 hypothetical protein
ORF00294 expressed protein of unknown function
ORF00308 conserved hypothetical protein
ORF00332 hypothetical protein
ORF00340 hypothetical protein
ORF00384 hypothetical protein
ORF00402 membrane protein, putative
ORF00408 hypothetical protein
ORF00416 hypothetical protein
ORF00417 hypothetical protein
ORF00448 hypothetical protein
ORF00476 hypothetical protein
ORF00489 DNA-damage-inducible protein J, putative
ORF00490 hypothetical protein
ORF00491 lipoprotein, putative
ORF00497 conserved domain protein
ORF00510 bacteriocin transport accessory protein, putative
ORF00512 hypothetical protein
ORF00527 hypothetical protein
ORF00556 hypothetical protein

**Tabl 12: GBS ORF's n t shared with GAS, pneumoc ccus or any publish d genom**

**ORFxxxxx Annotati n**

ORF00575 hypothetical protein
ORF00599 hypothetical prot in
ORF00618 hypothetical protein
ORF00620 hypothetical protein
ORF00623 hypothetical protein
ORF00626 prophage LambdaSa1, transcriptional regulator, Cro/C1 family
ORF00628 hypothetical protein
ORF00630 hypothetical protein
ORF00632 hypothetical protein
ORF00635 hypothetical protein
ORF00636 hypothetical protein
ORF00637 hypothetical protein
ORF00642 conserved hypothetical protein
ORF00644 hypothetical protein
ORF00645 hypothetical protein
ORF00647 hypothetical protein
ORF00649 hypothetical protein
ORF00650 hypothetical protein
ORF00653 conserved hypothetical protein
ORF00657 conserved hypothetical protein, truncation
ORF00661 conserved hypothetical protein
ORF00673 hypothetical protein
ORF00674 hypothetical protein
ORF00675 conserved hypothetical protein
ORF00676 conserved hypothetical protein
ORF00682 hypothetical protein
ORF00685 conserved hypothetical protein
ORF00698 hypothetical protein
ORF00712 hypothetical protein
ORF00718 cell wall surface protein, interruption-N
ORF00723 hypothetical protein
ORF00735 expressed protein of unknown function
ORF00737 conserved hypothetical protein, degenerate
ORF00738 hypothetical protein
ORF00740 hypothetical protein
ORF00741 hypothetical protein
ORF00747 cylD protein (cylD)
ORF00753 cylE protein (cylE)
ORF00756 cylJ protein (cylJ)
ORF00757 cylK protein (cylK)
ORF00758 hypothetical protein
ORF00759 putative secreted protein
ORF00761 hypothetical protein
ORF00796 hydrolase, haloacid dehalogenase-like family
ORF00806 conserved hypothetical protein
ORF00822 ABC transporter, ATP-binding protein
ORF00827 hypothetical protein
ORF00872 cell wall surface anchor family protein
ORF00909 hypothetical protein
ORF00923 hypothetical protein
ORF00924 conserved hypothetical protein
ORF00942 expressed putative secreted protein
ORF00943 hypothetical protein
ORF00944 hypothetical protein
ORF01013 hypothetical protein



**Tabl 12: GBS ORF's not shared with GAS, pneumococcus or any published genome**

**ORFxxxxx Annotati n**

ORF01014 hypothetical protein
ORF01015 hypoth tical protein
ORF01016 hypothetical protein
ORF01018 hypothetical protein
ORF01019 hypothetical protein
ORF01021 hypothetical protein
ORF01035 Tn916, excisionase
ORF01062 hypothetical protein
ORF01096 nisin-resistance protein, putative
ORF01145 lipoprotein, putative
ORF01146 conserved hypothetical protein, FRAMESHIFT
ORF01148 lipoprotein, putative
ORF01149 hypothetical protein
ORF01150 hypothetical protein
ORF01151 hypothetical protein
ORF01152 lipoprotein, putative
ORF01153 hypothetical protein
ORF01158 hypothetical protein
ORF01159 hypothetical protein
ORF01161 expressed conserved domain protein
ORF01162 conserved hypothetical protein
ORF01166 hypothetical protein
ORF01168 conserved hypothetical protein
ORF01169 hypothetical protein
ORF01174 conserved domain protein
ORF01175 hypothetical protein
ORF01186 cell wall surface anchor family protein, putative
ORF01187 hypothetical protein
ORF01204 hypothetical protein
ORF01215 hypothetical protein
ORF01258 hypothetical protein
ORF01262 conserved hypothetical protein, FRAMESHIFT
ORF01263 hypothetical protein
ORF01265 hypothetical protein
ORF01266 hypothetical protein
ORF01304 polysaccharide biosynthesis protein CpsK(V) (cpsK)
ORF01308 polysaccharide biosynthesis protein CpsM(V) (cpsM)
ORF01309 polysaccharide biosynthesis protein cpsH(V) (cpsH)
ORF01349 hypothetical protein
ORF01384 hypothetical protein
ORF01385 hypothetical protein
ORF01386 conserved hypothetical protein
ORF01392 hypothetical protein
ORF01395 conserved hypothetical protein
ORF01409 conserved hypothetical protein
ORF01410 hypothetical protein
ORF01417 hypothetical protein
ORF01418 hypothetical protein
ORF01420 hypothetical protein
ORF01423 conserved hypothetical protein
ORF01424 conserved hypothetical protein
ORF01425 conserved hypothetical protein
ORF01426 cons rved hyp th tical protein
ORF01427 hypothetical protein
ORF01431 hypothetical pr tein

**Tabl 12: GBS ORF's not shared with GAS, pneumococcus or any publish d genom**

**ORFxxxxx Annotation**

ORF01432 conserved domain protein
ORF01434 hypothetical protein
ORF01435 calcium-binding protein, putative
ORF01437 abortive infection protein AbiGI (abiGI)
ORF01438 abortive infection protein AbiGII (abiGII)
ORF01441 conserved hypothetical protein, degenerate
ORF01443 hypothetical protein
ORF01445 hypothetical protein
ORF01452 hypothetical protein
ORF01459 hypothetical protein
ORF01463 hypothetical protein
ORF01464 hypothetical protein
ORF01465 hypothetical protein
ORF01486 hypothetical protein
ORF01488 R5 protein
ORF01575 membrane protein, putative
ORF01581 lipoprotein, putative
ORF01601 hypothetical protein
ORF01611 hypothetical protein
ORF01638 conserved hypothetical protein
ORF01645 cell wall surface anchor family protein
ORF01660 membrane protein, putative
ORF01666 hypothetical protein
ORF01667 hypothetical protein
ORF01670 hypothetical protein
ORF01673 hypothetical protein
ORF01674 hypothetical protein
ORF01675 hypothetical protein
ORF01681 hypothetical protein
ORF01682 hypothetical protein
ORF01684 hypothetical protein
ORF01719 hypothetical protein
ORF01733 hypothetical protein
ORF01735 hypothetical protein
ORF01736 hypothetical protein
ORF01737 hypothetical protein
ORF01742 hypothetical protein
ORF01754 hypothetical protein
ORF01761 transposase, IS30 family, putative, truncation
ORF01807 hypothetical protein
ORF01836 hypothetical protein
ORF01838 hypothetical protein
ORF01842 hypothetical protein
ORF01850 hypothetical protein
ORF01892 hypothetical protein
ORF01893 hypothetical protein
ORF01895 hypothetical protein
ORF01896 hypothetical protein
ORF01897 hypothetical protein
ORF01898 hypothetical protein
ORF01899 hypothetical protein
ORF01905 hypothetical protein
ORF01934 hypothetical protein
ORF01943 hypothetical protein
ORF01944 hypothetical protein

**Tabl 12: GBS ORF's not shared with GAS, pneumococcus or any published genome**

**ORFxxxxx Annotation**

ORF01953 hypothetical protein
ORF01984 hypothetical protein
ORF01988 hypothetical protein
ORF01989 hypothetical protein
ORF02005 hypothetical protein
ORF02011 hypothetical protein
ORF02016 hypothetical protein
ORF02025 hypothetical protein
ORF02026 hypothetical protein
ORF02045 conserved hypothetical protein
ORF02047 prophage LambdaSa2, holin, putative
ORF02048 conserved hypothetical protein
ORF02049 hypothetical protein
ORF02050 conserved domain protein
ORF02053 conserved hypothetical protein
ORF02057 hypothetical protein
ORF02058 hypothetical protein
ORF02061 hypothetical protein
ORF02062 hypothetical protein
ORF02063 conserved domain protein
ORF02067 conserved hypothetical protein
ORF02069 hypothetical protein
ORF02070 hypothetical protein
ORF02072 conserved hypothetical protein
ORF02073 prophage LambdaSa2, transcriptional regulator, Cro/Ci family
ORF02075 hypothetical protein
ORF02077 hypothetical protein
ORF02078 conserved hypothetical protein
ORF02081 hypothetical protein
ORF02085 hypothetical protein
ORF02087 hypothetical protein
ORF02088 conserved hypothetical protein
ORF02091 conserved domain protein
ORF02092 hypothetical protein
ORF02093 hypothetical protein
ORF02094 hypothetical protein
ORF02097 hypothetical protein
ORF02100 hypothetical protein
ORF02102 hypothetical protein
ORF02108 hypothetical protein
ORF02119 hypothetical protein
ORF02124 hypothetical protein
ORF02171 membrane protein, putative
ORF02172 hypothetical protein
ORF02173 membrane protein, putative
ORF02191 hypothetical protein
ORF02196 hypothetical protein
ORF02203 hypothetical protein
ORF02208 hypothetical protein
ORF02212 hypothetical protein
ORF02213 hypothetical protein
ORF02214 transcriptional regulator, Cro/Ci family
ORF02215 expressed protein of unknown function
ORF02217 conserved hypothetical protein
ORF02219 hypothetical protein

**Table 12: GBS ORF's not shared with GAS, pneumococcus or any published genome**

**ORFxxxxx Annotation**

ORF02221 cell wall anchor protein-related protein
ORF02223 hypothetical protein
ORF02224 hypothetical protein
ORF02225 hypothetical protein
ORF02231 conserved hypothetical protein
ORF02235 hypothetical protein
ORF02236 conserved hypothetical protein
ORF02237 hypothetical protein
ORF02238 hypothetical protein
ORF02239 hypothetical protein
ORF02241 hypothetical protein
ORF02244 hypothetical protein
ORF02245 hypothetical protein
ORF02263 hypothetical protein
ORF02268 protease, putative
ORF02271 hypothetical protein
ORF02279 hypothetical protein
ORF02283 chromosome assembly-related protein
ORF02317 hypothetical protein
ORF02330 hypothetical protein
ORF02344 site-specific recombinase, phage integrase family
ORF02345 conserved hypothetical protein
ORF02347 hypothetical protein
ORF02349 conserved hypothetical protein
ORF02350 hypothetical protein
ORF02351 transcriptional regulator, Cro/C1 family
ORF02354 hypothetical protein
ORF02356 expressed putative secreted protein
ORF02395 transcriptional regulator, Cro/C1 family
ORF02418 hypothetical protein
ORF02422 hypothetical protein
ORF02425 conserved hypothetical protein
ORF03004 conserved hypothetical protein
ORF03005 cylX protein
ORF03006 Tn916, hypothetical protein
ORF03007 Tn916, hypothetical protein
ORF03008 Tn916, hypothetical protein
ORF03009 Tn916, tetM leader peptide
ORF03010 Tn916, hypothetical protein
ORF03015 conjugal transfer protein, interruption-N

Table 13: Comparative Sequences relating to SAG0466 (thiolase)

## SEQ ID NO. 1301: SAG0466 FROM THE 2603V/R GBS STRAIN

CTCCTGCCCTGCAATGGCAGTTAGACCCATAGGTTTATTTTATATTTTATGCCTGCATAAGATGAAGGATATTAATA  
 ATTCCCTGAGCAGGCATAAGGGTGTCCGTAAGCTAATGTCCCTCCAAAAATATGAATTTTTCTCTCTCTCAGGATAATA  
 ATGATTAATAGAGCATCAATCGCTGCAAAATGGTTCATTCCATTCAATTGCATCATAATCCGATATTTTAGTAGTGGTTT  
 CTGTTAATAGTTTTTCCGTAGCCGTGTGAACCAATTCTGGACTAAGCTTGGGATCTCCTGCTACTTCTACAATGTGAACA  
 ATCCGGAATTCTGTTTTCTGACTCTGAAGCGTTAGAAATGCAGCAGCATCGTGCATTAAACAAACATTTCCAATAGTGAG  
 CAAAGGTGAATTTTCCATCAATCTTGGTAATTTTGAAAAAATGTTCTTTTaGTTTTCTAACGCCCTTGATCTCGCATCC  
 CTTCCATTGGTAAGATTACyTCTTCTAAATAGCCACCTTGTTTAGCTGTTAAGGCGCGTTTTATGGCTCAAGAATGCCAAT  
 TTATCTAACATTTCTCTTCTAAaCCATATTTTGTACAGACTCTCTGGGCCCCCTTCTAACATTACAGTTTTCAGCATAAGA  
 GTCAGGAGAAAACTGAGCAACTGTATATTCTCCGTACGATTATCTTTTAGCATAACGTCTCATAGGTTGAAGAGAAC  
 TACTTTCAATCCCCCAACAAGAACTTTTCAATTAATACCGTACTGATTTTTAGATAACCAAAAAACAAGGCAGAACTT  
 GATGAAGCACACTGCATATCAATCGTTTGACTCGAATATAGGATTCATAATCAGAAAAAAGAGTCATCAAAACGACCAAT  
 ATTGCCCCCAGTACCAACTGTGTTCACAAATAATACTATCAATGTTAGATTCTGATTCTATTTTTTTTATTGATTTA  
 AAAGGTGTCTCCTAAAGTTCTGGACGGTAAGTTTAAATTGCTT

## SEQ ID NO. 1302: SAG0466 FROM THE M732 GBS TYPE III STRAIN

TCCGTATAAAAGGGAAGCAATTTAAACATTACCGTCCAGAACTTTAGGAGCACACCTCTTAAATCAAATAAAAAAATA  
 GAATCAGAACTCAATATTGATAGTATTATTTGTGGGAACACAGTTGGTACTGGGGCAATATTGGTTCGTTTGATGACTCT  
 TTTTTCTGATTATGAATCCTATATTCCAGTACAAACGATTGATATGCAGTGTGCTTCATCAAGTTCTGCCTTGTTTTTTG  
 GTTATCTAAAAATCAGTGCCGGTATTAATGAAAAAGTTCTTGTGGGGGATTGAAAGTAGTTCTCTTCAACCTATGAGA  
 CGTTACGCTAAAGAAGATAATCGTAACGGAGAATATACCGTTGCTCAGTTTTCTCCTGACTCTTATGCTGAAACTGTAAT  
 GTTAGAAGGGGCACAAAGAGTCTGTCAAAAATATGGTTTTAGAAAGAAATGTTAGATAAATTGGCATTCTTGAGCCATA  
 AACCGCCCTTAAACAGCTAAACAAGGTGGCTATTTAGAAAGAGGTAATCTTACCAATGGAAGGGATGCGAGATCAAGGCGTT  
 AGAAAACTAAAGAAGCATTTTTTCAAAAATTACCAAGATTGATGGAAATTCACCTTTGCTCACTATTGGAAATGTTTG  
 TTTAATGCACGATGCTCTGCATTCTAACCGTTCCAGAGTCAGAAACAGAAATCCGGATTGTTACATTGTAGAAGTAG  
 CAGGAGATCCCAAGCTTAGTCCAGAAATGGTTACACGGCTACGGAAAACTATTAACAGAAACTCATACTAAAAATATCG  
 GATTATGATGAATTGAATGGAATGAACCAATTGACGGCTTAGTGCTTTATTTAATCATTATTATCTGAAGAGAGAGA  
 AAAATTCAATATTTTTGGAGGGGCATTAGCTTACGGACACCCTTATGCCTGCTCAGGAATTA

## SEQ ID NO. 1303: SAG0466 FROM THE 090 GBS TYPE Ia STRAIN

TTGTGGGAACACAGTTGGTACTGGGGCAATATTGGTTCGTTTGATGACTCTTTTTTCTGATTATGAATCCTATATTCCAG  
 TACAAACGATTGATATGCAGTGTGCTTCATCAAGTTCTGCCTTGTTTTTTGGTTATCTAAAAATCAGTGCCGGTATTAAT  
 GAAAAAGTTCTTGTGGGGGATTGAAAGTAGTTCTCTTCAACCTATGAGACGTTACGCTAAAGAAGATAATCGTAACGG  
 AGAATATACCGTTGCTCAGTTTTTCTCCTGACTCTTAKGCTGAAACTGTAATGTAGAAAGGGGCACAAAGAGTCTGTCAA  
 AATATGGTTTTAGAAGAGAAATGTTAGATAAATTTGGCATTCTTGAGCCATAAACCGCCCTTAAACAGCTAAACAAGGTGGC  
 TATTTAGAAAGAGGTAATCTTACCAATGGAAGGGATGCGAGATCAAGGCGTTAGAAACTAAAGAAGCATTTTTTCAAAA  
 ATTACCAAGATTGATGGTAAATTTACCTTTGCTCACTATTGGAAATGTTTGTTTAATGCACGATGCTGCTGCTATTCTWA  
 CGCTTCAGAGTCAGAAAAACAGAAATCCGGATTGTTACATTGTAGAAGTAGCAGGAGATCCCAAGCTTAGTCCAGAAATTG  
 GTTACACGGCTACGGAAAACTATTAAACAGAAACTCATACTAAAAATATCGGATTATGATGCAATTGAATGGAATGAACC  
 ATTTGCAGCGATTGATGCTTTATTTAATCATTATTATCTGAGAGAGAGAAAAATTCAATATTTTTGGAGGGGCATTAG  
 CTTACGGACACCCTTATGCCTGCTCAGG

## SEQ ID NO. 1304: SAG0466 FROM THE COH1 GBS TYPE Ia STRAIN

ATCGGTATAAAAGGGAAGCAATTTAAATTTACCGTCCAGAACTTTAGGAGCACACCTCTTAAATCAAATAAAAAAATA  
 GAATCAGAACTCAATATTGATAGTATTATTTGTGGGAACACAGTTGGTACTGGGGCAATATTGGTTCGTTTGATGACTCT  
 TTTTTCTGATTATGAATCCTATATTCCAGTACAAACGATTGATATGCAGTGTGCTTCATCAAGTTCTGCCTTGTTTTTTG  
 GGTATCTAAAAA

## SEQ ID NO. 1305 : SAG0466 FROM THE CJB GBS NONTYPEABLE STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)

TTTCAAAAAATTAACAGATTGATGGAAAAATTCACCTTTGCTCACTATTGGAAATGTTTGTTTAATGCACGATGCTGCTG  
 CATTTCTAACGTTTCAGAGTCAGAAAAACAGAAATCCGGATTGTTTACATTGTAGAAGTAGCAGGAGATCCCAAGCTTAGT  
 CCAGAAATTTGGTTTACACGGCTACGGAAAACTATTAAACAGAAACTCATACTAAAAATATCGGATTATGATGCAATTGAATG  
 GAATGAACCAATTGCAGCGATTGATGCTTTATTTAATCATTATTATCTGAGAGAGAGAAAAATTCAATATTTTTGGAG  
 GGGCATTAGCTTACGGACACCCTTAATGCCTGCTCAGGAATTATTAATATCC

## SEQ ID NO. 1306: SAG0466 FROM THE CJB110 GBS NONTYPEABLE STRAIN

GGTATAAAAGGGAAGCAATTTAAACATTACCGTCCAGAACTTTAGGAGCACACCTCTTAAATCAAATAAAAAAATATA  
 ACCAGAACTCAACATTGATAGTATTATTTGTGGGAACACAGTTGGTACTGGGGCAATATTGGTTCGTTTGATGACTCTTT  
 TTCTGATTATGAATCCTATATTC

Table 13: Comparative Sequences relating to SAG0466 (thiolase)

SEQ ID NO. 1307: SAG0466 FROM THE 1169NT1 GBS TYPE V STRAIN REVERSE COMPLEMENT  
 CAAGATTGATGGAAAATTCACCTTTGCTCACTATTGGAAATGTTTGTAAATGCACGATGCTGCTGCATTTCTAACGCTT  
 CAGAGTCAGAAAACAGAATTCGGGATTGTTTACATTGTAGAAAGTAGCAGGAGATCCCAAGCTTAGTCCAGAATTGGTTTCA  
 CACGGCTACGGAAAACTATTAAACAGAACTCATACTAAAATATCGGATTATGATGCAATTGAATGGAATGAACCATTTG  
 CAGCGATTGATGCTTTATTTAATCATTATTATCCTGAAGAGAGAGAAAAATCAATATTTTGGAGGGGCATTAGCTTAC  
 GGACACCCCTTATGCCTGCTCAGGAATTATTAATATCCTTCATCTTATGCAGGCATTAAAATATAAAAAATAAACCTATGGG  
 CCTAACTGCCATTGCAGGGCA

SEQ ID NO. 1308: SAG0466 FROM THE 18RS21 GBS TYPE II STRAIN  
 CCTTAACAGTTAAACAAGGTGGCTATTAGAAGAGGTAATCTTACCAATGGAAGGGATGCGAGATCAAGGCGTTAGAAAA  
 CTAAAAGAAACATTTTTTCAAAAATTAACCAAGATTGATGGAAAATTCACCTTTGCTCACTATTGGAAAATGTTTGTAAAT  
 GCACGATGCTGCTGCAATTTCTAACGCTTCAGAGTCAGAAAACAGAATTCGGGATTGTTTACATTGTAGAAGTAGCAGGAG  
 ATCCCAAGCTTAGTCCAGAATTGGTTTACACGGCTACGGAAAACTATTAAACAGAACTCATACTAAAATATCGGATTAT  
 GATGCAATTGAATGGAATGAACCATTTGCAGCGATTGATGCTCTATTTAATCATTATTATCCTGAAGAGAGAGAAAAAT  
 CAATATTTTGGAGGGACATTAGCTTACGGACACCCCTTATGCTGCTCAGGAATTATTAATATCCTTCATCTTATGCAGG  
 CATTAAAATATAAAAAATAAACCTATGGGTCTAACTGCCATTGCAGGGGCA

SEQ ID NO. 1309: SAG0466 FROM THE 18RS21 GBS TYPE II STRAIN  
 TCGGTATAAAAGGAAGCAATTTAAACATTACCGTCCAGAACTTTTAGGAGCACACCTTTTAAATCAAATAAAAAAATA  
 GAATCAGAACTAAACATTGATAGTATTATTTGTGGGAACACAGTTGGTACTGGGGGCAATATTGGTCGTTTGATGACTCT  
 TTTTCTGATTATGAATCCTATATTCAGTACAAACGATTGATATGCAGTGTGCTTCATCAAGTTCTGCCTTGTTTTTG  
 GTTATCTAAAATCAGTACCGGTATTAATGAAAAAGTTCTTGTGGGGGATTGAAAGTAGTTCTCTTCAACCTATGAGA  
 CGTTATGCTAAAGAGATAATCGTAACGGAGAATATACAGTTGCTCAGTTTTCTCCTGACTCTTATGCTGAAACGTAAAT  
 GTTAGAAGGGGCCAGAGAGTCTGTCAAAAATATGGTTTTAGAAGAGAAATGTTAGATAAATTGGCATTCTTGAGCCATA  
 AACGCGCCTTAACAGCTAAACA

SEQ ID NO. 1310: SAG0466 FROM THE H36b GBS TYPE Ib STRAIN  
 TTTGGGCTACGAACACCTATCGGTATAAAAGGAAGCAATTTAAACATTACCGTCCAGAACTTTTAGGAGCACACCTTTT  
 AAATCAAATAAAAAAATAGAATCAGAATCTAACATTGATAGTATTATTTGTGGGAACACAGTTGGTACTGGGGGCAATA  
 TTGGTCGTTTGTGACTCTTTTTCTGATTATGAATCCTATATTCAGTACAAACGATTGATATGCAGTGTGCTTCATCA  
 AGTTCTGCCTTGTTTTTTGGTTATCTAAAATCAGTACCGGTATTAATGAAAAAGTTCTTGTGGGGGATTGAAAGTAG  
 TTCTCTTCAACCTATGAGACGTTATGCTAAAGAGATAATCGTAACGGAGAATATACAGTTGCTCAGTTTCTCCTGACT  
 CTTATGCTGAACTGTAATGTTAGAAGGGGCC

SEQ ID NO. 1311: SAG0466 FROM THE H36b GBS TYPE Ib STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)  
 GAAAATTCACCTTTGCTCACTATTGGAAATGTTTGTAAATGCACGATGCTGCTGCATTTCTAACGCTTCAGAGTCAGAA  
 AACAGAATTCGGGATTGTTTACATTGTAGAAGTAGCAGGAGATCCCAAGCTTAGTCCAGAATTGGTTTACACGGCTACGG  
 AAAAATCTTAACAGAACTCATACTAAAATATCGGATTATGATGCAATTGAATGGAATGAACCATTTGCAGCGATTGAT  
 GCTCTATTTAATCATTATTATCCTGAAGAGAGAGAAAAATCAATATTTTGGAGGGACATTAGCTTACGGACACCCCTTA  
 TGCCTGCTCAGGAATTATTAATATCCTTCATCTTATGCAGGCATTAAAATATAAAAAATAAACCTATGGGTCTAACTGCCA  
 TTGCAGGGGCGAGGA

SEQ ID NO. 1312: SAG0466 FROM THE M781 GBS TYPE III STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)  
 CCTTTGCTCACTATTGGAAATGTTTGTAAATGCACGATGCTGCTGCATTTCTAACGCTTCAGAGTCAGAAAACAGAATT  
 CCGGATTGTTTACATTGTAGAAGTAGCAGGAGATCCCAAGCTTAGTCCAGAATTGGTTTACACGGCTACGGAAAACTAT  
 TAACAGAACTCATACTAAAATATCGGATTATGATGCAATTGAATGGAATGAACCATTTGCAGCGATTGATGCTTTATTT  
 AATCATTATTATCCTGAAGAGAGAGAAAAATCAATATTTTGGAGGGGCATTAGCTTACGGACACCCCTTATGCCTGCTC  
 AGGAATTATTAATATCCTTCATCTTATGCAGGCATTAAAATATAAAAAATAAACCTATGGGTCTAACTGCA

SEQ ID NO. 1313: SAG0466 FROM THE M781 GBS TYPE III STRAIN  
 GCAATTTAAACATTACCGTCCAGAACTTTTAGGAGCACACCTCTTAAATCAAATAAAAAAATAGAATCAGAATCTAATA  
 TTGATAGTATTATTTGTGGGAACACAGTTGGTACTGGGGGCAATATTGGTCGTTTGTGACTCTTTTTCTGATTATGAA  
 TCCTATATTCAGTACAAACGATTGATATGCAGTGTGCTTCATCAAGTTCTGCCTTGTTTTTGGTTATCTAAAAATCAG  
 TGCCGGTATTAATGAAAAAGTTCTTGTGGGGGATTGAAAGTAGTTCTCTTCAACCTATGAGACGTTACGCTAAAGAAG  
 ATAATCGTAACGGAGAATATACCGTTGCTCAGTTTTCTCCTGACTCTTATGCTGAACTGTAATGTTAGA

SEQ ID NO 1314: SAG0466 FROM THE A909 GBS TYPE Ia STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)  
 CCTTTGCTCACTATTGGAAATGTTTGTAAATGCACGATGCTGCTGCATTTCTAACGCTTCAGAGTCAGAAAACAGAATT  
 CCGGATTGTTTACATTGTAGAAGTAGCAGGAGATCCCAAGCTTAGTCCAGAATTGGTTTACACGGCTACGGAAAACTAT  
 TAACAGAACTCATACTAAAATATCGGATTATGATGCAATTGAATGGAATGAACCATTTGCAGCGATTGATGCTTTATTT  
 AATCATTATTATCCTGAAGAGAGAGAAAAATCAATATTTTGGAGGGACATTAGCTTACGGACACCCCTTATGCCTGCTC  
 AGGAATTATTAATATCCTTCATCTTATGCAGGCATTAAAATATAAAAAATAAACCTATGGGTCTAACTGCCATTGCAGGGG  
 C

Table 13: Comparative Sequences relating to SAG0466 (thiolase)

SEQ ID NO. 1315: SAG0466 FROM THE JM9130013 GBS TYPE VIII STRAIN REVERSE COMPLEMENT

GCTCACTATTGGAAATGTTTGTTAATGCACGATGCTGCTGCATTCTAACGCTTCAGAGTCAGAAAACAGAATTCGGGA  
TTGTTACATTGTAGAAGTAGCAGGAGATCCCAAGCTTAGTCCAGAATTGGTTACACACGGCTACGGAAAACTATTAACA  
GAAACTCATACTAAATATCGGATTATGATGCAATTGAATGGAATGAACCATTTGCAGCGATTGATGCTCTATTTAATCA  
TTATTATCCTGAAGAGAGAGAAAAATTCAATATTTTGGAGGGGCATTAGCTTACGGACACCTTATGCCTGCTCAGGAA  
TTATTATATCCTTCATCTTATGCAGGCATTAAATATAAAAAATAAACCTATGGGTCTAACTGCCATTGCAGGGGCAGGA

SEQ ID NO. 1316: SAG0466 FROM THE JM9130013 GBS TYPE VIII STRAIN

TTTGGGCTACGAACACCTATCGGTATAAAAGGGAAGCAATTTAAACATTACCGTCCAGAACTTTAGGAGCACACCTTTT  
AAATCAATAAAAAAATAGAAATCAGAATCTAACATTGATAGTATTATTTGTGGGAACACAGTTGGTACTGGGGGCAATA  
TTGGTCGTTTGATGACTCTTTTTCTGATTATGAATCCTATATTCCAGTACAAACGATTGATATGCAGTGTGCTTCATCA  
AGTTCTGCCTTGTTTTGGTTATCTAAAAATCAGTACCGGTATTAATGAAAAAGTTCTTGTGGGGGATTGAAAGTAG  
TTCTCTCAACCTATGAGACGTTATGCTAAAGAAGATAATCGTAACGGAGAATATA

SEQ1301	-----CTCCTGCCCCCTGCAATGGCAGTTAGACCCATAGGTTTATTTTATATTTTA
SEQ1302	-----
SEQ1303	-----
SEQ1304	-----
SEQ1305	-----
SEQ1306	-----
SEQ1307	-----
SEQ1308	CTTAACAGTTAAACAAGGTGGCTATTTAGAAGAGGTAATCTTACCAATGGAAGGGATGC
SEQ1309	-----
SEQ1310	-----
SEQ1311	-----
SEQ1312	-----
SEQ1313	-----
SEQ1314	-----
SEQ1315	-----
SEQ1316	-----
SEQ1301	TGCCTGCATAAGATGAAGGATATTAATAATTCCTGAGCAGGCATAAGGGTGTCCGTAAG
SEQ1302	-----TCGGTATAAA
SEQ1303	-----
SEQ1304	-----ATCGGTATAAA
SEQ1305	-----TTTTCAAAAATTACCAAGATTGATGG
SEQ1306	-----GGTATAAA
SEQ1307	-----CAAGATTGATGG
SEQ1308	AGATCAAGGCGTTAGAAAACTAAAGAAACATTTTTCAAAAATTACCAAGATTGATGG
SEQ1309	-----TCGGTATAAA
SEQ1310	-----TTTGGGCTACGAACACCTATCGGTATAAA
SEQ1311	-----G
SEQ1312	-----
SEQ1313	-----
SEQ1314	-----
SEQ1315	-----
SEQ1316	-----TTTGGGCTACGAACACCTATCGGTATAAA

SEQ1301	TAATGTCCCTCCAAA-AATATTGAATTTTCTCTCTC-TTCAGGATAATAATGATTAAA
SEQ1302	GGGAAGCAATTTAAACATTACCGTCCAGAACCTTTTAGGAGCACACCTCTTAAATCAAAT
SEQ1303	-----
SEQ1304	GGGAAGCAATTTAAA-ATTACCGTCCAGAACCTTTTAGGAGCACACCTCTTAAATCAAAT
SEQ1305	AAATTCACCTTTGCTCACTATTGGAATGTTTGTTTAATGCACGATGCTGCTGCATTTC
SEQ1306	GGGAAGCAATTTAAACATTACCGTCCAGAACCTTTTAGGAGCACACCTCTTAAATCAAAT
SEQ1307	AAATTCACCTTTGCTCACTATTGGAATGTTTGTTTAATGCACGATGCTGCTGCATTTC
SEQ1308	AAATTCACCTTTGCTCACTATTGGAATGTTTGTTTAATGCACGATGCTGCTGCATTTC
SEQ1309	GGGAAGCAATTTAAACATTACCGTCCAGAACCTTTTAGGAGCACACCTTTTAAATCAAAT
SEQ1310	GGGAAGCAATTTAAACATTACCGTCCAGAACCTTTTAGGAGCACACCTTTTAAATCAAAT
SEQ1311	AAATTCACCTTTGCTCACTATTGGAATGTTTGTTTAATGCACGATGCTGCTGCATTTC
SEQ1312	-----CCTTTGCTCACTATTGGAATGTTTGTTTAATGCACGATGCTGCTGCATTTC
SEQ1313	-----GCAATTTAAACATTACCGTCCAGAACCTTTTAGGAGCACACCTCTTAAATCAAAT
SEQ1314	-----CCTTTGCTCACTATTGGAATGTTTGTTTAATGCACGATGCTGCTGCATTTC
SEQ1315	-----GCTCACTATTGGAATGTTTGTTTAATGCACGATGCTGCTGCATTTC

Table 13: Comparative Sequences relating to SAG0466 (thiolase)

SEQ1316	GGGAAGCAATTTAAACATTACCGTCCAGAACTTTTAGGAGCACACCTTTTAAATCAAAT
SEQ1301	AGAGCATCAATCGCTGCAAATGGTTTCATTCC-ATTCAATTGCATCATAATCCGATATTT
SEQ1302	AAAAAATAGAAATCAGAATCTAAT--ATT--GATAGTATTATTTGTGGGAACA-CAGT
SEQ1303	-----TTGTGGGAACA-CAGT
SEQ1304	AAAAAATAGAAATCAGAATCTAAT--ATT--GATAGTATTATTTGTGGGAACA-CAGT
SEQ1305	AACGCTTCAGAGTCAGAAAACAGA--ATTCCGGATTGTTTCACATTGTAGAAGTAGCAGG
SEQ1306	AAAAAATATAACCAGAATCTAAC--ATT--GATAGTATTATTTGTGGGAACA-CAGT
SEQ1307	AACGCTTCAGAGTCAGAAAACAGA--ATTCCGGATTGTTTCACATTGTAGAAGTAGCAGG
SEQ1308	AACGCTTCAGAGTCAGAAAACAGA--ATTCCGGATTGTTTCACATTGTAGAAGTAGCAGG
SEQ1309	AAAAAATAGAAATCAGAATCTAAC--ATT--GATAGTATTATTTGTGGGAACA-CAGT
SEQ1310	AAAAAATAGAAATCAGAATCTAAC--ATT--GATAGTATTATTTGTGGGAACA-CAGT
SEQ1311	AACGCTTCAGAGTCAGAAAACAGA--ATTCCGGATTGTTTCACATTGTAGAAGTAGCAGG
SEQ1312	AACGCTTCAGAGTCAGAAAACAGA--ATTCCGGATTGTTTCACATTGTAGAAGTAGCAGG
SEQ1313	AAAAAATAGAAATCAGAATCTAAT--ATT--GATAGTATTATTTGTGGGAACA-CAGT
SEQ1314	AACGCTTCAGAGTCAGAAAACAGA--ATTCCGGATTGTTTCACATTGTAGAAGTAGCAGG
SEQ1315	AACGCTTCAGAGTCAGAAAACAGA--ATTCCGGATTGTTTCACATTGTAGAAGTAGCAGG
SEQ1316	AAAAAATAGAAATCAGAATCTAAC--ATT--GATAGTATTATTTGTGGGAACA-CAGT
SEQ1301	AGTATGAGTTTCTGTAAATAGTTTTTCCGTAGCCGTGTGAACCAATTCTGGACTAAGCT
SEQ1302	GGTACTGGGGGCAATATTGG-TCGTTTGATGACTCTTTTTTCTGATTATGAATCCTA--
SEQ1303	GGTACTGGGGGCAATATTGG-TCGTTTGATGACTCTTTTTTCTGATTATGAATCCTA--
SEQ1304	GGTACTGGGGGCAATATTGG-TCGTTTGATGACTCTTTTTTCTGATTATGAATCCTA--
SEQ1305	GATCCCAAGCTTAGTCCAGAATTGGTTACACGGCTACGGAAAAACTATTAACAGAAAAC
SEQ1306	GGTACTGGGGGCAATATTGG-TCGTTTGATGACTCTTTTTTCTGATTATGAATCCTA--
SEQ1307	GATCCCAAGCTTAGTCCAGAATTGGTTACACGGCTACGGAAAAACTATTAACAGAAAAC
SEQ1308	GATCCCAAGCTTAGTCCAGAATTGGTTACACGGCTACGGAAAAACTATTAACAGAAAAC
SEQ1309	GGTACTGGGGGCAATATTGG-TCGTTTGATGACTCTTTTTTCTGATTATGAATCCTA--
SEQ1310	GTAATCTGGGGGCAATATTGG-TCGTTTGATGACTCTTTTTTCTGATTATGAATCCTA--
SEQ1311	GATCCCAAGCTTAGTCCAGAATTGGTTACACGGCTACGGAAAAACTATTAACAGAAAAC
SEQ1312	GATCCCAAGCTTAGTCCAGAATTGGTTACACGGCTACGGAAAAACTATTAACAGAAAAC
SEQ1313	GGTACTGGGGGCAATATTGG-TCGTTTGATGACTCTTTTTTCTGATTATGAATCCTA--
SEQ1314	GATCCCAAGCTTAGTCCAGAATTGGTTACACGGCTACGGAAAAACTATTAACAGAAAAC
SEQ1315	GATCCCAAGCTTAGTCCAGAATTGGTTACACGGCTACGGAAAAACTATTAACAGAAAAC
SEQ1316	GGTACTGGGGGCAATATTGG-TCGTTTGATGACTCTTTTTTCTGATTATGAATCCTA--
SEQ1301	GGGATCTCCTGCTACTTCTACAATGTGAACAATCCGGA-ATTCTGTTTTCTGACTCTGA
SEQ1302	TATTCAGTACAAACGATTGATATGCAGTGTGCTTCATCAAGT--TCTGCCTTGTTTTT
SEQ1303	TATTCAGTACAAACGATTGATATGCAGTGTGCTTCATCAAGT--TCTGCCTTGTTTTT
SEQ1304	TATTCAGTACAAACGATTGATATGCAGTGTGCTTCATCAAGT--TCTGCCTTGTTTTT
SEQ1305	CATACTAAAATATCGGATTATGATGCAATTGAATGGAATGAACCATTTGCAGCGATTGA
SEQ1306	TATTC-----
SEQ1307	CATACTAAAATATCGGATTATGATGCAATTGAATGGAATGAACCATTTGCAGCGATTGA
SEQ1308	CATACTAAAATATCGGATTATGATGCAATTGAATGGAATGAACCATTTGCAGCGATTGA
SEQ1309	TATTCAGTACAAACGATTGATATGCAGTGTGCTTCATCAAGT--TCTGCCTTGTTTTT
SEQ1310	TATTCAGTACAAACGATTGATATGCAGTGTGCTTCATCAAGT--TCTGCCTTGTTTTT
SEQ1311	CATACTAAAATATCGGATTATGATGCAATTGAATGGAATGAACCATTTGCAGCGATTGA
SEQ1312	CATACTAAAATATCGGATTATGATGCAATTGAATGGAATGAACCATTTGCAGCGATTGA
SEQ1313	TATTCAGTACAAACGATTGATATGCAGTGTGCTTCATCAAGT--TCTGCCTTGTTTTT
SEQ1314	CATACTAAAATATCGGATTATGATGCAATTGAATGGAATGAACCATTTGCAGCGATTGA
SEQ1315	CATACTAAAATATCGGATTATGATGCAATTGAATGGAATGAACCATTTGCAGCGATTGA
SEQ1316	TATTCAGTACAAACGATTGATATGCAGTGTGCTTCATCAAGT--TCTGCCTTGTTTTT



Table 13: Comparative Sequences relating to SAG0466 (thiolase)

SEQ1301	GGTTAGAAATGCAGCAGCATCGTGCATTAAACAAACATTTTC--CAATAGTGAGCAAAG
SEQ1302	GGT-TATCTAAAAATCAGTG-CCGGTATTAATGAAAAAGTTCTTGTTGGGGGGATTGAA
SEQ1303	GGT-TATCTAAAAATCAGTG-CCGGTATTAATGAAAAAGTTCTTGTTGGGGGGATTGAA
SEQ1304	GGG-TATCTAAAAA-----
SEQ1305	GCTTTATTTAATCATTATTATCCTGAAGAGAGAGAAAAATTCAATATTTTTGGAGGGGC
SEQ1306	-----
SEQ1307	GCTTTATTTAATCATTATTATCCTGAAGAGAGAGAAAAATTCAATATTTTTGGAGGGGC
SEQ1308	GCTCTATTTAATCATTATTATCCTGAAGAGAGAGAAAAATTCAATATTTTTGGAGGGAC
SEQ1309	GGT-TATCTAAAAATCAGTA-CCGGTATTAATGAAAAAGTTCTTGTTGGGGGGATTGAA
SEQ1310	GGT-TATCTAAAAATCAGTA-CCGGTATTAATGAAAAAGTTCTTGTTGGGGGGATTGAA
SEQ1311	GCTCTATTTAATCATTATTATCCTGAAGAGAGAGAAAAATTCAATATTTTTGGAGGGAC
SEQ1312	GCTTTATTTAATCATTATTATCCTGAAGAGAGAGAAAAATTCAATATTTTTGGAGGGGC
SEQ1313	GGT-TATCTAAAAATCAGTG-CCGGTATTAATGAAAAAGTTCTTGTTGGGGGGATTGAA
SEQ1314	GCTCTATTTAATCATTATTATCCTGAAGAGAGAGAAAAATTCAATATTTTTGGAGGGAC
SEQ1315	GCTCTATTTAATCATTATTATCCTGAAGAGAGAGAAAAATTCAATATTTTTGGAGGGGC
SEQ1316	GGT-TATCTAAAAATCAGTA-CCGGTATTAATGAAAAAGTTCTTGTTGGGGGGATTGAA
SEQ1301	TGAATTTTCCATCAATCTTGG--TAATTTTGAAGAAATGTTTCTTTTAGTTTCTAAC
SEQ1302	GTAGTTCTCTTCAACCTATGAGACGTTACGCTAAAGAAGATAATCGTAACGGAGAATAT
SEQ1303	GTAGTTCTCTTCAACCTATGAGACGTTACGCTAAAGAAGATAATCGTAACGGAGAATAT
SEQ1304	-----
SEQ1305	TTAGCTTACGGACACCCCTTAA--TGCCTGCTCAGGAATTATTAATATCC-----
SEQ1306	-----
SEQ1307	TTAGCTTACGGACACCCCTTA--TGCCTGCTCAGGAATTATTAATATCCTTCATCTTAT
SEQ1308	TTAGCTTACGGACACCCCTTA--TGCCTGCTCAGGAATTATTAATATCCTTCATCTTAT
SEQ1309	GTAGTTCTCTTCAACCTATGAGACGTTATGCTAAAGAAGATAATCGTAACGGAGAATAT
SEQ1310	GTAGTTCTCTTCAACCTATGAGACGTTATGCTAAAGAAGATAATCGTAACGGAGAATAT
SEQ1311	TTAGCTTACGGACACCCCTTA--TGCCTGCTCAGGAATTATTAATATCCTTCATCTTAT
SEQ1312	TTAGCTTACGGACACCCCTTA--TGCCTGCTCAGGAATTATTAATATCCTTCATCTTAT
SEQ1313	GTAGTTCTCTTCAACCTATGAGACGTTACGCTAAAGAAGATAATCGTAACGGAGAATAT
SEQ1314	TTAGCTTACGGACACCCCTTA--TGCCTGCTCAGGAATTATTAATATCCTTCATCTTAT
SEQ1315	TTAGCTTACGGACACCCCTTA--TGCCTGCTCAGGAATTATTAATATCCTTCATCTTAT
SEQ1316	GTAGTTCTCTTCAACCTATGAGACGTTATGCTAAAGAAGATAATCGTAACGGAGAATAT
SEQ1301	CCTTGATCTCGCATCCCTTCCATTGGAAGATTACYTCTTCTAAATAGCCACCTTGTTT
SEQ1302	CCGTTGCTCAGTTTCTCCTGACTCTTATGCTG--AAACTGTAATGTTAGAAGGGGCAC
SEQ1303	CCGTTGCTCAGTTTCTCCTGACTCTTAKGCTG--AAACTGTAATGTTAGAAGGGGCAC
SEQ1304	-----
SEQ1305	-----
SEQ1306	-----
SEQ1307	CAGGCATTAAAAATATAAAAAATAAACCTATGGGC-CTAACTGCCATTGCAGGGGCA----
SEQ1308	CAGGCATTAAAAATATAAAAAATAAACCTATGGGT-CTAACTGCCATTGCAGGGGCAG----
SEQ1309	CAGTTGCTCAGTTTCTCCTGACTCTTATGCTG--AAACTGTAATGTTAGAAGGGGCCC
SEQ1310	CAGTTGCTCAGTTTCTCCTGACTCTTATGCTG--AAACTGTAATGTTAGAAGGGGCCC
SEQ1311	CAGGCATTAAAAATATAAAAAATAAACCTATGGGT-CTAACTGCCATTGCAGGGGCAGGA-
SEQ1312	CAGGCATTAAAAATATAAAAAATAAACCTATGGGTTCTAACTGC-----
SEQ1313	CCGTTGCTCAGTTTCTCCTGACTCTTATGCTG--AAACTGTAATGTTAGA-----
SEQ1314	CAGGCATTAAAAATATAAAAAATAAACCTATGGGT-CTAACTGCCATTGCAGGGGC-----
SEQ1315	CAGGCATTAAAAATATAAAAAATAAACCTATGGGT-CTAACTGCCATTGCAGGGGCAGGA-
SEQ1316	TABCMARATVSTNCSRAINGTSAGTHAS-----

Table 13: Comparative Sequences relating to SAG0466 (thiolase)

SEQ1301	GCTGTTAAGGCGCGTTTATGGCTCAAGAATGCCAATTTATCTAACATTTCTCTTCTAAA
SEQ1302	AAGAGTCTGTCAAAAATATGGTTTATAGAAGAGAAATGTTAGATAAATTGGCATTCTTGA
SEQ1303	AAGAGTCTGTCAAAAATATGGTTTATAGAAGAGAAATGTTAGATAAATTGGCATTCTTGA
SEQ1304	-----
SEQ1305	-----
SEQ1306	-----
SEQ1307	-----
SEQ1308	-----
SEQ1309	GAGAGTCTGTCAAAAATATGGTTTATAGAAGAGAAATGTTAGATAAATTGGCATTCTTGA
SEQ1310	-----
SEQ1311	-----
SEQ1312	-----
SEQ1313	-----
SEQ1314	-----
SEQ1315	-----
SEQ1316	-----
SEQ1301	CCATATTTTTGACAGACTCTCTGGGCCCCCTT--CTAACATTACAGTTTCAGCATAAGAG
SEQ1302	CCATAAACGCGCCTTAACAGCTAAACAAGGTGGCTATTTAGAAGAGGTAATCTTACCAA
SEQ1303	CCATAAACGCGCCTTAACAGCTAAACAAGGTGGCTATTTAGAAGAGGTAATCTTACCAA
SEQ1304	-----
SEQ1305	-----
SEQ1306	-----
SEQ1307	-----
SEQ1308	-----
SEQ1309	CCATAAACGCGCCTTAACAGCTAAACA--
SEQ1310	-----
SEQ1311	-----
SEQ1312	-----
SEQ1313	-----
SEQ1314	-----
SEQ1315	-----
SEQ1316	-----
SEQ1301	CAGGAGAAAAGTGAAGCAACTGTATATCTCCGTTACGATTATCTTCTTTAGCATAACGT
SEQ1302	GGAAGGGATGCGAGATCAAGGCGTTAGAAAAGTAAAGAGCATTATTTTCAAAAATTAC
SEQ1303	GGAAGGGATGCGAGATCAAGGCGTTAGAAAAGTAAAGAGCATTATTTTCAAAAATTAC
SEQ1304	-----
SEQ1305	-----
SEQ1306	-----
SEQ1307	-----
SEQ1308	-----
SEQ1309	-----
SEQ1310	-----
SEQ1311	-----
SEQ1312	-----
SEQ1313	-----
SEQ1314	-----
SEQ1315	-----
SEQ1316	-----

Table 13: Comparative Sequences relating to SAG0466 (thiolase)

SEQ1301	TCATAGGTTGAAGAGAACTACTTTCAATCCCCCAACAAGAACTTTTTCATTAATACCG
SEQ1302	AAGATTGATGGAAAATTCACCTTTGCTCACTATTGGAAATGTTGTTTAATGCACGATG
SEQ1303	AAGATTGATGGRAAATTCACCTTTGCTCACTATTGGAAATGTTGTTTAATGCACGATG
SEQ1304	-----
SEQ1305	-----
SEQ1306	-----
SEQ1307	-----
SEQ1308	-----
SEQ1309	-----
SEQ1310	-----
SEQ1311	-----
SEQ1312	-----
SEQ1313	-----
SEQ1314	-----
SEQ1315	-----
SEQ1316	-----
SEQ1301	TACTGATTTTGTAGATAACCAAAAAAC--AAGGCAGAACTTGATGAAGCACACTGCATAT
SEQ1302	TGCTGCATTTCTAACGCTTCAGAGTCAGAAAACAGAATTCGGGATTGTTTACATTGTAG
SEQ1303	TGCTGCATTTCTWACGCTTCAGAGTCAGAAAACAGAATTCGGGATTGTTTACATTGTAG
SEQ1304	-----
SEQ1305	-----
SEQ1306	-----
SEQ1307	-----
SEQ1308	-----
SEQ1309	-----
SEQ1310	-----
SEQ1311	-----
SEQ1312	-----
SEQ1313	-----
SEQ1314	-----
SEQ1315	-----
SEQ1316	-----
SEQ1301	AATCGTTTGTACTGGAATATAGGATTCATAATCAGAAAAAGAGTCATCAAACGACCAA
SEQ1302	AGTAGCAGGAGATCCCAAGCTTAGTCCAGAATTGGTTTACACGGCTACGGAAAACTAT
SEQ1303	AGTAGCAGGAGATCCCAAGCTTAGTCCAGAATTGGTTTACACGGCTACGGAAAACTAT
SEQ1304	-----
SEQ1305	-----
SEQ1306	-----
SEQ1307	-----
SEQ1308	-----
SEQ1309	-----
SEQ1310	-----
SEQ1311	-----
SEQ1312	-----
SEQ1313	-----
SEQ1314	-----
SEQ1315	-----
SEQ1316	-----

Table 13: Comparative Sequences relating to SAG0466 (thiolase)

SEQ1301	ATTGCCCCCAGTACCAACTGTGTTCCCAAAATAATACTATCAATGTTAGATTCTGATT
SEQ1302	AACAGAACTCATACTAAAATATCGGATTATGATGCAATTGAATGGAATGAACCATTTG
SEQ1303	AACAGAACTCATACTAAAATATCGGATTATGATGCAATTGAATGGAATGAACCATTTG
SEQ1304	-----
SEQ1305	-----
SEQ1306	-----
SEQ1307	-----
SEQ1308	-----
SEQ1309	-----
SEQ1310	-----
SEQ1311	-----
SEQ1312	-----
SEQ1313	-----
SEQ1314	-----
SEQ1315	-----
SEQ1316	-----
SEQ1301	TATTTTTTTTATTTGATTAAAAAGGTGTGCTCCTAAAAGTTCTGGACGGTAAGTTTAAA
SEQ1302	AGCGATTGATGCTTTATTTAATCATTATTATCCTGAAGAGAGAGAAAAATTCAATATTT
SEQ1303	AGCGATTGATGCTTTATTTAATCATTATTATCCTGAAGAGAGAGAAAAATTCAATATTT
SEQ1304	-----
SEQ1305	-----
SEQ1306	-----
SEQ1307	-----
SEQ1308	-----
SEQ1309	-----
SEQ1310	-----
SEQ1311	-----
SEQ1312	-----
SEQ1313	-----
SEQ1314	-----
SEQ1315	-----
SEQ1316	-----
SEQ1301	TGCTT-----
SEQ1302	TGGAGGGGCATTAGCTTACGGACACCCCTTATGCCTGCTCAGGAATTA
SEQ1303	TGGAGGGGCATTAGCTTACGGACACCCCTTATGCCTGCTCAGG-----
SEQ1304	-----
SEQ1305	-----
SEQ1306	-----
SEQ1307	-----
SEQ1308	-----
SEQ1309	-----
SEQ1310	-----
SEQ1311	-----
SEQ1312	-----
SEQ1313	-----
SEQ1314	-----
SEQ1315	-----
SEQ1316	-----

Table 14: Comparative Sequences relating to SAG0471 (glucokinase)

## SEQ ID NO. 1401: SAG0471 FROM THE 18RS21 GBS TYPE II STRAIN

TTAAATTTGGTATCTTGACGCTTGAGGGAGAAGTACAAGAAAAATGGGCAATTGAGACCAATACTTTAGAAAACGGAAGACATATCGTT  
TCTGATATCGTTGAATCTCTCAAACATCGTTTGAGCCTCTATGGATTAACAAAAGATGACTTTCTCGGTATCGGTATGGGTTCTCCAGG  
AGCTGTTGATAGAACTAGTAAACAGTAACAGGTGCTTTTAACTAAATTGGGCTGATACTCAAGAAGTAGGTTAGTTATTGAAAAG  
AAGTTGGAATTCATTTTATTGATAACGATGCTAATGTTGAGCACTTGGTGAACGCTGGGTAGGTGCTGGTGCCAAATATCCCGAC  
GTTGTTTTCGTAAACCTCGGAACAGGAGTAGGTGGAGGTGTTATCGCAGATGGTAACCTCATCCATGGTGTGTCAGGAGCAGGTGGAGA  
AATTGGGCATATGATTGTTGATCCAGAAAATGGATTTACGTGCACATGTGGTAACAAAGGCTGCCTTGAGACAGTTGCATCAGCGACAG  
GTGTTGTTAGAGTAGCAGCTCAACTCGCAGAACAAATAGAGGGTTCGCTGCCATTAAAGCAGCGATTGACACCGGTGATCTGTTACA  
AGTAAAGATATTTTATAGCAGCAGAAAGATGGGATAAATTGCTAATCTGTTGTTGAACGTTATCACGTTACCTTGGACTGGCAGC  
AGCTAATATTTCAAATATTTTAAACCTGATTCTGTGTTATTGGTGGCGGTGCTCTCAGCAGCAGGTGAATTTTACGTAGTCGCGTTG  
AGAAATACTTTGTCACATTTGCTTTCCCAAGTTAAAAAGTCAACTAAAATTAAGAT

## SEQ ID NO. 1402: SAG0471 FROM THE 090 GBS TYPE Ia STRAIN

CGTTTCTGATATCGTTGAATCTCTCAAACATCGTTTGAGCCTCTATGGATTAACAAAAGATGACTTTCTCGGTATCGGTATGGGTTCTC  
CAGGAGCTGTTGATAGAACTAGTAAACAGTAACAGGTGCTTTTAACTAAATTGGGCTGATACTCAAGAAGTAGGTTCCGTTATTGAA  
AAAGAAGTTGGAATTCATTTTATTGATAACGATGCTAATGTTGAGCACTTGGTGAACGCTGGGTAGGTGCTGGTGCCAAATATCC  
CGATGTTGTTTTCGTAAACCTCGGAACAGGAGTAGGTGGAGGTGTTATCGCAGATGGTAACCTCATCCATGGTGTGTCAGGAGCAGGTG  
GAGAAATTTGGGCATATGATTGTTGATCCAGAKAATGGATTTACGTGCACATGTGGTAACAAAGGCTGTCTTGAGACAGTTGCATCAGCG  
ACAGGTGTTGTTAGAGTAGCAGCTCAACTCGCAGAACAAATAGAGGTTCGCTGCCATTAAAGCAGCGATTGACACCGGTGATCTGTT  
TACAGTAAGATATTTTATAGCAGCAGAAAGATGGGATAAATTGCTAATCTGTTGTTGAACGTTATCACGTTACCTTGGACTGG  
CAGCAGCTAATATTTCAAATATTTTAAACCTGATTCTGTGTTATTGGTGGCGGTGCTCTCAGCAGCAGGTGAATTTTACGTAGTCGC  
GTTGAGAAATACTTTGTACATTTG

## SEQ ID NO. 1403: SAG0471 FROM THE COH1 GBS TYPE Ia STRAIN

ACAAGAAAAATGGGCAATTGAGACCAATACTTTAGAAAACGGAAGACATATCGTTTCTGATATCGTTGAATCTCTCAAACATCGTTTGA  
GCCTCTATGGATTAAACAAAAGATGACTTTCTCGGTATCGGTATGGGTTCTCCAGGAGCTGTTGATAGAACTAGTAAACAGTAACAGGT  
GCTTTTAACTAAATTGGGCTGATACTCAAGA

## SEQ ID NO. 1404: SAG0471 FROM THE CJB110 GBS NONTYPEABLE STRAIN

TTGGTATCTTGACGCTTGAGGAGAAGTACAAGAAAAATGGGCAATTGAGACCAATACTTTAGAAAACGGAAGACATATCGTTTCTGATA  
TCGTTGAATCTCTCAAACATCGTTTGAGCCTCTATGGATTAACAAAAGATGACTTTCTCGGTATCGGTATGGGTTCTCCAGGAGCTGTT  
GATAGAACTAGTAAAC

## SEQ ID NO. 1405: SAG0471 FROM THE CJB110 GBS NONTYPEABLE STRAIN

CACCAGCTAATATTTCAAATATTTTAAACCTGATTCTGTGGTTATTGGTGGCGGTGCTCTCAGCAGCAGGTGAATTTTACGTAGTCGC  
GTTGAGAAATACTTTGTACATTTGCTTTCCCAAGTTAAAAAGTCAACTA

## SEQ ID NO. 1406: SAG0471 FROM THE 2603V/R GBS TYPE V STRAIN

GGGCAATTGAGACCAATACTTTAGAAAACGGAAGACATATCGTTTCTGATATCGTTGAATCTCTCAAACATCGTTTGAGCCTCTATGGA  
TTAAACAAAAGATGACTTTCTCGGTATCGGTATGGGTTCTCCAGGAGCTG

## SEQ ID NO. 1407: SAG0471 FROM THE H36b GBS TYPE Ib STRAIN

GGCAATTGAGACCAATACTTTAGAAAACGGAAGACATATCGTTTCTGATATCGTTGAATCTCTCAAACATCGTTTGAGCCTCTATGGAT  
TAACAAAAGATGACTTTCTCGGTATCGGTATGGGTTCTCCAGGAGCTGTTGATAGAACTAGTAAACAGTAACAGGTGCTTTTAACTTA  
AATTGGGCTGATACTCAAGAAGTAGGTTAGTTATTGAAAAGAGTTGGAATTCATTTTATTGATAACGATGCTAATGTTGCAGC  
ACTTGGTGAACGCTGGGTAGGTGCTGGTGCCAAATATCCGACGTTGTTTTGTAACC

## SEQ ID NO. 1408: SAG0471 FROM THE H36 GBS TYPE Ib STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)

GAGACAGTTGCATCAGCGACAGGTGTTGTTAGAGTAGCAGCTCAACTCGCAGAACAAATATGAGGGTTCGTTGCCATTAAAGCAGCGAT  
TGACACCGGTGATACTGTTTCAAGTAAAGATATTTTATAGCAGCAGAAAGATGGGGATAAATTTGCTAATTCGTTGTTGAACTGTAT  
CAGGTTACCTTGGACTGGCAGCAGCTAATATTTCAAATATTTTAAACCTGATTCTGTGGTTATTGGTGGCGGTGCTCTCAGCAGCAGGT  
GAATTTTACGTAGTCGCGTTGAGAAATACTTTGTACATTTGCTTTCCACA

## SEQ ID NO. 1409: SAG0471 FROM THE M732 GBS TYPE III STRAIN

ACAAGAAAAATGGGCAATTGAGACCAATACTTAGAAAACGGAAGACATATCGTTTCTGATATCGTTGAATCTCTCAAACATCGTTTGAGC  
CTCTATGGATTAAACAAAAGATGACTTTCTCGGTATCGGTATGGGTTCTCCAGGAGCTGTTGATAGAACTAGTAAACAGTAACAGGTGCT  
TTTTAACTAAATTGGGCTGATACTCAAGAAGTAGGTTCCGTTATTGAAAAGAGTTGGAATTCATTTTATTGATAACGATGCTA  
ATGTTGAGCACTTGGTGAACGCTGGGTAGGTGCTGGTGCCAAATATCCCGATGTTGTTTTCGTAACCTCGGAACAGGAGTAGGTGGA  
GGTGTATCGCAGATGGTAACCTCATCGTGTGTTGCAAGAGCAGGTGGAGAAATTGGGCATATGATT

## SEQ ID NO. 1410: SAG0471 FROM THE M732 GBS TYPE III STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)

CAGCAGCAGGTGAATTTTACGTAGTCGCGTTGAGAAATACTTTGTACATTTGCTTTCCCAAGTTAAAAAGTCAACTAAAATTAAG  
ATTGCTGAATAGGTAATGAT

## SEQ ID NO. 1411: SAG0471 FROM THE M781 GBS TYPE III STRAIN

AGAAGTACAAGAAAAATGGGCAATTGAGACCAATACTTAGAAAACGGAAGACATATCGTTTCTGATATCGTTGAATCTCTCAAACATCGTT  
TGAGCCTCTATGATTAAACAAAAGATGACTTTCTCGGTATCGGTATGGGTTCTCCAGGAGCTGTTGATAGAACTAGTAAACAGTAAC  
GGTGCTTTTAACTAAATTGGGCTGATACTCAAGAAGTAGGTTCCGTTATTGAAAAGAGTTGGAATTCATTTTATTGATAACG  
TGCTAATGTTGCAGCACTTGGTGAACGCTGGGTAGGTGCTGGTGCCAAATATCCCGATGTTGTTTTCGTAACCTCGGAACAGGAGTA

Table 14: Comparative Sequences relating to SAG0471 (glucokinase)

SEQ ID NO. 1412: SAG0471 FROM THE M781 GBS TYPE III STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)  
 GATACTGTTACAAGTAAAGATATTTTATAGCAGCAGAAGATGGGGATAAAATTGCTAATTCTGTTGTTGAACGTGTATCACGTTACCT  
 TGGACTGGCAGCAGCTAATATTTCAAATATTTTAAACCCCTGATTCTGTGGTTATTGGTGGCGGTGTCTCAGCAGCAGGTGAATTTTAC  
 GTAGTCGCGTTGAGAAATACTTTGTACATTTGCTTTCCACAAGTTAAAAA

SEQ ID NO. 1413: SAG0471 FROM THE 090 GBS TYPE Ia STRAIN  
 AAATTTGGTATCTTGACGCTTGAGGGAGAAGTACAAGAAAAATGGGCATTGAGACCATACTTAGAAAAACGGAAGACATATCGTTTCTGA  
 TATCGTTGAATCTCTCAAACATCGTTTGAGCCTCTATGGATTAAACAAAGATGACTTTCTCGGTATCGGTATGGGTTCTCCAGGAGCTG  
 TTGATAGAACTAGTAAAAACAGTACAGGTGCTTTTAATCTAAATTGGGCTGATACTCAAGAAGTAGGTTCAAGTTATTGAAAAAGAGTT  
 GGAATTCATTTTATTGATAACGATGCTAATGTTGCAGCACTTGGTGAACGCTGGGTAGGTGCTGGTGCAATATATCCGACGTTGT  
 TTTCTGAACCCCTCGGAACAGGAGTAGGTGGAGG

SEQ ID NO. 1414: SAG0471 FROM THE 090 GBS TYPE Ia STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)  
 GTGATACTGTTACAAGTAAAGATATTTTATAGCAGCAGAAGATGGGGATAAAATTGCTAATTCTGTTGTTGAACGTGTATCACGTTAC  
 CTTGGACTGGCAGCAGCTAATATTTCAAATATTTTAAACCCCTGATTCTGTGGTTATTGGTGGCGGTGTCTCAGCAGCAGGTGAATTTT  
 ACGTAGTCGCGTTGAGAAATACTTTATCACATTTGCTTTCCACAAGTTAAAAAGTCAACTAAAAATTAAGATTG

SEQ ID NO. 1415: SAG0471 FROM THE JM9130013 GBS TYPE VIII STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)  
 GTTATCGCAGATGGTAACCTCATCCATGGTGTGTCAGGAGCAGGTGGAGAAATTGGGCATATGATTGTTGATCCAGAAATGGATTAC  
 GTGCACATGTGGTAACAAAGGCTGCCTTGAGACAGTTGCACTCAGCGACAGGTGTTGTTAGAGTAGCACGTCAACTCGCAGAAACAATAG  
 AGGGTTCGTCGCCATTAAAGCAGCGATTGACCACGGTGATACTGTTACAAGTAAAGATATTTTATAGCAGCAGAAGATGGGGATAAA  
 TTTGCTAATTCTGTGTTGAAACGTGTATCACGTTACCTTGGACTGGCAGCAGCTAATATTTCAAATATTTTAAACCCCTGATTCTGTGGT  
 TATTGGTGGCGGTGTCTCAGCAGCAGGTGAATTTTACGTAGTCGCGTTGAGAAATACTTTGTACATTTGCTTTCCACAAGTTAAAA  
 AGTCAACTAA

SEQ ID NO. 1416: SAG0471 FROM THE JM9130013 GBS TYPE VIII STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)  
 TGGTATCTTGACGCTTGAGGGAGAAGTACAAGAAAAATGGGCAATTGAGACCATACTTAGAAAAACGGAAGACATATCGTTTCTGATATC  
 GTTGAATCTCTCAAACATCGTTTGAGCCTCTATGGATTAAACAAAGATGACTTTCTCGGTATCGGTATGGGTTCTCCAGGAGCTGTTGA  
 TAGAACTAGTAAACAGTACAGGTGCTTTTAATCTAAATTGGGCTGATACTCAAGAAGTAGGTTCAAGTTATTGAAAAAGAGCTGGAA  
 TTCCATTTTATTG

SEQ ID NO. 1417: SAG0471 FROM THE 2603V/R TYPE V GBS STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)  
 AGCAGCTAATATTTCAAATATTTTAAACCCCTGATTCTGTGGTTATTGGTGGCGGTGTCTCAGCAGCAGGTGAATTTTACGTAGTCGCG  
 TTGAGAAATACTTTGTACATTTGTTTCCACAAGGT

SEQ1401 -----  
 SEQ1402 -----  
 SEQ1403 -----  
 SEQ1404 -----  
 SEQ1405 -----  
 SEQ1406 -----  
 SEQ1407 -----  
 SEQ1408 -----  
 SEQ1409 -----  
 SEQ1410 -----  
 SEQ1411 -----  
 SEQ1412 -----  
 SEQ1413 -----  
 SEQ1414 -----  
 SEQ1415 -----  
 SEQ1416 -----  
 SEQ1417 -----

SEQ1401 -----  
 SEQ1402 -----  
 SEQ1403 -----  
 SEQ1404 -----  
 SEQ1405 -----  
 SEQ1406 -----  
 SEQ1407 -----  
 SEQ1408 -----GAG  
 SEQ1409 -----  
 SEQ1410 -----  
 SEQ1411 -----  
 SEQ1412 -----  
 SEQ1413 -----  
 SEQ1414 -----  
 SEQ1415 -----  
 SEQ1416 -----  
 SEQ1417 -----

Table 14: Comparative Sequences relating to SAG0471 (glucokinase)

SEQ1401	-----
SEQ1402	-----
SEQ1403	-----
SEQ1404	-----
SEQ1405	-----
SEQ1406	-----
SEQ1407	-----
SEQ1408	CAGTTGCATCAGCGACAGGTGTTGTTAGAGTAGCACGTCAACTCGCAGAACAAATATGAG
SEQ1409	-----
SEQ1410	-----
SEQ1411	-----
SEQ1412	-----
SEQ1413	-----
SEQ1414	-----
SEQ1415	CAGTTGCATCAGCGACAGGTGTTGTTAGAGTAGCACGTCAACTCGCAGAACAAATATGAG
SEQ1416	-----
SEQ1417	-----
SEQ1401	-----
SEQ1402	-----
SEQ1403	-----
SEQ1404	-----
SEQ1405	-----
SEQ1406	-----
SEQ1407	-----
SEQ1408	GTTTCGTCTGCCATTAAAGCAGCGATTGACAACGGTGATACTGTTACAAGTAAAGATATT
SEQ1409	-----
SEQ1410	-----
SEQ1411	-----
SEQ1412	-----GATACTGTTACAAGTAAAGATATT
SEQ1413	-----
SEQ1414	-----GTGATACTGTTACAAGTAAAGATATT
SEQ1415	GTTTCGTCTGCCATTAAAGCAGCGATTGACCACGGTGATACTGTTACAAGTAAAGATATT
SEQ1416	-----
SEQ1417	-----
SEQ1401	-----TTAAATTTGGTATCTTGACGCTTGAGGGAGAAGTACAA
SEQ1402	-----
SEQ1403	-----ACAA
SEQ1404	-----TTGGTATCTTGACGCTTGAGG-AGAAGTACAA
SEQ1405	-----
SEQ1406	-----
SEQ1407	-----
SEQ1408	TTATAGCAGCAGAAGATGGGGATAAATTTGCTAATTCTGTTGTTGAACGTGTATCACGT
SEQ1409	-----ACAA
SEQ1410	-----
SEQ1411	-----AGAAGTACAA
SEQ1412	TTATAGCAGCAGAAGATGGGGATAAATTTGCTAATTCTGTTGTTGAACGTGTATCACGT
SEQ1413	-----AAATTTGGTATCTTGACGCTTGAGGGAGAAGTACAA
SEQ1414	TTATAGCAGCAGAAGATGGGGATAAATTTGCTAATTCTGTTGTTGAACGTGTATCACGT
SEQ1415	TTATAGCAGCAGAAGATGGGGATAAATTTGCTAATTCTGTTGTTGAACGTGTATCACGT
SEQ1416	-----TGATATCTTGACGCTTGAGGGAGAAGTACAA
SEQ1417	-----

Table 14: Comparative Sequences relating to SAG0471 (glucokinase)

SEQ1401	AAAAATGGGCAATTGAGACCAATACTTTAGAAAACGGAAGACATATCGTTTCTGATATC
SEQ1402	-----CGTTTCTGATATC
SEQ1403	AAAAATGGGCAATTGAGACCAATACTTTAGAAAACGGAAGACATATCGTTTCTGATATC
SEQ1404	AAAAATGGGCAATTGAGACCAATACTTTAGAAAACGGAAGACATATCGTTTCTGATATC
SEQ1405	-----CACCAGCTAATATTTCAAATATTTTAAACCTGATTCTGTGGTTATT
SEQ1406	-----GGGCAATTGAGACCAATACTTTAGAAAACGGAAGACATATCGTTTCTGATATC
SEQ1407	-----GGCAATTGAGACCAATACTTTAGAAAACGGAAGACATATCGTTTCTGATATC
SEQ1408	ACCTTGGACTGGCAGCAGCTAATATTTCAAATATTTTAAACCTGATTCTGTGGTTATT
SEQ1409	AAAAATGGGCAATTGAGACCA-TACTT-AGAAAACGGAAGACATATCGTTTCTGATATC
SEQ1410	-----
SEQ1411	AAAA-TGGGCAATTGAGACCA-TACTT-AGAAAACGGAAGACATATCGTTTCTGATATC
SEQ1412	ACCTTGGACTGGCAGCAGCTAATATTTCAAATATTTTAAACCTGATTCTGTGGTTATT
SEQ1413	AAAAATGGGCA-TTGAGACCA-TACTT-AGAAAACGGAAGACATATCGTTTCTGATATC
SEQ1414	ACCTTGGACTGGCAGCAGCTAATATTTCAAATATTTTAAACCTGATTCTGTGGTTATT
SEQ1415	ACCTTGGACTGGCAGCAGCTAATATTTCAAATATTTTAAACCTGATTCTGTGGTTATT
SEQ1416	AAAAATGGGCAATTGAGACCA-TACTT-AGAAAACGGAAGACATATCGTTTCTGATATC
SEQ1417	-----AGCAGCTAATATTTCAAATATTTTAAACCTGATTCTGTGGTTATT
SEQ1401	TTGAATCTCTCA-AACATCGTTTGAGCCTCTATGGATTAACAAAAGATGACTTTCTCGG
SEQ1402	TTGAATCTCTCA-AACATCGTTTGAGCCTCTATGGATTAACAAAAGATGACTTTCTCGG
SEQ1403	TTGAATCTCTCA-AACATCGTTTGAGCCTCTATGGATTAACAAAAGATGACTTTCTCGG
SEQ1404	TTGAATCTCTCA-AACATCGTTTGAGCCTCTATGGATTAACAAAAGATGACTTTCTCGG
SEQ1405	GTGGCGGTGTCTCAGCAGCAGGTGAATTTTACGTAGTCGCGTTGAGAAATACTTT---
SEQ1406	TTGAATCTCTCA-AACATCGTTTGAGCCTCTATGGATTAACAAAAGATGACTTTCTCGG
SEQ1407	TTGAATCTCTCA-AACATCGTTTGAGCCTCTATGGATTAACAAAAGATGACTTTCTCGG
SEQ1408	GTGGCGGTGTCTCAGCAGCAGGTGAATTTTACGTAGTCGCGTTGAGAAATACTTT---
SEQ1409	TTGAATCTCTCA-AACATCGTTTGAGCCTCTATGGATTAACAAAAGATGACTTTCTCGG
SEQ1410	-----CAGCAGCAGGTGAATTTTACGTAGTCGCGTTGAGAAATACTTT---
SEQ1411	TTGAATCTCTCA-AACATCGTTTGAGCCTCTATGGATTAACAAAAGATGACTTTCTCGG
SEQ1412	GTGGCGGTGTCTCAGCAGCAGGTGAATTTTACGTAGTCGCGTTGAGAAATACTTT---
SEQ1413	TTGAATCTCTCA-AACATCGTTTGAGCCTCTATGGATTAACAAAAGATGACTTTCTCGG
SEQ1414	GTGGCGGTGTCTCAGCAGCAGGTGAATTTTACGTAGTCGCGTTGAGAAATACTTT---
SEQ1415	GTGGCGGTGTCTCAGCAGCAGGTGAATTTTACGTAGTCGCGTTGAGAAATACTTT---
SEQ1416	TTGAATCTCTCA-AACATCGTTTGAGCCTCTATGGATTAACAAAAGATGACTTTCTCGG
SEQ1417	GTGGCGGTGTCTCAGCAGCAGGTGAATTTTACGTAGTCGCGTTGAGAAATACTTT---
SEQ1401	ATCGGTATGGGTTCTCCAGGAGCTGTTGATAGAACTAGTAAACAGTAACAGGTGCTTT
SEQ1402	ATCGGTATGGGTTCTCCAGGAGCTGTTGATAGAACTAGTAAACAGTAACAGGTGCTTT
SEQ1403	ATCGGTATGGGTTCTCCAGGAGCTGTTGATAGAACTAGTAAACAGTAACAGGTGCTTT
SEQ1404	ATCGGTATGGGTTCTCCAGGAGCTGTTGATAGAACTAGTAAACAGTAACAGGTGCTTT
SEQ1405	GTCAATTGCTTTCCCAAGTTAAAAAGTCAACTA-----
SEQ1406	ATCGGTATGGGTTCTCCAGGAGCTG-----
SEQ1407	ATCGGTATGGGTTCTCCAGGAGCTGTTGATAGAACTAGTAAACAGTAACAGGTGCTTT
SEQ1408	GTCAATTGCTTTCCCA-----
SEQ1409	ATCGGTATGGGTTCTCCAGGAGCTGTTGATAGAACTAGTAAACAGTAACAGGTGCTTT
SEQ1410	GTCAATTGCTTTCCCAAGTTAAAAAGTCAACTAAATTAAGATTGCTGAAGTAGG
SEQ1411	ATCGGTATGGGTTCTCCAGGAGCTGTTGATAGAACTAGTAAACAGTAACAGGTGCTTT
SEQ1412	GTCAATTGCTTTCCCAAGTTAAAA-----
SEQ1413	ATCGGTATGGGTTCTCCAGGAGCTGTTGATAGAACTAGTAAACAGTAACAGGTGCTTT
SEQ1414	ATCAATTGCTTTCCCAAGTTAAAAAGTCAACTAAATTAAGATTG-----
SEQ1415	GTCAATTGCTTTCCCAAGTTAAAAAGTCAACTAA-----
SEQ1416	ATCGGTATGGGTTCTCCAGGAGCTGTTGATAGAACTAGTAAACAGTACAGGTGCTTT
SEQ1417	GTCAATTGCTTTCCCAAGGT-----



Table 14: Comparative Sequences relating to SAG0471 (glucokinase)

SEQ1401	AATCTAAATTGGGCTGATACTCAAGAAGTAGGTTCAAGTTATTGAAAAAGAAGTTGGAAT
SEQ1402	AATCTAAATTGGGCTGATACTCAAGAAGTAGGTTCCGTTATTGAAAAAGAAGTTGGAAT
SEQ1403	AATCTAAATTGGGCTGATACTCAAGA-----
SEQ1404	-----
SEQ1405	-----
SEQ1406	-----
SEQ1407	AATCTAAATTGGGCTGATACTCAAGAAGTAGGTTCAAGTTATTGAAAAAGAAGTTGGAAT
SEQ1408	-----
SEQ1409	AATCTAAATTGGGCTGATACTCAAGAAGTAGGTTCCGTTATTGAAAAAGAAGTTGGAAT
SEQ1410	AATGAT-----
SEQ1411	AATCTAAATTGGGCTGATACTCAAGAAGTAGGTTCCGTTATTGAAAAAGAAGTTGGAAT
SEQ1412	-----
SEQ1413	AATCTAAATTGGGCTGATACTCAAGAAGTAGGTTCAAGTTATTGAAAAAGAAGTTGGAAT
SEQ1414	-----
SEQ1415	-----
SEQ1416	AATCTAAATTGGGCTGATACTCAAGAAGTAGGTTCAAGTTATTGAAAAAGAAGTTGGAAT
SEQ1417	-----
SEQ1401	CCATTTTTTATTGATAACGATGCTAATGTTGCAGCACTTGGTGAAACGCTGGGTAGGTGC
SEQ1402	CCATTTTTTATTGATAACGATGCTAATGTTGCAGCACTTGGTGAAACGCTGGGTAGGTGC
SEQ1403	-----
SEQ1404	-----
SEQ1405	-----
SEQ1406	-----
SEQ1407	CCATTTTTTATTGATAACGATGCTAATGTTGCAGCACTTGGTGAAACGCTGGGTAGGTGC
SEQ1408	-----
SEQ1409	CCATTTTTTATTGATAACGATGCTAATGTTGCAGCACTTGGTGAAACGCTGGGTAGGTGC
SEQ1410	-----
SEQ1411	CCATTTTTTATTGATAACGATGCTAATGTTGCAGCACTTGGTGAAACGCTGGGTAGGTGC
SEQ1412	-----
SEQ1413	CCATTTTTTATTGATAACGATGCTAATGTTGCAGCACTTGGTGAAACGCTGGGTAGGTGC
SEQ1414	-----
SEQ1415	-----
SEQ1416	CCATTTTTTATTG-----
SEQ1417	-----
SEQ1401	GGTGCCAATAATCCCGACGTTGTTTTCGTAACCCCTCGGAACAGGAGTAGGTGGAGGTGT
SEQ1402	GGTGCCAATAATCCCGATGTTGTTTTCGTAACCCCTCGGAACAGGAGTAGGTGGAGGTGT
SEQ1403	-----
SEQ1404	-----
SEQ1405	-----
SEQ1406	-----
SEQ1407	GGTGCCAATAATCCCGACGTTGTTTTCGTAACC-----
SEQ1408	-----
SEQ1409	GGTGCCAATAATCCCGATGTTGTTTTCGTAACCCCTCGGAACAGGAGTAGGTGGAGGTGT
SEQ1410	-----
SEQ1411	GGTGCCAATAATCCCGATGTTGTTTTCGTAACCCCTCGGAACAGGAGTA-----
SEQ1412	-----
SEQ1413	GGTGCCAATAATCCCGACGTTGTTTTCGTAACCCCTCGGAACAGGAGTAGGTGGAGG---
SEQ1414	-----
SEQ1415	-----
SEQ1416	-----
SEQ1417	-----

Table 14: Comparative Sequences relating to SAG0471 (glucokinase)

SEQ1401	ATCGCAGATGGTAACCTCATCCATGGTGTTCAGGAGCAGGTGGAGAAATTGGGCATAT
SEQ1402	ATCGCAGATGGTAACCTCATCCATGGTGTTCAGGAGCAGGTGGAGAAATTGGGCATAT
SEQ1403	-----
SEQ1404	-----
SEQ1405	-----
SEQ1406	-----
SEQ1407	-----
SEQ1408	-----
SEQ1409	ATCGCAGATGGTAACCTCATCCATGGTGTTCAGGAGCAGGTGGAGAAATTGGGCATAT
SEQ1410	-----
SEQ1411	-----
SEQ1412	-----
SEQ1413	-----
SEQ1414	-----
SEQ1415	-----
SEQ1416	-----
SEQ1417	-----
SEQ1401	ATTGTTGATCCAGAAAATGGATTTACGTGCACATGTGGTAACAAAGGCTGCCTTGAGAC
SEQ1402	ATTGTTGATCCAGAKAATGGATTTACGTGCACATGTGGTAACAAAGGCTGTCTTGAGAC
SEQ1403	-----
SEQ1404	-----
SEQ1405	-----
SEQ1406	-----
SEQ1407	-----
SEQ1408	-----
SEQ1409	ATT-----
SEQ1410	-----
SEQ1411	-----
SEQ1412	-----
SEQ1413	-----
SEQ1414	-----
SEQ1415	-----
SEQ1416	-----
SEQ1417	-----
SEQ1401	GTTGCATCAGCGACAGGTGTTGTTAGAGTAGCACGTCAACTCGCAGAACAAATATGAGGG
SEQ1402	GTTGCATCAGCGACAGGTGTTGTTAGAGTAGCACGTCAACTCGCAGAACAAATATGAAGG
SEQ1403	-----
SEQ1404	-----
SEQ1405	-----
SEQ1406	-----
SEQ1407	-----
SEQ1408	-----
SEQ1409	-----
SEQ1410	-----
SEQ1411	-----
SEQ1412	-----
SEQ1413	-----
SEQ1414	-----
SEQ1415	-----
SEQ1416	-----
SEQ1417	-----

Table 14: Comparative Sequences relating to SAG0471 (glucokinase)

SEQ1401	TCGTCTGCCATTAAAGCAGCGATTGACACCGGTGATACTGTTACAAGTAAAGATATTTT
SEQ1402	TCGTCTGCCATTAAAGCAGCGATTGACAACGGTGATACTGTTACAAGTAAAGATATTTT
SEQ1403	-----
SEQ1404	-----
SEQ1405	-----
SEQ1406	-----
SEQ1407	-----
SEQ1408	-----
SEQ1409	-----
SEQ1410	-----
SEQ1411	-----
SEQ1412	-----
SEQ1413	-----
SEQ1414	-----
SEQ1415	-----
SEQ1416	-----
SEQ1417	-----
SEQ1401	ATAGCAGCAGAAGATGGGGATAAATTGCTAATTCTGTTGTTGAACGTGTATCACGTTA
SEQ1402	ATAGCAGCAGAAGATGGGGATAAATTGCTAATTCTGTTGTTGAACGTGTATCACGTTA
SEQ1403	-----
SEQ1404	-----
SEQ1405	-----
SEQ1406	-----
SEQ1407	-----
SEQ1408	-----
SEQ1409	-----
SEQ1410	-----
SEQ1411	-----
SEQ1412	-----
SEQ1413	-----
SEQ1414	-----
SEQ1415	-----
SEQ1416	-----
SEQ1417	-----
SEQ1401	CTTGGACTGGCAGCAGCTAATATTTCAAATATTTTAAACCCTGATTCTGTGGTTATTGG
SEQ1402	CTTGGACTGGCAGCAGCTAATATTTCAAATATTTTAAACCCTGATTCTGTGGTTATTGG
SEQ1403	-----
SEQ1404	-----
SEQ1405	-----
SEQ1406	-----
SEQ1407	-----
SEQ1408	-----
SEQ1409	-----
SEQ1410	-----
SEQ1411	-----
SEQ1412	-----
SEQ1413	-----
SEQ1414	-----
SEQ1415	-----
SEQ1416	-----
SEQ1417	-----

Table 14: Comparative Sequences relating to SAG0471 (glucokinase)

SEQ1401	GGCGGTGTCTCAGCAGCAGGTGAATTTTACGTAGTCGCGTTGAGAAATACTTTGTCAC
SEQ1402	GGCGGTGTCTCAGCAGCAGGTGAATTTTACGTAGTCGCGTTGAGAAATACTTTGTCAC
SEQ1403	-----
SEQ1404	-----
SEQ1405	-----
SEQ1406	-----
SEQ1407	-----
SEQ1408	-----
SEQ1409	-----
SEQ1410	-----
SEQ1411	-----
SEQ1412	-----
SEQ1413	-----
SEQ1414	-----
SEQ1415	-----
SEQ1416	-----
SEQ1417	-----
SEQ1401	TTTGCTTTCCACAAGTTAAAAAGTCACTAAAAATTAAGAT
SEQ1402	TTTG-----
SEQ1403	-----
SEQ1404	-----
SEQ1405	-----
SEQ1406	-----
SEQ1407	-----
SEQ1408	-----
SEQ1409	-----
SEQ1410	-----
SEQ1411	-----
SEQ1412	-----
SEQ1413	-----
SEQ1414	-----
SEQ1415	-----
SEQ1416	-----
SEQ1417	-----

Table 15: Comparative Sequences relating to SAG0492

SEQ ID NO. 1501: SAG0492 FROM THE 1169NT1 GBS NONTYPEABLE STRAIN

TGACTTGGATATTTCATCAAGGAGAAGTGGTGGTTATTATTGGCCCTTCTGGCTCTGGTAAGTCAACATTTTTAAGAACAAATGAATCTCT  
 TGAAGTACCAACAAAGGGAACAGTGACTTTTGAAGGAATTGATATAACAGACAAAAAATGATATTTTTAAATGCGCGAAAAAATG  
 GGCATGGTTTTTCAACAGTTCAATCTATTTCCCAATATGACTGTACTAGAAAAATATTACTTTATCACCATTAAAGCAAAAGGGAAGTTTC  
 TAAGCTTGATGCTCAGACAAAAGCATAAGAGTACTTGAAGAAAGTTGGAAGTCAAGAGAGAAGGCTAATGCTTATCCAGCTAGCTTATCTG  
 GAGGACAAACAAACGGAATGCTATTGCAAGAGGCTTGCATGAATCCTGATGTCCTTCTTTTGTGAACCTACTTCAGCTCTTGAT  
 CCTGAAATGGTAGGTAAGTCTTGACTGTTATGCAAGATTAGCTAAATCTGGTATGACGATGGTTATTGTCACTCATGAAATGGGTTT  
 TGCACGTGAAGTAGCGGATCGTGTCTATTTTATGGATGCAGGCATTATTGTGAGCAAGGGAACCCCTAAGGAAGTAT

SEQ ID NO. 1502: SAG0492 FROM THE 18RS21 GBS TYPE II STRAIN

TGGGAAAAATGAGGTTTTAAAGGCATTGACTTGGATATTTCATCAAGGAGAAGTAGTGGTTATTATTGGCCCTTCTGGCTCTGGTAAG  
 TCAACATTTTTAAGAACAAATGAATCTCTTGAAGTACCAACAAAGGGAACAGTGACTTTTGAAGGGAATTGATATAACAGACAAAAAGAA  
 TGATATTTTTAAATGCGCGAAAAAATGGGCATGGTTTTTCAACAGTTCAATCTATTTCCCAATATGACTGTACTAGAAAAATATTACTT  
 TATCACCATTAAAGCAAAAGGGGCTTTCTAATCTTGATGCTCAGACAAAAGCATATGAGTACTTGAAGAAAGTTGGAAGTCAAGAGAGAAG  
 GCTAATACTTATCCAGCTAGCTTATCTGGAGGACAACAAACGAATTGCTATTGCAAGAGGCTTGCATGAATCCTCATGTCTCTTTCT  
 TTTTGAATGAACCTACTTCAGCTCTTGATCCTGAAATGGTAGGTAAGTCTTGACTGTTATGCAAGATTAGCTAAATCTGGTATGACGA  
 TGGTTATTGTCACTCATGAAATGGGTTTTGACGTGAAGTAGCGGATCGTGTCTATTTTATGGACGCAAGAAATTAT

SEQ ID NO. 1503: SAG0492 FROM THE 2603V/R GBS TYPE V STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)

AAAAATGAGGTTTTAAAGGCATTGACTTGGATATTTCATCAAGGAGAAGTAGTGGTTATTATTGGCCCTTCTGGCTCTGGTAAGTCAAC  
 ATTTTTAAGAACAAATGAATCTCTTGAAGTACCAACAAAGGGAACAGTGACTTTTGAAGGGAATTGATATAACAGACAAAAAGAAATGATA  
 TTTTTAAATGCGCGAAAAAATGGGCATGGTTTTTCAACAGTTCAATCTATTTCCCAATATGACTGTACTAGAAAAATATTACTTTATCA  
 CCTATTAAAGCAAAAGGGGCTTTCTAATCTTGATGCTCAGACAAAAGCATATGAGTACTTGAAGAAAGTTGGAAGTCAAGAGAGAAGGCTAA  
 TACTTATCCAGCTAGCTTATCTGGAGGACAACAAACGAATTGCTATTGCAAGAGGCTTGCATGAATCCTCATGTCTCTTTCTTTTG  
 ATGAACCTTCTGAGCTCTTGATCCTGAAATGGTAGGTAAGTCTTGACTGTTATGCAAGATTAGCTAAATCTGGTATGACGATGGTT  
 ATTGTCACTCATGAAATGGGTTTTGACGTGAAGTAGCGGATCGTGTCTATTTTATGGATGCAGGAATTATTGTTGAGCAAGGGGCC

SEQ ID NO. 1504: SAG0492 FROM THE M781 GBS TYPE III STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)

GAGGTTTTAAAGGCATTGACTTGGATATTTCATCAAGGAGAAGTGGTGGTTATTATTGGCCCTTCTGGCTCTGGTAAGTCAACATTTTT  
 AAGAACAAATGAATCTCTTGAAGTACCAACAAAGGGAACAGTGACTTTTGAAGGGAATTGATATAACAGACAAAAAGAAATGATATTTTTA  
 AAATGCGCGAAAAAATGGGCATGGTTTTTCAACAGTTCAATCTATTTCCCAATATGACTGTACTAGAAAAATATTACTTTATCACCATT  
 AAGACAAAGGGGCTTTCTAAGCTTGATGCTCAGACAAAAGCATATGAGTACTTGAAGAAAGTTGGAAGTCAAGAGAGAAGGCTAATGCTTA  
 TCCAGCAAGCTTATCTGGAGGACAACAAACGAATTGCTATTGCAAGAGGCTTGCATGAATCCTCATGTCTCTTTCTTTTGATGAAC  
 CTACTTCACTCTTGAGCTCTTGATCCTGAAATGGTAGGTAAGTCTTGACTGTTATGCAAGATTAGCTAAATCTGGTATGACGATGGTTATTGTC  
 ACTCATGAAATGGGTTTTGACGTGAAGTAGCGGATCGTGTCTATTTTATGGATGCAGGGAATTATTGTTGAGCAAGGGACCCCTAAGAA  
 AGTAT

SEQ ID NO. 1505: SAG0492 FROM THE 090 GBS TYPE Ia STRAIN

TGGTGGTTATTATTGGCCCTTCTGGCTCTGGTAAGTCAACATTTTTAAGAACAAATGAATCTCTTGAAGTACCAACAAAGGGAACAGTG  
 ACTTTTGAAGGGAATTGATATAACAGACAAAAAGAAATGATATTTTTAAATGCGCGAAAAAATGGGCATGGTTTTTCAACAGTTCAATCT  
 ATTTCCCAATATGACTGTACTAGAAAAATATTACTTTATCACCATTAAAGCAAAAGGGAAGTTCTAAGCTTGATGCTCAGACAAAAGCAT  
 ACGAGTACTTGAAGAAAGTTGGAAGTCAAGAGGCTAATGCTTATCCAGCTAGCTTATCTGGAGGGCAACAAACGAATTGCTATT  
 GCAAGAGGCTTGAAGAAATCCTGATGTCCTTCTTTTGTGAACCTACTTCAGCTCTTGATCCTGAAATGGTAGGTAAGTCTTGAC  
 TGTTATGCAAGATTAGCTAAATCTGGTATGACGATGGTTATTGTCACTCATGAAATGGGTTTTGACGTGAAGTAGCGGATCGTGTCA  
 TTTTATGGATGCAGGCATTATTGTTGAsCAAGGGAACCCCTAAGGAAGTAT

SEQ ID NO. 1506: SAG0492 FROM THE A909 GBS TYPE Ia STRAIN

CAATACAGGACTTCATAAAAGTTTGGGAAAAATGAGGTTTTAAAGGCATTGACTTGGATATTTCATCAAGGAGAAGTAGTGGTTATT  
 ATTGGCCCTTCTGGCTCTGGTAAGTCAACATTTTTAAGAACAAATGAATCTCTTGAAGTACCAACAAAGGGAACAGTGACTTTTGAAGG  
 GATTGATATAACAGACAAAAAGAAATGATATTTTTAAATGCGCGAAAAAATGGGCATGGTTTTTCAACAGTTCAATCTATTTCCCAATA  
 TGACTGTACTAGAAAAATATTACTTTATCACCATTAAAGCAAAAGGGGCTTTCTAAGCTTGATGCTCAGACAAAAGCATATGAGCTACTT  
 GAAAAAGTTGGAAGTCAAGAGAGAAGGCTAATACTTATCCAGCTAGCTTATCTGGAGGACAACAAACGAATTGCTATTGCAAGAGGCT  
 TGCAATGAATCCTGATGTCCTTCTTTTGTGAACCTACTTCAGCTCTTGATCCTGAAATGGTAGGTAAGTCTTGACTGTTATGCAAG  
 ATTTAGCTAAATCTGGTATGACGATGGTTATTGTCACTCATGAAATGGGTTTTGACGTGAAGTAGCGGATCGTGTCTATTTTATGGAT  
 GCAGGAATTATTGTGAGCAAGGGGCCCTAAGGAAGTATTGAGCAGACAAAAAGAAATCCGCACAAGAGATTCTT

SEQ ID NO. 1507: SAG0492 FROM THE CJB110 GBS NONTYPEABLE STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)

GACTTGGATATTTCATCAAGGAGAAGTGGTGGTTATTATTGGCCCTTCTGGCTCTGGTAAGTCAACATTTTTAAGAACAAATGAATCTCTT  
 GGAAGTACCAACAAAGGGAACAGTGACTTTTGAAGGGAATTGATATAACAGACAAAAAGAAATGATATTTTTAAATGCGCGAAAAAATGG  
 GCATGGTTTTTCAACAGTTCAATCTATTTCCCAATATGACTGTACTAGAAAAATATTACTTTATCACCATTAAAGCAAAAGGGGACTTTCT  
 AAGCTTGATGCTCAGACAAAAGCATACGAGTACTTGAAGAAAGTTGGAAGTCAAGAGAGAAGGCTAATGCTTATCCAGCTAGCTTATCTG  
 AGGACAACAAACGAATTGCTATTGCAAGAGGCTTGCATGAATCCTGATGTCCTTCTTTTGTGAACCTACTTCAGCTCTTGATC  
 CTGAAATGGTAGGTAAGTCTTGACTGTTATGCAAGATTAGCTAAATCTGGTATGACGATGGTTATTGTCACTCATGAAATGGGTTTT  
 GCACGTGAAGTAGCGGATCGTGTCTTTTATGGATGCAGGGAATTATTGTGAGCAAGGGAAC

Table 15: Comparative Sequences relating to SAG0492

SEQ ID NO. 1508: SAG0492 FROM THE H36b GBS TYPE Ib STRAIN

ATGAGGTTTTAAAGGCATTGACTTGGATATTCATCAAGGAGAAGTAGTGGTTATTATTGGCCCTTCTGGCTCTGGTAAGTCAACATTT  
TTAAGAACAAATGAATCTCTTGGAGTACCAACAAAGGGAACAGTGACTTTTGAAGGGATTGATATAACAGACAAAAGAATGATATTTT  
TAAATGCGCGAAAAAATGGGCATGGTTTTTCAACAGTTCAATCTATTTCCCAATATGACTGTACTAGAAAAATATTACTTTATCACCTA  
TTAAGACAAAGGGGCTTTCTAAGCTTGATGCTCAGACAAAAGCATATGAGCTACTTGAAAAAGTTGGACTCAAAGAGAAGGCTAATACT  
TATCCAGCTAGCTTATCTGGAGGACAAACAACGAATTGCTATTGCAAGAGGTCTTGCAATGAATCCTGATGTCCTTCTTTTGTATGA  
ACCTACTTCAGCTCTTGATCCTGAAATGGTAGGTGAAGTCTTGACTGTTATGCAAGATTTAGCTAAATCTGGTATGACGATGGTTATTG  
TCACTCATGAAATGGGTTTTGCACGTGAAGTAGCGGATCGTGTCATTTTATGGATGCASGAATTATTGTTGAGCAAGGGGCCCTAAG  
GAAGTAT

SEQ ID NO. 1509: SAG0492 FROM THE JM9130013 GBS TYPE VIII STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)

GGTTTTAAAGGCATTGACTTGGATATTCATCAAGGAGAAGTAGTGGTTATTATTGGCCCTTCTGGCTCTGGTAAGTCAACATTTTAA  
GAACAATGAATCTCTTGGAGTACCAACAAAGGGAACAGTGACTTTTGAAGGGATTGATATAACAGACAAAAGAATGATATTTTAA  
ATGCGCGAAAAAATGGGCATGGTTTTTCAACAGTTCAATCTATTTCCCAATATGACTGTACTAGAAAAATATTACTTTATCACCTATTAA  
GACAAAGGGGCTTTCTAAGCTTGATGCTCAGACAAAAGCATATGAGCTACTTGAAAAAGTTGGACTCAAAGAGAAGGCTAATACTTATC  
CAGCTAGCTTATCTGGAGGACAAACAACGAATTGCTATTGCAAGAGGTCTTGCAATGAATCCTGATGTCCTTCTTTTGTATGAACCT  
ACTTCAGCTCTTGATCCTGAAATGGTAGGTGAAGTCTTGACTGTTATGCAAGATTTAGCTAAATCTGGTATGACGATGGTTATTGTAC  
TCATGAAATGGGTTTTGCACGTGAAGTAGCGGATCGTGTCATTTTATGGATGCAGGAATTATTGTTGAGCAAGGGGCCCTAAGGAAG  
TATTTAGCAAAAACAAAAGAAAT

SEQ ID NO. 1510: SAG0492 FROM THE M732 GBS TYPE III STRAIN

GGTGGTTATTATTGGCCCTTCTGGCTCTGGTAAGTCAACATTTTAAAGACAATGAATCTCTTGGAGTACCAACAAAGGGAACAGTGA  
CTTTTGAAGGGATTGATATAACAGACAAAAGAATGATATTTTAAATGCGCGAAAAAATGGGCATGGTTTTTCAACAGTTCAATCTA  
TTTCCCAATATGACTGTACTAGAAAAATATTACTTTATCACCTATTAAAGACAAGGGACTTTCTAAGCTTGATGCTCAGACAAAAGCATA  
CGAGCTACTTGAAAAAGTTGGACTCAAAGAGAAGGCTAATGCTTATCCAGCAAGCTTATCTGG

SEQ ID NO. 1511: SAG0492 FROM THE COH1 GBS TYPE Ia STRAIN

ATTGACTTGGATATTCATCAAGGAGAAGTGGTGGTTATTATTGGCCCTTCTGGCTCTGGTAAGTCAACATTTTAAAGACAATGAATCT  
CTTGGAGTACCAACAAAGGGAACAGTGACTTTTGAAGGGATTGATATAACAGACAAAAGAATGATATTTTAAATGCGCGAAAAA  
TGGGCATGGTTTTTCAACAGTTCAATCTATTTCCCAATATGACTGTACTAGAAAAATATTACTTTATCACCTATTAAAGACAAGGGACTT  
TCTAAGCTTGATGCTCAGACAAAAGCATAACGAGCTACTTGAAAAAGTTGGACTCAAAGAGAAGGCTAATGCTTATCCAGCAAGCTTATC  
TGG

Table 15: Comparative Sequences relating to SAG0492

SEQ1501	-----TGACTTGG
SEQ1502	-----TTGGGAAAAATGAGGTTTTAAAGGCATTGACTTGG
SEQ1503	-----AAAAATGAGGTTTTAAAGGCATTGACTTGG
SEQ1504	-----GAGGTTTTAAAGGCATTGACTTGG
SEQ1505	-----
SEQ1506	AATACAAGGACTTCATAAAAGTTTTTGGGAAAAATGAGGTTTTAAAGGCATTGACTTGG
SEQ1507	-----GACTTGG
SEQ1508	-----ATGAGGTTTTAAAGGCATTGACTTGG
SEQ1509	-----GGTTTTAAAGGCATTGACTTGG
SEQ1510	-----
SEQ1511	-----ATTGACTTGG
SEQ1501	TATTCATCAAGGAGAAGTGGTGGTTATTATTGGCCCTTCTGGCTCTGGTAAGTCAACAT
SEQ1502	TATTCATCAAGGAGAAGTAGTGGTTATTATTGGCCCTTCTGGCTCTGGTAAGTCAACAT
SEQ1503	TATTCATCAAGGAGAAGTAGTGGTTATTATTGGCCCTTCTGGCTCTGGTAAGTCAACAT
SEQ1504	TATTCATCAAGGAGAAGTGGTGGTTATTATTGGCCCTTCTGGCTCTGGTAAGTCAACAT
SEQ1505	-----TGGTGGTTATTATTGGCCCTTCTGGCTCTGGTAAGTCAACAT
SEQ1506	TATTCATCAAGGAGAAGTAGTGGTTATTATTGGCCCTTCTGGCTCTGGTAAGTCAACAT
SEQ1507	TATTCATCAAGGAGAAGTGGTGGTTATTATTGGCCCTTCTGGCTCTGGTAAGTCAACAT
SEQ1508	TATTCATCAAGGAGAAGTAGTGGTTATTATTGGCCCTTCTGGCTCTGGTAAGTCAACAT
SEQ1509	TATTCATCAAGGAGAAGTAGTGGTTATTATTGGCCCTTCTGGCTCTGGTAAGTCAACAT
SEQ1510	-----GGTGGTTATTATTGGCCCTTCTGGCTCTGGTAAGTCAACAT
SEQ1511	TATTCATCAAGGAGAAGTGGTGGTTATTATTGGCCCTTCTGGCTCTGGTAAGTCAACAT
SEQ1501	TTTTAAGAACAATGAATCTCTTGAAGTACCAACAAAGGGAACAGTGACTTTTGAAGGGA
SEQ1502	TTTTAAGAACAATGAATCTCTTGAAGTACCAACAAAGGGAACAGTGACTTTTGAAGGGA
SEQ1503	TTTTAAGAACAATGAATCTCTTGAAGTACCAACAAAGGGAACAGTGACTTTTGAAGGGA
SEQ1504	TTTTAAGAACAATGAATCTCTTGAAGTACCAACAAAGGGAACAGTGACTTTTGAAGGGA
SEQ1505	TTTTAAGAACAATGAATCTCTTGAAGTACCAACAAAGGGAACAGTGACTTTTGAAGGGA
SEQ1506	TTTTAAGAACAATGAATCTCTTGAAGTACCAACAAAGGGAACAGTGACTTTTGAAGGGA
SEQ1507	TTTTAAGAACAATGAATCTCTTGAAGTACCAACAAAGGGAACAGTGACTTTTGAAGGGA
SEQ1508	TTTTAAGAACAATGAATCTCTTGAAGTACCAACAAAGGGAACAGTGACTTTTGAAGGGA
SEQ1509	TTTTAAGAACAATGAATCTCTTGAAGTACCAACAAAGGGAACAGTGACTTTTGAAGGGA
SEQ1510	TTTTAAGAACAATGAATCTCTTGAAGTACCAACAAAGGGAACAGTGACTTTTGAAGGGA
SEQ1511	TTTTAAGAACAATGAATCTCTTGAAGTACCAACAAAGGGAACAGTGACTTTTGAAGGGA
SEQ1501	TTGATATAACAGACAAAAAATGATATTTTTTAAATGCGCGAAAAAATGGGCATGGTTT
SEQ1502	TTGATATAACAGACAAAAAAGATGATATTTTTTAAATGCGCGAAAAAATGGGCATGGTTT
SEQ1503	TTGATATAACAGACAAAAAAGATGATATTTTTTAAATGCGCGAAAAAATGGGCATGGTTT
SEQ1504	TTGATATAACAGACAAAAAAGATGATATTTTTTAAATGCGCGAAAAAATGGGCATGGTTT
SEQ1505	TTGATATAACAGACAAAAAAGATGATATTTTTTAAATGCGCGAAAAAATGGGCATGGTTT
SEQ1506	TTGATATAACAGACAAAAAAGATGATATTTTTTAAATGCGCGAAAAAATGGGCATGGTTT
SEQ1507	TTGATATAACAGACAAAAAAGATGATATTTTTTAAATGCGCGAAAAAATGGGCATGGTTT
SEQ1508	TTGATATAACAGACAAAAAAGATGATATTTTTTAAATGCGCGAAAAAATGGGCATGGTTT
SEQ1509	TTGATATAACAGACAAAAAAGATGATATTTTTTAAATGCGCGAAAAAATGGGCATGGTTT
SEQ1510	TTGATATAACAGACAAAAAAGATGATATTTTTTAAATGCGCGAAAAAATGGGCATGGTTT
SEQ1511	TTGATATAACAGACAAAAAAGATGATATTTTTTAAATGCGCGAAAAAATGGGCATGGTTT
SEQ1501	TTCAACAGTTCAATCTATTTCCCAATATGACTGTACTAGAAAAATTACTTTATCACCTA
SEQ1502	TTCAACAGTTCAATCTATTTCCCAATATGACTGTACTAGAAAAATTACTTTATCACCTA
SEQ1503	TTCAACAGTTCAATCTATTTCCCAATATGACTGTACTAGAAAAATTACTTTATCACCTA
SEQ1504	TTCAACAGTTCAATCTATTTCCCAATATGACTGTACTAGAAAAATTACTTTATCACCTA
SEQ1505	TTCAACAGTTCAATCTATTTCCCAATATGACTGTACTAGAAAAATTACTTTATCACCTA
SEQ1506	TTCAACAGTTCAATCTATTTCCCAATATGACTGTACTAGAAAAATTACTTTATCACCTA
SEQ1507	TTCAACAGTTCAATCTATTTCCCAATATGACTGTACTAGAAAAATTACTTTATCACCTA
SEQ1508	TTCAACAGTTCAATCTATTTCCCAATATGACTGTACTAGAAAAATTACTTTATCACCTA
SEQ1509	TTCAACAGTTCAATCTATTTCCCAATATGACTGTACTAGAAAAATTACTTTATCACCTA
SEQ1510	TTCAACAGTTCAATCTATTTCCCAATATGACTGTACTAGAAAAATTACTTTATCACCTA
SEQ1511	TTCAACAGTTCAATCTATTTCCCAATATGACTGTACTAGAAAAATTACTTTATCACCTA

Table 15: Comparative Sequences relating to SAG0492

SEQ1501	TTAAGACAAAGGGACTTTCTAAGCTTGATGCTCAGACAAAAGCATACGAGCTACTTGAAA
SEQ1502	TTAAGACAAAGGGGCTTTCTAATCTTGATGCTCAGACAAAAGCATATGAGCTACTTGAAA
SEQ1503	TTAAGACAAAGGGGCTTTCTAATCTTGATGCTCAGACAAAAGCATATGAGCTACTTGAAA
SEQ1504	TTAAGACAAAGGGACTTTCTAAGCTTGATGCTCAGACAAAAGCATACGAGCTACTTGAAA
SEQ1505	TTAAGACAAAGGGGACTTTCTAAGCTTGATGCTCAGACAAAAGCATACGAGCTACTTGAAA
SEQ1506	TTAAGACAAAGGGGCTTTCTAAGCTTGATGCTCAGACAAAAGCATATGAGCTACTTGAAA
SEQ1507	TTAAGACAAAGGGACTTTCTAAGCTTGATGCTCAGACAAAAGCATACGAGCTACTTGAAA
SEQ1508	TTAAGACAAAGGGGCTTTCTAAGCTTGATGCTCAGACAAAAGCATATGAGCTACTTGAAA
SEQ1509	TTAAGACAAAGGGGCTTTCTAAGCTTGATGCTCAGACAAAAGCATATGAGCTACTTGAAA
SEQ1510	TTAAGACAAAGGGACTTTCTAAGCTTGATGCTCAGACAAAAGCATACGAGCTACTTGAAA
SEQ1511	TTAAGACAAAGGGACTTTCTAAGCTTGATGCTCAGACAAAAGCATACGAGCTACTTGAAA
SEQ1501	AAGTTGGACTCAAAGAGAAGGCTAATGCTTATCCAGCTAGCTTATCTGGAGGACAACAAC
SEQ1502	AAGTTGGACTCAAAGAGAAGGCTAATACTTATCCAGCTAGCTTATCTGGAGGACAACAAC
SEQ1503	AAGTTGGACTCAAAGAGAAGGCTAATACTTATCCAGCTAGCTTATCTGGAGGACAACAAC
SEQ1504	AAGTTGGACTCAAAGAGAAGGCTAATGCTTATCCAGCAAGCTTATCTGGAGGACAACAAC
SEQ1505	AAGTTGGACTCAAAGAGAAGGCTAATGCTTATCCAGCTAGCTTATCTGGAGGACAACAAC
SEQ1506	AAGTTGGACTCAAAGAGAAGGCTAATACTTATCCAGCTAGCTTATCTGGAGGACAACAAC
SEQ1507	AAGTTGGACTCAAAGAGAAGGCTAATGCTTATCCAGCTAGCTTATCTGGAGGACAACAAC
SEQ1508	AAGTTGGACTCAAAGAGAAGGCTAATACTTATCCAGCTAGCTTATCTGGAGGACAACAAC
SEQ1509	AAGTTGGACTCAAAGAGAAGGCTAATACTTATCCAGCTAGCTTATCTGGAGGACAACAAC
SEQ1510	AAGTTGGACTCAAAGAGAAGGCTAATGCTTATCCAGCAAGCTTATCTGG-----
SEQ1511	AAGTTGGACTCAAAGAGAAGGCTAATGCTTATCCAGCAAGCTTATCTGGTABCMARATVS
SEQ1501	ACGGATTGCTATTGCAAGAGGTCTTGCAATGAATCCTGATGTCCCTCTTTTGTATGAAC
SEQ1502	ACGAATTGCTATTGCAAGAGGTCTTGCAATGAATCCTCATGTCCCTCTTTTGTATGAAC
SEQ1503	ACGAATTGCTATTGCAAGAGGTCTTGCAATGAATCCTGATGTCCCTCTTTTGTATGAAC
SEQ1504	ACGGATTGCTATTGCAAGAGGTCTTGCAATGAATCCTGATGTCCCTCTTTTGTATGAAC
SEQ1505	ACGAATTGCTATTGCAAGAGGTCTTGCAATGAATCCTGATGTCCCTCTTTTGTATGAAC
SEQ1506	ACGAATTGCTATTGCAAGAGGTCTTGCAATGAATCCTGATGTCCCTCTTTTGTATGAAC
SEQ1507	ACGAATTGCTATTGCAAGAGGTCTTGCAATGAATCCTGATGTCCCTCTTTTGTATGAAC
SEQ1508	ACGAATTGCTATTGCAAGAGGTCTTGCAATGAATCCTGATGTCCCTCTTTTGTATGAAC
SEQ1509	ACGAATTGCTATTGCAAGAGGTCTTGCAATGAATCCTGATGTCCCTCTTTTGTATGAAC
SEQ1510	-----
SEQ1511	NCSRATNGTSAG-----
SEQ1501	TACTTCAGCTCTTGATCCTGAAATGGTAGGTGAAGTCTTGACTGTTATGCAAGATTAG
SEQ1502	TACTTCAGCTCTTGATCCTGAAATGGTAGGTGAAGTCTTGACTGTTATGCAAGATTAG
SEQ1503	TACTTCAGCTCTTGATCCTGAAATGGTAGGTGAAGTCTTGACTGTTATGCAAGATTAG
SEQ1504	TACTTCAGCTCTTGATCCTGAAATGGTAGGTGAAGTCTTGACTGTTATGCAAGATTAG
SEQ1505	TACTTCAGCTCTTGATCCTGAAATGGTAGGTGAAGTCTTGACTGTTATGCAAGATTAG
SEQ1506	TACTTCAGCTCTTGATCCTGAAATGGTAGGTGAAGTCTTGACTGTTATGCAAGATTAG
SEQ1507	TACTTCAGCTCTTGATCCTGAAATGGTAGGTGAAGTCTTGACTGTTATGCAAGATTAG
SEQ1508	TACTTCAGCTCTTGATCCTGAAATGGTAGGTGAAGTCTTGACTGTTATGCAAGATTAG
SEQ1509	TACTTCAGCTCTTGATCCTGAAATGGTAGGTGAAGTCTTGACTGTTATGCAAGATTAG
SEQ1510	-----
SEQ1511	-----
SEQ1501	TAAATCTGGTATGACGATGGTTATTGTCACTCATGAAATGGGTTTTGCACGTGAAGTAG
SEQ1502	TAAATCTGGTATGACGATGGTTATTGTCACTCATGAAATGGGTTTTGCACGTGAAGTAG
SEQ1503	TAAATCTGGTATGACGATGGTTATTGTCACTCATGAAATGGGTTTTGCACGTGAAGTAG
SEQ1504	TAAATCTGGTATGACGATGGTTATTGTCACTCATGAAATGGGTTTTGCACGTGAAGTAG
SEQ1505	TAAATCTGGTATGACGATGGTTATTGTCACTCATGAAATGGGTTTTGCACGTGAAGTAG
SEQ1506	TAAATCTGGTATGACGATGGTTATTGTCACTCATGAAATGGGTTTTGCACGTGAAGTAG
SEQ1507	TAAATCTGGTATGACGATGGTTATTGTCACTCATGAAATGGGTTTTGCACGTGAAGTAG
SEQ1508	TAAATCTGGTATGACGATGGTTATTGTCACTCATGAAATGGGTTTTGCACGTGAAGTAG
SEQ1509	TAAATCTGGTATGACGATGGTTATTGTCACTCATGAAATGGGTTTTGCACGTGAAGTAG
SEQ1510	-----
SEQ1511	-----



Table 15: Comparative Sequences relating to SAG0492

SEQ1501	GGATCGTGTTCATTTTTATGGATGCAGGCATTATTGT-GAGCAAGGGACCCCTAAGGAAG
SEQ1502	GGATCGTGTTCATTTTTATGGACGCAGAAATTAT-----
SEQ1503	GGATCGTGTTCATTTTTATGGATGCAGGAATTATTGTTGAGCAAGGGGGCCC-----
SEQ1504	GGATCGTGTTCATTTTTATGGATGCAGGGATTATTGTTGAGCAAGGGACCCCTAAGAAAG
SEQ1505	GGATCGTGTTCATTTTTATGGATGCAGGCATTATTGTTGASCAAGGGACCCCTAAGGAAG
SEQ1506	GGATCGTGTTCATTTTTATGGATGCAGGAATTATTGTGAGCAAGGGGGCCCTAAGGAAGT
SEQ1507	GGATCGTGTTC-TTTTTATGGATGCGGGAATTATTGT-GAGCAAGGGACC-----
SEQ1508	GGATCGTGTTCATTTTTATGGATGCAGGAATTATTGTTGAGCAAGGGGGCCCTAAGGAAG
SEQ1509	GGATCGTGTTCATTTTTATGGATGCAGGAATTATTGTTGAGCAAGGGGGCCCTAAGGAAG
SEQ1510	-----
SEQ1511	-----
SEQ1501	AT-----
SEQ1502	-----
SEQ1503	-----
SEQ1504	AT-----
SEQ1505	A-----
SEQ1506	TTTGAGCAGACAAAAGAAATCCGCACAAGAGATTTCCT
SEQ1507	-----
SEQ1508	AT-----
SEQ1509	ATTTAGCAAAACAAAAGAAAT-----
SEQ1510	-----
SEQ1511	-----

Table 16: Comparative Sequences relating to SAG0767 (D-alanine – D-alanine ligase)

## SEQ ID NO. 1601: SAG0767 FROM THE M781 GBS TYPE III STRAIN

TGGTCGCTCTGTGCGAACGTGAAGTATCTGTACTGTCTGCAGAAAGCGTCATGCGTGCTATTAATTATGATAAAATTTTTT  
 GTTAAACTTATTTTATCACGCAAGTAGGTCAATTTATTAACACACAAGAATTTGATGAAATGCCATCTTCAGATGAAAA  
 GTTAATGACAAACCAACTGTTGATTTAGACAAAATGGTTTCGTCCAAGTGATATCTATGATGATAATGCAATGTTTTCC  
 CCGTTTTACATGGACCAATGGGGGAAGATGGTTCTATCCAAGGATTTTGAAGTTTAAAGGATGCCTTATGTTGGGACT  
 AATATCTATCTTCAAGCGTGGCTATGGATAAAATTACAACAAAACAGTCCTTGCAACAGTAGGTGTACCTCAGGTGTC  
 ATATCAAACCTTATTTTGGGGTGATGATTTGGAACATGCGATTAACTCTCTTTAGAACTTTAAGTTTCCCAATTTTTG  
 TAAACCGGCTAATATGGGGTCATCAGTAGGTATTTCAAAGCGACAGATGAATCCTCACTTCGCTCTGCAATTGACTTA  
 GCTCTCAAGTATGATAGCCGATTTTGTATTGAACAAGGCGTGACAGCTCGTGAATTTGAAGTAGGTATTTAGGCAATAA  
 TGATGTTAAGACAACCTTTTCTGGCGAAGTTGTTAAAGACGTCGATTTCTATGACTATGACGCCAAATATATTGATAA  
 AAATTACTATGGATATCCAGCTAAAGTTGATGAAGCAACTATGGAAGCAATGCGTCAATATGCAAGTAAAGCTTTTAA  
 GCAATCGGGCTTGTGGTTTATCACGCTGTGATTTCTTTTGACGAAAGATGGACAAATCTTCTTAAACGAACCTGAATAC  
 AATGCCCGGTTTTACTCAGTGGTCAATGTATCTCTGCTTTGGGAAAATATGGGGCTAACTTATAGTGATTTGATTG

## SEQ ID NO. 1602: SAG0767 FROM THE 090 GBS TYPE Ia STRAIN

AAACCGGGCATTGTATTCACTTCGTTTAAAGAGACTTGTCCATCTTTCTGCAAAAAGAAATCACAGCGTGATAAACCACA  
 AGCCCCGATTGCTTTAAAGCTTTACTTGCATATTGACGCGATTGCTTCCATAGTTGCTTCATCACTTTAGCTGGAAATAT  
 CCATAGTAATTTTATTATCAATATATTTGGCGTCATAGTCATAGAAATCGACGCTTTAAGGACTTCGCCAGGAAAAGTT  
 GTCTTAACATCATTATTGCTTAAATACCTACTTCAATTTACAGAGCTGTACGCTTGTTCATCAAAAATACGGCTATC  
 ATACTTGAGAGCTAAGTCAATksCAGAGCGAAGTGAGGATTCATCTGTCGCTTTTGAATACCTACTGATGACCCCATAT  
 TAGCCGGTTTTACAAAAATTGGGAACTTAAAGTTTCTAAAGAGAGTTTAAATCGCATGTTCCAAATCATCACCTCAAAA  
 TAAGTTTGATATGCAACCTGAGGTACACCTACTGTTGCAAGGACTTGTGTTGTTAATTTTATCCATAGCCACGCTTGA  
 AGATGAATATTTAGTCCCAACATAAGGCATCTTAAACTTCTAAAAATCCTTGATAGAACCATCTTCCCCATTGGTC  
 CATGTAAACCGGGGAAAACATTGCATTATCATCATAGATATCACTTGGACGAACCATTTTGTCTAAATCAACAGTTTGG  
 TTTGTCATTAACTTTTCATCTGAAGATGGCATTTTCATCAATTTCTGTGTTTTAATAAATTGACCTACTTGCCTG

## SEQ ID NO. 1603: SAG0767 FROM THE COH1 TYPE Ia STRAIN

TCGCTCTGCGGAACGTGAAGTATCTGTACTGTCTGCAGAAAGCGTCATGCGTGCTATTAATTATGATAAAATTTTTGTTA  
 AAACCTTATTTTATCACGCAAGTAGGTCAATTTATTAACACACAAGAATTTGATGAAATGCCATCTTCAGATGAAAAGTTA  
 ATGACAAACCAACTGTTGATTAGACAAAATGGTTTCGTCCAAGTGATATCTATGATGATAATGCAATTTGTTTTCCCGCT  
 TTTACATGGACCAATGGGGGAAGATGGTTCTATCCAAGGATTTTGAAGTTTAAAGGATGCCTTATGTTGGGACTAATA  
 TTCTATCTTCAAGCGTGGCTAT

## SEQ ID NO. 1604: SAG0767 FROM THE CJB110 GBS NONTYPEABLE STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)

CGTCGATTTCATGACTATGACGCCAAATATATTGATAATAAAATTACTATGGATATTCAGCTAAAGTTGATGAAGCAA  
 CTATGGAAGCAATGCGTCAATATGCAAGTAAAGCTTTTAAAGCAATCGGGGCTTGTGGTTTATCACGCTGTGATTTCTTT  
 TTGACGAAAGATGGACAAATCTTCTTAAACGAACCTGAATACAATGCC

## SEQ ID NO. 1605: SAG0767 FROM THE CJB110 GBS NONTYPEABLE STRAIN

AACGTGAAGTATCTGTACTGCTGTCAGAAAAGCGTCATGCGTGCTATTAATTATGATAAAATTTTTGTTAAAACTTATT  
 TTATCACGCAAGTAGGTCAATTTATTAACACACAAGAATTTGATGAAATGCCATCTTCAGATGAAAA

## SEQ ID NO. 1606: SAG0767 FROM THE 1169NT1 GBS TYPE V STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)

CTAATATGGGGTCATCAGTAGGTATTTCAAAGCGACAGATGAATCCTCACTTCGCTCTGCAATTGACTTAGCTCTCAAG  
 TATGATAGCCGATTTTGTATTGAACAAGGCGTGACAGCTCGTGAAATTGAAGTAGGTATTTAGGCAATAATGATGTTAA  
 GACAACTTTTCTGGCGAAGTCGTTAAAGACGTCGATTTCTATGACTATGACGCCAAATATATTGATAATAAAATTACTA  
 TGGATATTCCAGCTAAAGTTGATGAAGCAACTATGGAAGCAATGCGTCAATATGCAAGTAAAGCTTTTAAAGCAATCGGG  
 GCTTGTGGTTTATCACGCTGTGATTTCTTTTGGACGAAAGATGGACAAATCTTCTTAAACGAACCTGAATACAATGCCCGG  
 TTTTACTCAGTGGTCAATGTATCTCTGCTTTGGGAAAAT

## SEQ ID NO. 1607: SAG0767 FROM THE 18RS21 GBS TYPE II STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)

TTGACTTAGCTCTCAAGTATGATAGCCGATTTTGTATTGAACAAGGCGTGACAGCTCGTGAAATTGAAGTAGGTATTTTA  
 GGCAATAATGATGTTAAGACAACCTTTCTGGCGAAGTCGTTAAAGACGTCGATTTCTATGACTATGACGCCAAATATAT  
 TGATAATAAAATTACTATGGATATTCAGCTAAAGTTGATGAAGCAACTATGGAAGCAATGCGTCAATATGCAAGTAAAG  
 CTTTTAAAGCAATCGGGGCTTGTGGTTTATCACGCTGTGATTTCTTTTGGACGAAAGATGGACAAATCTTCTTAAACGAA  
 CTGAATACAATGCCCGGTTTTACTCAGTGGTCAATGTATCCCCTGCTTTGGGAAAAGTATGGGGCTAACCTT

## SEQ ID NO. 1608: SAG0767 FROM THE 18RS21 GBS TYPE II STRAIN

ATCTGTACTGTCTGCAGAAAAGCGTCATGCGTGCTATTAATTATGATAAAATTTTTGTTAAAACTTATTTTATCACGCAA  
 GTAGGTCAATTTATTAACACACAAGAATTTGATGAAATGCCATCTTCAGATGAAAGTTAATGACAAACCAACTGTTGA  
 TTTAGACAAAATGGTTTCGTTCAAGTGATATCTATGATGATAATGCAATGTTTTCCCGGTTTTACATGGACCAATGGGGG  
 AAGATGGTTCTATCCAAGGATTTTGAAGTTTTAAGGATGCCTTATGTTGGGACTAATATTCTATCTTCAA

Table 16: Comparative Sequences relating to SAG0767 (D-alanine – D-alanine ligase)

SEQ ID NO. 1609: SAG0767 FROM THE 2603V/R GBS TYPE V STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)  
 GGCTATGGATAAAATTACAACAAACAGTCCTTGCAACAGTAGGTGTACCTCAGGTTGCATATCAAACCTTATTTGAGG  
 GTGATGATTTGGAACATGCGATTAACTCTCTTTAGAACTTTAAGTTTCCCAATTTTGTAAACCGGCTAATATGGGG  
 TCATCAGTAGGTATTTCAAAGCGACAGATGAATCCTCACTTCGCTCTGCAATTGACTTAGCTCTCAAGTATGATAGCCG  
 TATTTTGATTGAACAAGGCGTGACAGCTCGTGAAATTGAAGTAGGTATTTAGGCAATAATGATGTTAAGACAACTTTTC  
 CTGGCGAAGTCGTTAAAGACGTCGATTCTATGACTATGACGCCAAATATATTGATAATAAAATTACTATGGATATTTCCA  
 GCTAAAGTTGATGAAGCAACTATGGAAGCAATGCGTCAATATGCAAGTAAAGCTTTTAAAGCAATCGGGGCTTGTGTTT  
 ATCAGCTGTGATTTCTTTTGACGAAAGAATGGACAAATCTTCTTAAACGAACCTGAAATAC

SEQ ID NO. 1610: SAG0767 FROM THE 2603V/R GBS TYPE V STRAIN  
 TCTGTACTGTCTGCAGAAAGCGTCATGCGTGCTATTAATTATGATAAATTTTTGTTAAACCTTATTTTATCAGCGAAGT  
 AGGTCAATTTATTAAACACAAGAATTTGATGAAATGCCATCTTCAGATGAAAAGTTAATGACAAACCAAACCTGTTGATT  
 TAGACAAATGTTTCGTCCAAGTGATATCTATGATGATAAT

SEQ ID NO. 1611: SAG0767 FROM THE H36b GBS TYPE Ib STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)  
 AAAACCGGCTAATATGGGGTCATCAGTAGGTATTTCAAAGCGACAGATGAATCCTCACTTCGCTCTGCAATTGACTTAG  
 CTCCTCAAGTATGATAGCCGTATTTTGATTGAACAAGGCGTGACAGCTCGTGAAATTGAAGTAGGTATTTAGGCAATAAT  
 GATGTTAAGACAACTTTTCTGGCGAAGTCGTTAAAGACGTCGATTTCTATGACTATGACGCCAAATATATTGATAATAA  
 AATTACTATGGATATTTCCAGCTAAAGTTGATGAAGCAACTATGGAAGCAATGCGTCAATATGCAAGTAAAGCTTTTAAAG  
 CAATCGGGGCTTGTGTTTATCAGCTGTGATTTCTTTTGACGAAAGATGGACAAATCTTCTTAAACGAACCTGAATACA  
 ATGCCCGGTTTTACTCAGTGTCAATGTATCCCCTGCTTTGGGAAAATATGGGGCTAACTTATAG

SEQ ID NO. 1612: SAG0767 FROM THE H36b TYPE Ib STRAIN  
 CGTGAAGTATCTGTACTGTCTGCAGAAAGCGTCATGCGTGCTATTAATTATGATAAATTTTTGTTAAACCTTATTTTAT  
 CAGCGAAGTAGGTCAATTTATTAAACACAAGAATTTGATGAAATGCCATCTTCAGATGAAAAGTTAATGACAAACCAA  
 CTGTTGATTTAGACAAATGGTTCGTCCAAGTGATATCTATGATGATAATGCAATGTTTCCCGGTTTACATGGACCA  
 ATGGGGGAAGATGGTCTATCCAAGGATTTTAGAAGTTTAAAGATGCGTTATGTTGGGACTAATATCTATCTTCAAG  
 CGTGGCTATGGATAAAATTACACAAACAAAGTCCTTGCAACAGTAG

SEQ ID NO. 1613: SAG0767 FROM THE M732 GBS TYPE III STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)  
 ATGCGATTAAACTCTCTTTAGAACCTTTAAGTTTCCCAATTTTGTAAACCCGGCTAATATGGGGTCATCAGTAGGTATT  
 TCAAAGCGACAGATGAATCCTCACTTCGCTCTGCAATTGACTTAGCTCTCAAGTATGATAGCCGTATTTGATTGAACA  
 AGGCGTGACAGCTCGTGAAATTGAAGTAGGTATTTAGGCAATAATGATGTTAAGACAACTTTTCTGGCGAAGTTGTTA  
 AAGACGTCGATTTCTATGACTATGACGCCAAATATATTGATAATAAAATTACTATGGATATCCAGCTAAAGTTGATGAA  
 GCAACTATGGAAGCAATGCGTCAATATGCAAGTAAAGCTTTTAAAGCAATCGGGGCTTGTGTTTATCAGCTGTGATTT  
 CTTTTTGACGAAAGATGGACAAATCTTCTTAAACGAACCTGAATACAATGCCCGGTTTTACTCAGTGGTCAATGTATCCTC  
 TGCTTTGGGAAAATATGGGGCTAACTT

SEQ ID NO. 1614: SAG0767 FROM THE M732 GBS TYPE III STRAIN  
 GTCATGCCGTGCTATTAATTATGATAAATTTTTGTTAAACCTTATTTTATCAGCGAAGTAGGTCAATTTATTAAACAC  
 AAGAATTGATGAAATGCCATCTTCAGATGAAAAGTTAATGACAAACCAAACCTGTTGATTTAGACAAAATGGTTCGTCCA  
 AGTGATATCTATGATGATAATGCAATGTTTTCCCGTTTTACATGGACCAATGGGGGAAGATGGTCTATCCAAGGATT  
 TTTAGAAGTTTAAAGGATGCCTTATGTTGGGACTAATATTCTATCTTCAAGCGTGGCTATGGATAAAATTACAACAAAC  
 AAGTCCTTGCAACAGTAGGTGTACCTCAGG

SEQ ID NO. 1615: SAG0767 FROM THE A909 GBS TYPE Ia STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)  
 TTTTGAGGGTGATGATTTGGAACATGCGATTAACTCTCTTTAGAACTTTAAGTTTCCCAATTTTGTAAACCGGCTA  
 ATATGGGGTCATCAGTAGGTATTTCAAAGCGACAGATGAATCCTCACTTCGCTCTGCAATTGACTTAGCTCTCAAGTAT  
 GATAGCCGTATTTGATTGAACAAGGCGTGACAGCTCGTGAAATTGAAGTAGGTATTTAGGCAATAATGATGTTAAGAC  
 AACTTTTCTGGCGAAGTCGTTAAAGACGTCGATTTCTATGACTATGACGCCAAATATATTGATAATAAAATTACTATGG  
 ATATTCCAGCTAAAGTTGATGAAGCAACTATGGAAGCAATGCGTCAATATGCAAGTAAAGCTTTTAAAGCAATCGGGGCT  
 TGTGTTTATCAGCTGTGATTTCTTTTGACGAAAGATGGACAAATCTTCTTAAACGAACCTGAATACAATGCCCGGTTT  
 TACTCAGTGGTCAATGTATCCCCTGCTTTGGGAAAATATGGGGCTAACTTATAGTGA

SEQ ID NO. 1616: SAG0767 FROM THE A909 GBS TYPE Ia STRAIN  
 TGGTCTGCTCTGCGGAACGTGAAGTATCTGTACTGTCTGCAGAAAGCGTCATGCGTGCTATTAATTATGATAAATTTTTG  
 TTAACCTTATTTTATCAGCGAAGTAGGTCAATTTATTAAACACAAGAATTTGATGAAATGCCATCTTCAGATGAAAAG  
 TTAATGACAAACCAAACCTGTTGATTTAGACAAAATGGTTCGTCCAAGTGATATCTATGATGATAATGCAATGTTTTCCC  
 CGTTTTACATGGACCAATGGGGGAAGATGGTCTATCCAAGGATTTTGAAGTTTAAAGATGCTTATGTTGGGACTA  
 ATATTCTATCTTCAAGCGTGCTATGGATAAAATTACAACAAACAAAGTCCTTGCAACAGTAGG

Table 16: Comparative Sequences relating to SAG0767 (D-alanine – D-alanine ligase)

SEQ ID NO. 1617: SAG0767 FROM THE JM9130013 GBS TYPE VIII STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)

AAGCAGGGGATACATTGACCACTGAGTAAACCGGGCATTGTATTTCAGTTCGTTTAAAGAAGATCTGTCCATCTTTTCGTCA  
 AAAAGAAATCACAGCGTGATAAACCAAGCCCCGATTGCTTTAAAAGCTTTACTTGTCATATTGACGCATTGCTTCCATA  
 GATGCTTCATCAACTTTAGCTGGAATATCCATAGCAATTTTATTATCAATATATTTGGCG

SEQ1601	GGTCGCTCTGTGCGAACGTGAAGTATCTGTACTGTCTGCAGAAAGCGTCATGCGTGCTA
SEQ1602	-----
SEQ1603	-----
SEQ1604	-----
SEQ1605	-----
SEQ1606	-----
SEQ1607	-----
SEQ1608	-----
SEQ1609	-----
SEQ1610	-----
SEQ1611	-----
SEQ1612	-----
SEQ1613	-----
SEQ1614	-----
SEQ1615	-----
SEQ1616	-----
SEQ1617	-----

SEQ1601	TAATTATGATAAATTTTGTGTTAAACTTATTTTATCACGCAAGTAGGTCAATTATTA
SEQ1602	-----
SEQ1603	-----
SEQ1604	-----
SEQ1605	-----
SEQ1606	-----
SEQ1607	-----
SEQ1608	-----
SEQ1609	-----
SEQ1610	-----
SEQ1611	-----
SEQ1612	-----
SEQ1613	-----
SEQ1614	-----
SEQ1615	-----
SEQ1616	-----
SEQ1617	-----

SEQ1601	AACACAAGAATTTGATGAAATGCCATCTTCAGATGAAAAGTTAATGACAAACCAAAGT
SEQ1602	-----
SEQ1603	-----
SEQ1604	-----
SEQ1605	-----
SEQ1606	-----
SEQ1607	-----
SEQ1608	-----
SEQ1609	-----
SEQ1610	-----
SEQ1611	-----
SEQ1612	-----
SEQ1613	-----
SEQ1614	-----
SEQ1615	-----
SEQ1616	-----
SEQ1617	-----

Table 16: Comparative Sequences relating to SAG0767 (D-alanine – D-alanine ligase)

SEQ1601	TGATTTAGACAAAATGGTTCGTCCAAGTGATATCTATGATGATAATGCAATTGTTTTCC
SEQ1602	-----
SEQ1603	-----
SEQ1604	-----
SEQ1605	-----
SEQ1606	-----
SEQ1607	-----
SEQ1608	-----
SEQ1609	-----
SEQ1610	-----
SEQ1611	-----
SEQ1612	-----
SEQ1613	-----
SEQ1614	-----
SEQ1615	-----
SEQ1616	-----
SEQ1617	-----
SEQ1601	CGTTTACATGGACCAATGGGGGAAGATGGTTCATCCAAGGATTTTLAGAAGTTTAA
SEQ1602	-----
SEQ1603	-----
SEQ1604	-----
SEQ1605	-----
SEQ1606	-----
SEQ1607	-----
SEQ1608	-----
SEQ1609	-----
SEQ1610	-----
SEQ1611	-----
SEQ1612	-----
SEQ1613	-----
SEQ1614	-----
SEQ1615	-----
SEQ1616	-----
SEQ1617	-----
SEQ1601	GATGCCCTTATGTTGGGACTAATATTCTATCTTCAAGCGTGGCTATGGATAAAATTACAA
SEQ1602	-----
SEQ1603	-----
SEQ1604	-----
SEQ1605	-----
SEQ1606	-----
SEQ1607	-----
SEQ1608	-----
SEQ1609	-----GGCTATGGATAAAATTACAA
SEQ1610	-----
SEQ1611	-----
SEQ1612	-----
SEQ1613	-----
SEQ1614	-----
SEQ1615	-----
SEQ1616	-----
SEQ1617	-----

Table 16: Comparative Sequences relating to SAG0767 (D-alanine – D-alanine ligase)

SEQ1601	AAAACAAGTCCTTGCAACAGTAGGTGTACCTCAGGTTGCATATCAAACCTATTTTGAGG
SEQ1602	-----
SEQ1603	-----
SEQ1604	-----
SEQ1605	-----
SEQ1606	-----
SEQ1607	-----
SEQ1608	-----
SEQ1609	AAAACAAGTCCTTGCAACAGTAGGTGTACCTCAGGTTGCATATCAAACCTATTTTGAGG
SEQ1610	-----
SEQ1611	-----
SEQ1612	-----
SEQ1613	-----
SEQ1614	-----
SEQ1615	-----TTTTGAGG
SEQ1616	-----
SEQ1617	-----
SEQ1601	TGATGATTGGAACATGCGATTAAACTCTCTTTAGAACTTTAAGTTTCCCAATTTTGG
SEQ1602	-----
SEQ1603	-----
SEQ1604	-----
SEQ1605	-----
SEQ1606	-----
SEQ1607	-----
SEQ1608	-----
SEQ1609	TGATGATTGGAACATGCGATTAAACTCTCTTTAGAACTTTAAGTTTCCCAATTTTGG
SEQ1610	-----
SEQ1611	-----
SEQ1612	-----
SEQ1613	-----ATGCGATTAAACTCTCTTTAGAACTTTAAGTTTCCCAATTTTGG
SEQ1614	-----
SEQ1615	TGATGATTGGAACATGCGATTAAACTCTCTTTAGAACTTTAAGTTTCCCAATTTTGG
SEQ1616	-----
SEQ1617	-----
SEQ1601	AAAACCGGCTAATATGGGGTCATCAGTAGGTATTTCAAAGCGACAGATGAATCCTCAC
SEQ1602	-----AAACCGGGC
SEQ1603	-----TCGCTCTGCGGAACGTGAAGTATCTGTACTG-TCTGCAGAAA-GCGT
SEQ1604	-----
SEQ1605	-----AACGTGAAGTATCTGTACTGCTCTGCAGAAAAGCGT
SEQ1606	-----CTAATATGGGGTCATCAGTAGGTATTTCAAAGCGACAGATGAATCCTCAC
SEQ1607	-----
SEQ1608	-----ATCTGTACTG-TCTGCAGAAAAGCGT
SEQ1609	AAAACCGGCTAATATGGGGTCATCAGTAGGTATTTCAAAGCGACAGATGAATCCTCAC
SEQ1610	-----TCTGTACTG-TCTGCAGAAA-GCGT
SEQ1611	AAAACCGGCTAATATGGGGTCATCAGTAGGTATTTCAAAGCGACAGATGAATCCTCAC
SEQ1612	-----CGTGAAGTATCTGTACTG-TCTGCAGAAA-GCGT
SEQ1613	AAAACCGGCTAATATGGGGTCATCAGTAGGTATTTCAAAGCGACAGATGAATCCTCAC
SEQ1614	-----GT
SEQ1615	AAAACCGGCTAATATGGGGTCATCAGTAGGTATTTCAAAGCGACAGATGAATCCTCAC
SEQ1616	-----TGGTCGCTCTGCGGAACGTGAAGTATCTGTACTG-TCTGCAGAAA-GCGT
SEQ1617	-----AAGCAGGGGATACATTGACCACTGAGTAAACCGGGC
SEQ1601	TCGCTCTGCAATTGACTTAGCTCTCAAGTATGATAGCCGTATTTTGATTGAACAAGGCG
SEQ1602	TTGT-ATTCAGTTCGTTTAAAGAACTTGTCCATCTTTCGTCAAAAAGAAATCACAGCG
SEQ1603	ATGC-GTGCTATTAATTATGATAAAATTTTGTAAACTTATTTTATCACGCAAGTAG
SEQ1604	-----
SEQ1605	ATGC-GTGCTATTAATTATGATAAAATTTTGTAAACTTATTTTATCACGCAAGTAG
SEQ1606	TCGCTCTGCAATTGACTTAGCTCTCAAGTATGATAGCCGTATTTTGATTGAACAAGGCG
SEQ1607	-----TTGACTTAGCTCTCAAGTATGATAGCCGTATTTTGATTGAACAAGGCG
SEQ1608	ATGC-GTGCTATTAATTATGATAAAATTTTGTAAACTTATTTTATCACGCAAGTAG
SEQ1609	TCGCTCTGCAATTGACTTAGCTCTCAAGTATGATAGCCGTATTTTGATTGAACAAGGCG

Table 16: Comparative Sequences relating to SAG0767 (D-alanine – D-alanine ligase)

SEQ1610	ATGC-GTGCTATTAATTATGATAAAATTTTGTGTTAAACTTATTTTATCACGCAAGTAG
SEQ1611	TCGCTCTGCAATTGACTTAGCTCTCAAGTATGATAGCCGTATTTTGATTGAACAAGGCG
SEQ1612	ATGC-GTGCTATTAATTATGATAAAATTTTGTGTTAAACTTATTTTATCACGCAAGTAG
SEQ1613	TCGCTCTGCAATTGACTTAGCTCTCAAGTATGATAGCCGTATTTTGATTGAACAAGGCG
SEQ1614	ATGCCGTGCTATTAATTATGATAAAATTTTGTGTTAAACTTATTTTATCACGCAAGTAG
SEQ1615	TCGCTCTGCAATTGACTTAGCTCTCAAGTATGATAGCCGTATTTTGATTGAACAAGGCG
SEQ1616	ATGC-GTGCTATTAATTATGATAAAATTTTGTGTTAAACTTATTTTATCACGCAAGTAG
SEQ1617	TTGT-ATTCAGTTCGTTTAAAGAAGATCTGTCCATCTTCGTCAAAAAGAAATCACAGCG
SEQ1601	GACAGCTCGTGAAATTGAAGTAGGTATTTTAGGCAATAATGATGTTAAGACAACCTTTTC
SEQ1602	GATAAACCACAAGC----CCGATTGCTTTAAAGCTTTACTTGCAATTTGACGCATTG
SEQ1603	GTCATTTTATTAAA---ACACAAGAATTTGATGAAATGCCATCTTCAGATGAAAAGTTA
SEQ1604	-----
SEQ1605	GTCATTTTATTAAA---ACACAAGAATTTGATGAAATGCCATCTTCAGATGAAAAGTTA
SEQ1606	GACAGCTCGTGAAATTGAAGTAGGTATTTTAGGCAATAATGATGTTAAGACAACCTTTTC
SEQ1607	GACAGCTCGTGAAATTGAAGTAGGTATTTTAGGCAATAATGATGTTAAGACAACCTTTTC
SEQ1608	GTCATTTTATTAAA---ACACAAGAATTTGATGAAATGCCATCTTCAGATGAAAAGTTA
SEQ1609	GACAGCTCGTGAAATTGAAGTAGGTATTTTAGGCAATAATGATGTTAAGACAACCTTTTC
SEQ1610	GTCATTTTATTAAA---ACACAAGAATTTGATGAAATGCCATCTTCAGATGAAAAGTTA
SEQ1611	GACAGCTCGTGAAATTGAAGTAGGTATTTTAGGCAATAATGATGTTAAGACAACCTTTTC
SEQ1612	GTCATTTTATTAAA---ACACAAGAATTTGATGAAATGCCATCTTCAGATGAAAAGTTA
SEQ1613	GACAGCTCGTGAAATTGAAGTAGGTATTTTAGGCAATAATGATGTTAAGACAACCTTTTC
SEQ1614	GTCATTTTATTAAA---ACACAAGAATTTGATGAAATGCCATCTTCAGATGAAAAGTTA
SEQ1615	GACAGCTCGTGAAATTGAAGTAGGTATTTTAGGCAATAATGATGTTAAGACAACCTTTTC
SEQ1616	GTCATTTTATTAAA---ACACAAGAATTTGATGAAATGCCATCTTCAGATGAAAAGTTA
SEQ1617	GATAAACCACAAGC----CCGATTGCTTTAAAGCTTTACTTGCAATTTGACGCATTG
SEQ1601	TGGCGAAGTTGTTAAAGACGTCGATTTCTATGA--CTATGACGCCAAAT-ATATTGATA
SEQ1602	TTCCATAGTT----GCTTCATCAACTTTAGCTGGAATATCCATAGTAATTTTATTATCA
SEQ1603	TGACAAACC-----AAACTGTTGATTTAGACAAAATGGTTCGTCCCAAGTGATATCTATG
SEQ1604	-----CGTCGATTTCTATGA--CTATGACGCCAAAT-ATATTGATA
SEQ1605	-----
SEQ1606	TGGCGAAGTCGTTAAAGACGTCGATTTCTATGA--CTATGACGCCAAAT-ATATTGATA
SEQ1607	TGGCGAAGTCGTTAAAGACGTCGATTTCTATGA--CTATGACGCCAAAT-ATATTGATA
SEQ1608	TGACAAACC-----AAACTGTTGATTTAGACAAAATGGTTCGTCCCAAGTGATATCTATG
SEQ1609	TGGCGAAGTCGTTAAAGACGTCGATTTCTATGA--CTATGACGCCAAAT-ATATTGATA
SEQ1610	TGACAAACC-----AAACTGTTGATTTAGACAAAATGGTTCGTCCCAAGTGATATCTATG
SEQ1611	TGGCGAAGTCGTTAAAGACGTCGATTTCTATGA--CTATGACGCCAAAT-ATATTGATA
SEQ1612	TGACAAACC-----AAACTGTTGATTTAGACAAAATGGTTCGTCCCAAGTGATATCTATG
SEQ1613	TGGCGAAGTTGTTAAAGACGTCGATTTCTATGA--CTATGACGCCAAAT-ATATTGATA
SEQ1614	TGACAAACC-----AAACTGTTGATTTAGACAAAATGGTTCGTCCCAAGTGATATCTATG
SEQ1615	TGGCGAAGTCGTTAAAGACGTCGATTTCTATGA--CTATGACGCCAAAT-ATATTGATA
SEQ1616	TGACAAACC-----AAACTGTTGATTTAGACAAAATGGTTCGTCCCAAGTGATATCTATG
SEQ1617	TTCCATAGAT----GCTTCATCAACTTTAGCTGGAATATCCATAGCAATTTTATTATCA
SEQ1601	TAAAATTACTAT--GGATATTCCAGCTAAAGTTGATGAAGCAACTATGGAAGCAATGCG
SEQ1602	TATATTTGGCGTCATAGTCATAGAAATCGACGCTTTTAACGACTTCGCCAGG--AAAAG
SEQ1603	TGATAATGCAAT--TGTTTTCCCGTTTTAC---ATGGACCAATGGGGGAAG--ATGGT
SEQ1604	TAAAATTACTAT--GGATATTCCAGCTAAAGTTGATGAAGCAACTATGGAAGCAATGCG
SEQ1605	-----
SEQ1606	TAAAATTACTAT--GGATATTCCAGCTAAAGTTGATGAAGCAACTATGGAAGCAATGCG
SEQ1607	TAAAATTACTAT--GGATATTCCAGCTAAAGTTGATGAAGCAACTATGGAAGCAATGCG
SEQ1608	TGATAATGCAAT--TGTTTTCCCGTTTTAC---ATGGACCAATGGGGGAAG--ATGGT
SEQ1609	TAAAATTACTAT--GGATATTCCAGCTAAAGTTGATGAAGCAACTATGGAAGCAATGCG
SEQ1610	TGATAAT--
SEQ1611	TAAAATTACTAT--GGATATTCCAGCTAAAGTTGATGAAGCAACTATGGAAGCAATGCG
SEQ1612	TGATAATGCAAT--TGTTTTCCCGTTTTAC---ATGGACCAATGGGGGAAG--ATGGT
SEQ1613	TAAAATTACTAT--GGATATTCCAGCTAAAGTTGATGAAGCAACTATGGAAGCAATGCG
SEQ1614	TGATAATGCAAT--TGTTTTCCCGTTTTAC---ATGGACCAATGGGGGAAG--ATGGT
SEQ1615	TAAAATTACTAT--GGATATTCCAGCTAAAGTTGATGAAGCAACTATGGAAGCAATGCG
SEQ1616	TGATAATGCAAT--TGTTTTCCCGTTTTAC---ATGGACCAATGGGGGAAG--ATGGT
SEQ1617	TATATTTGGCGT---ABLECMPARATIVESEQUENCESRELA-TINGTSAGD--ALANI

Table 16: Comparative Sequences relating to SAG0767 (D-alanine – D-alanine ligase)

SEQ1601	CAATATGCAAGTAAAGCTTTTAAAGCAATCGGGGCTTGTGGTTTATCACGCTGTGATTT
SEQ1602	T--GTCTTAACATCATTATTGCCTAAAATACCTACTTCAATTTACAGAGCTGTCACGCC
SEQ1603	C--TATCCAAG--GATTTT TAGAAGTTTAAAGGATGCCTTATGTTGGGACTAATATTCT
SEQ1604	CAATATGCAAGTAAAGCTTTTAAAGCAATCGGGGCTTGTGGTTTATCACGCTGTGATTT
SEQ1605	-----
SEQ1606	CAATATGCAAGTAAAGCTTTTAAAGCAATCGGGGCTTGTGGTTTATCACGCTGTGATTT
SEQ1607	CAATATGCAAGTAAAGCTTTTAAAGCAATCGGGGCTTGTGGTTTATCACGCTGTGATTT
SEQ1608	C--TATCCAAG--GATTTT TAGAAGTTTAAAGGATGCCTTATGTTGGGACTAATATTCT
SEQ1609	CAATATGCAAGTAAAGCTTTTAAAGCAATCGGGGCTTGTGGTTTATCACGCTGTGATTT
SEQ1610	-----
SEQ1611	CAATATGCAAGTAAAGCTTTTAAAGCAATCGGGGCTTGTGGTTTATCACGCTGTGATTT
SEQ1612	C--TATCCAAG--GATTTT TAGAAGTTTAAAGGATGCCTTATGTTGGGACTAATATTCT
SEQ1613	CAATATGCAAGTAAAGCTTTTAAAGCAATCGGGGCTTGTGGTTTATCACGCTGTGATTT
SEQ1614	C--TATCCAAG--GATTTT TAGAAGTTTAAAGGATGCCTTATGTTGGGACTAATATTCT
SEQ1615	CAATATGCAAGTAAAGCTTTTAAAGCAATCGGGGCTTGTGGTTTATCACGCTGTGATTT
SEQ1616	C--TATCCAAG--GATTTT TAGAAGTTTAAAGGATGCCTTATGTTGGGACTAATATTCT
SEQ1617	E--DALANINELIGASE-----
SEQ1601	TTTTTGACGAAAGA--TGGACAAATCTTCTTAAACGAACTGAA-TACAATGCCCGGTTT
SEQ1602	TGTTCAATCAAATACGGCTATCATACCTTGAGAGCTAAGTCAATKSCAGAGCGAAGTGA
SEQ1603	TCTTCAAGCGTGGCTAT-----
SEQ1604	TTTTTGACGAAAGA--TGGACAAATCTTCTTAAACGAACTGAA-TACAATGCC-----
SEQ1605	-----
SEQ1606	TTTTTGACGAAAGA--TGGACAAATCTTCTTAAACGAACTGAA-TACAATGCCCGGTTT
SEQ1607	TTTTTGACGAAAGA--TGGACAAATCTTCTTAAACGAACTGAA-TACAATGCCCGGTTT
SEQ1608	TCTTCAA-----
SEQ1609	TTTTTGACGAAAGAA-TGGACAAATCTTCTTAAACGAACTGAAATAC-----
SEQ1610	-----
SEQ1611	TTTTTGACGAAAGA--TGGACAAATCTTCTTAAACGAACTGAA-TACAATGCCCGGTTT
SEQ1612	TCTTCAAGCGTGGCTATGGATAAAATTACAACAAAACAAGTCCTTGCAACAGTAG----
SEQ1613	TTTTTGACGAAAGA--TGGACAAATCTTCTTAAACGAACTGAA-TACAATGCCCGGTTT
SEQ1614	TCTTCAAGCGTGGCTATGGATAAAATTACAACAAAACAAGTCCTTGCAACAGTAGGTGT
SEQ1615	TTTTTGACGAAAGA--TGGACAAATCTTCTTAAACGAACTGAA-TACAATGCCCGGTTT
SEQ1616	TCTTCAAGCGTGGCTATGGATAAAATTACAACAAAACAAGTCCTTGCAACAGTAGG----
SEQ1617	-----
SEQ1601	ACTCAGTGGTCAATGTATCCTCTGCTTTGGGAAAA-TATGGGGCTAACTTATAGTGATT
SEQ1602	GATTCATCTGTCGCTTTTGAAATACCTACTGATGACCCCATATTAGCCGGTTTACAAA
SEQ1603	-----
SEQ1604	-----
SEQ1605	-----
SEQ1606	ACTCAGTGGTCAATGTATCCTCTGCTTTGGGAAAA-T-----
SEQ1607	ACTCAGTGGTCAATGTATCCCTGCTTTGGGAAAAGTATGGGGCTAACCTT-----
SEQ1608	-----
SEQ1609	-----
SEQ1610	-----
SEQ1611	ACTCAGTGGTCAATGTATCCCTGCTTTGGGAAAA-TATGGGGCTAACTTATAG-----
SEQ1612	-----
SEQ1613	ACTCAGTGGTCAATGTATCCTCTGCTTTGGGAAAA-TATGGGGCTAACTT-----
SEQ1614	CCTCAGG-----
SEQ1615	ACTCAGTGGTCAATGTATCCCTGCTTTGGGAAAA-TATGGGGCTAACTTATAGTGA--
SEQ1616	-----
SEQ1617	-----



Table 16: Comparative Sequences relating to SAG0767 (D-alanine – D-alanine ligase)

SEQ1601	GATTG-----
SEQ1602	ATTGGGAAACTTAAAGTTTCTAAAGAGAGTTTAATCGCATGTTCCAAATCATCACCCCTC
SEQ1603	-----
SEQ1604	-----
SEQ1605	-----
SEQ1606	-----
SEQ1607	-----
SEQ1608	-----
SEQ1609	-----
SEQ1610	-----
SEQ1611	-----
SEQ1612	-----
SEQ1613	-----
SEQ1614	-----
SEQ1615	-----
SEQ1616	-----
SEQ1617	-----
SEQ1601	-----
SEQ1602	AAATAAGTTTGATATGCAACCTGAGGTACACCTACTGTTGCAAGGACTTGTTTTGTTGT
SEQ1603	-----
SEQ1604	-----
SEQ1605	-----
SEQ1606	-----
SEQ1607	-----
SEQ1608	-----
SEQ1609	-----
SEQ1610	-----
SEQ1611	-----
SEQ1612	-----
SEQ1613	-----
SEQ1614	-----
SEQ1615	-----
SEQ1616	-----
SEQ1617	-----
SEQ1601	-----
SEQ1602	ATTTTATCCATAGCCACGCTTGAAGATAGAATATTAGTCCCAACATAAGGCATCCTTAA
SEQ1603	-----
SEQ1604	-----
SEQ1605	-----
SEQ1606	-----
SEQ1607	-----
SEQ1608	-----
SEQ1609	-----
SEQ1610	-----
SEQ1611	-----
SEQ1612	-----
SEQ1613	-----
SEQ1614	-----
SEQ1615	-----
SEQ1616	-----
SEQ1617	-----

Table 16: Comparative Sequences relating to SAG0767 (D-alanine – D-alanine ligase)

SEQ1601	-----
SEQ1602	ACTTCTAAAAATCCTTGGATAGAACCATCTTCCCCCATTGGTCCATGTAAAACGGGGAA
SEQ1603	-----
SEQ1604	-----
SEQ1605	-----
SEQ1606	-----
SEQ1607	-----
SEQ1608	-----
SEQ1609	-----
SEQ1610	-----
SEQ1611	-----
SEQ1612	-----
SEQ1613	-----
SEQ1614	-----
SEQ1615	-----
SEQ1616	-----
SEQ1617	-----
SEQ1601	-----
SEQ1602	ACAATTGCATTATCATCATAGATATCACTTGGACGAACCATTTTGTCTAAATCAACAGT
SEQ1603	-----
SEQ1604	-----
SEQ1605	-----
SEQ1606	-----
SEQ1607	-----
SEQ1608	-----
SEQ1609	-----
SEQ1610	-----
SEQ1611	-----
SEQ1612	-----
SEQ1613	-----
SEQ1614	-----
SEQ1615	-----
SEQ1616	-----
SEQ1617	-----
SEQ1601	-----
SEQ1602	TGGTTTGTTCATTAACTTTTCATCTGAAGATGGCATTTCATCAAATTCTGTGTTTTAAT
SEQ1603	-----
SEQ1604	-----
SEQ1605	-----
SEQ1606	-----
SEQ1607	-----
SEQ1608	-----
SEQ1609	-----
SEQ1610	-----
SEQ1611	-----
SEQ1612	-----
SEQ1613	-----
SEQ1614	-----
SEQ1615	-----
SEQ1616	-----
SEQ1617	-----

**Table 16: Comparative Sequences relating to SAG0767 (D-alanine – D-alanine ligase)**

SEQ1601	-----
SEQ1602	AATTGACCTACTTGCGTG
SEQ1603	-----
SEQ1604	-----
SEQ1605	-----
SEQ1606	-----
SEQ1607	-----
SEQ1608	-----
SEQ1609	-----
SEQ1610	-----
SEQ1611	-----
SEQ1612	-----
SEQ1613	-----
SEQ1614	-----
SEQ1615	-----
SEQ1616	-----
SEQ1617	-----

Table 17: Comparative Sequences relating to SAG1086 (xanthine phosphoribosyltransferase)

SEQ ID NO. 1701: SAG1086 FROM THE1169NT1 GBS NONTYPEABLE STRAIN  
 TTTAAAGGTTGATTCCTTTTGAAGTATCAGGTAGATTTTGAAGTAAATGCAGGAAATAGGTAAAGTTTGTCTGATAAATATAAAGAAG  
 CCGGCATTACGAAGGTTGTTACGATTGAAGCATCTGGAATTGCGCCAGCAGTGTACGAGCTCAAGCATTTGGGCGTACCAATGATATTT  
 GCTAAAAGGCTAAGAACATTACTATGACTGAAGGTATCTTAACTGCTGAAGTGTATCTTTTACAAAGCAAGWTACGAGTCAAGTTTC  
 TATTGTGAGTCGCTTTTATCTAACGATGATACTGTACTCATCTTGTATGACTTTTGTAGCAACGGTCAAGCGGCTAAAGGATTACTTG  
 AAATTATTGGTCAAGCTGGAGCTAAGGTTGCTGGTATCGGAATCGTTATTGAAAAATCTTTCCAAGATGGGCGTGATTGTTAGAAAAA  
 ACAGGTGTTCCAGT

SEQ ID NO. 1702: SAG0767 FROM THE 18RS21 GBS TYPE II STRAIN  
 TTAGGTGAGAACAGTTTAAAGGTTGATTCCTTTTGAAGTATCAGGTAGATTTTGAAGTAAATGCAGGAAATAGGTAAAGTTTGTCTG  
 ATAAATATAAAGAAGCCGGCATTACGAAGGTTGTTACGATTGAAGCATCTGGAATTGCGCCAGCAGTGTACGAGCTCAAGCATTTGGGC  
 GKACCAATGATATTTGCTAAAAGGCTAAGAACATTACTATGACTGAAGGTATCTTAACTGCTGAAGTGTATCTTTTACAAAGCAAGT  
 TACGAGTCAAGTTTCTATGTGAGTCGCTTTTATCTAACGATGATACTGTACTCATCTTGTATGACTTTTGTAGCAACGGTCAAGCGG  
 CTAAGGATTACTTGAAATTATTGGTCAAGCTGGAGCTAAGGTTGCTGGTATCGGAATCGTTATTGAAAAATCTTTCCAAGATGGGCGT  
 GATTTGTTAGAAAAACA

SEQ ID NO. 1703: SAG0767 FROM THE H36b1 GBS TYPE Ib STRAIN  
 AAGAACGATTTCTTAAAGATGGTGATGTTTGAAGTGAACATTTTAAAGTTGATTCCTTTTGAAGTAAATGCAGGAAATAGGTAAAGTTTGTCTG  
 ATAAATATAAAGAAGCCGGCATTACGAAGGTTGTTACGATTGAAGCATCTGGAATTGCGCCAGCAGTGTACGAGCTCAAGCATTTGGGC  
 AGCAGTGTACGAGCTCAAGCATTTGGGCGTACCAATGATATTTGCTAAAAGGCTAAGAACATTACTATGACTGAAGGTATCTTAACTG  
 CTGAAGGTATCTTTTACAAAGCAAGTTACGAGTCAAGTTTCTATTGTGAGTCGCTTTTATCTAACGATGATACTGTACTCATCTT  
 GATGACTTTTGTAGCAACGGTCAAGCGGCTAAGGATTACTTGAAATTATTGGTCAAGCTGGAGCTAAGGTTGCTGGTATCGGAATCGT  
 TATTGAAAAATCTTTCCAAGATGGGCGTGATT

SEQ ID NO. 1704: SAG0767 FROM THE M732 GBS TYPE III STRAIN  
 ATCTTTTGTGACTATCAGGTAAATTTTGAAGTAAATGCAGGAAATAGGTAAAGTTTGTCTGATAAATATAAAGAAGCCGGCATTACGA  
 AGGTTGTTACAAATGAAGCATCTGGAATTGCGCCAGCAGTGTACGAGCTCAAGCATTTGGGCGTACCAATGATATTTGCTAAAAGGCT  
 AAGAACATTACTATGACTGAAGGTATCTTAACTGCTGAAGTGTATCTTTTACAAAGCAAGTTACGAGTCAAGTTTCTATTGTGAGTCG  
 CTTTATCTAACGATGATACTGTACTCATCTTGTATGACTTTTGTAGCAACGGTCAAGCGGCTAAGGATTACTTGAAATTATTGGTC  
 AAGCTGAAGCTAAGGTTGCTGGTATCGGAATCGTTATTGAAAAATCTTTCCAAGATGGGCGTGATTGTTAGAAAAACAGGTGTTCCG  
 GTTACTTCTCTTGCTCGT

SEQ ID NO. 1705: SAG0767 FROM THE M781 GBS TYPE III STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)  
 GAACGATTTCTTAAAGATGGTGATGTTTGAAGTGAACATTTTAAAGTTGATTCCTTTTGAAGTAAATGCAGGAAATAGGTAAAGTTTGTCTG  
 ATAAATATAAAGAAGCCGGCATTACGAAGGTTGTTACAAATGAAGCATCTGGAATTGCGCCAGCAGTGTACGAGCTCAAGCATTTGGGC  
 CAGTGTACGAGCTCAAGCATTTGGGCGTACCAATGATATTTGCTAAAAGGCTAAGAACATTACTATGACTGAAGGTATRTTAACTGCT  
 GAAGTGTATCTTTTACAAAGCAAGTTACGAGTCAAGTTTCTATTGTGAGTCGCTTTTATCTAACGATGATACTGTACTCATCTTGA  
 TGACTTTTAAACAAACGGTCAAGC

SEQ ID NO. 1706: SAG0767 FROM THE 090 GBS TYPE Ia STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)  
 ACATTTTAAAGGTTGATTCCTTTTGAAGTAAATGCAGGAAATAGGTAAAGTTTGTCTGATAAATATAAAGAAGCCGGCATTACGA  
 AGGCTTACGAAGGTTGTTACGATTGAAGCATCTGGAATTGCGCCAGCAGTGTACGAGCTCAAGCATTTGGGCGTACCAATGAT  
 ATTTGTAAAAAGCTAAGAACATTACTATGACTGAAGGTATCTTAACTGCTGAAGTGTATCTTTTACAAAGCAAGTTACGAGTCAAG  
 TTTCTATTGTGAGTCGCTTTTATCTAACGATGATACTGTACTCATCTTGTATGACTTTTGTAGCAACCGTCAAGCGGCTAAGGATT  
 CTTGAAATTATTGGTCAAGCTGGAGCTAAGGTTGCTGGTATCGGAATCGTTATTGAAAAATCTTTCCAAGATGGGCGTGATTGTTAG  
 AAA

SEQ ID NO. 1707: SAG0767 FROM THE A909 GBS TYPE Ia STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)  
 ACGTATTTCTTAAAGATGGTGATGTTTGAAGTGAACATTTTAAAGTTGATTCCTTTTGAAGTAAATGCAGGAAATAGGTAAAGTTTGTCTG  
 ATAAATATAAAGAAGCCGGCATTACGAAGGTTGTTACAAATGAAGCATCTGGAATTGCGCCAGCAGTGTACGAGCTCAAGCATTTGGGC  
 GTGTACGAGCTCAAGCATTTGGGCGTACCAATGATATTTGCTAAAAGGCTAAGAACATTACTATGACTGAAGGTATCTTAACTGCTGA  
 AGTGTATCTTTTACAAAGCAAGTTACGAGTCAAGTTTCTATTGTGAGTCGCTTTTATCTAACGATGATACTGTACTCATCTTGTATG  
 ACTTTTGTAGCAACCGGCTAAGGTTGCTGGTATCGGAATCGTTATTGAAAAATCTTTCCAAGATGGGCGTGATTGTTAGAAAAA

SEQ ID NO. 1708: SAG0767 FROM THE COH1 GBS TYPE Ia STRAIN  
 TTTAAAGTTGATTCCTTTTGAAGTAAATGCAGGAAATAGGTAAAGTTTGTCTGATAAATATAAAGAAGCCGGCATTACGA  
 AGGCTTACGAAGGTTGTTACGATTGAAGCATCTGGAATTGCGCCAGCAGTGTACGAGCTCAAGCATTTGGGCGTACCAATGATATTT  
 GCTAAAAGGCTAAGAACATTACTATGACTGAAGGTATCTTAACTGCTGAAGTGTATCTTTTACAAAGCAAGTTACGAGTCAAGTTTC  
 TATTGTGAGTCGCTTTTATCTAACGATGATACTGTACTCATCTTGTATGACTTTTGTAGCAACCGTCAAGCGGCTAAGGATTACTTG  
 AAATTATTGGTCAAGCTGAAGCTAAGGTTGCTGGTATCGGAATCGTTATTGAAAAATCTTTCCAAGATGGGCGTGATTGTTAGAAAAA  
 ACAGGTGTTCCGGTTAC

SEQ ID NO. 1709: SAG0767 FROM THE CJB110 GBS NONTYPEABLE STRAIN (REVERSE  
 COMPLEMENT)  
 GCTGATAAATATAAAGAAGCCGGCATTACGAAGGTTGTTACAAATGAAGCATCTGGAATTGCGCCAGCAGTGTACGAGCTCAAGCAT  
 GGGCGTACCAATGATATTTGCTAAAAGGCTAAGAACATTACTATGACTGAAGGTATCTTAACTGCTGAAGTGTATCTTTTACAAAGC  
 AAGTTACGAGTCAAGTTTCTATTGTGAGTCGCTTTTATCTAACGATGATACTGTACTCATCTTGTATGACTTTTGTAGCAACCGGCTCA  
 GCGGCTAAAAGGATTACTTTGAAATTATTGGTCAAGCTGGAGCTAAGGTTGCTGGTATCGGAATCGTTATTGAAAAATCTTTCCAAGAT  
 GGGCGTGATTGTTAGAAAAACAGGTGTTCCAGT

Table 17: Comparative Sequences relating to SAG1086 (xanthine phosphoribosyltransferase)

SEQ ID NO. 1710: SAG0767 FROM THE 2603 V/R GBS TYPE V STRAIN

AACGTATTCTTAAAGATGGTGATGTTTTAGGTGAGAACATTTTAAAGTTGATTCTTTTTGACTCATCAGGTAGATTGTTGAGTAAATG  
 CAGGAAATAGGTAAGTTTTTGTCTGATAAATATAAAGAAGCCGGCATTACGAAGGTTGTTACAATTGAAGCATCTGGAATTGCGCCAGC  
 AGTGTAACGCAGCTCAAGCATTGGGCGTACCAATGATATTTGCTAAAAAAGCTAAGAACATTACTATGACTGAAGGTATCTTAACTGCTG  
 AAGTGTATCTTTTACAAGCAAGTTACGAGTCAAGTTTCTATGTGAGTCGCTTTTATCTAACGATGATACGTACTCATCATTTGAT  
 GACTTTTTAGCAAACGGTCAAGCGGCTAAAGGATTACTTGAATATTGTTGTCAGCTGGAGCTAAGGTTGCTGGTATCGGAATCGTTAT  
 TGAATAATCTTTCCAAGATGGGCGTGATTTGTTAGAAAAAACAGGTGTTCCAG

SEQ ID NO. 1711: SAG0767 FROM THE JM9130013 GBS TYPE VIII STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)

ACGAAGGTTGTTACAATTGAAGCATCTGGAATTGCGCCAGCAGTGTAACGCAGCTCAAGCATTGGGCGTACCAATGATATTTGCTAAAAA  
 AGCTAAGAACATTACTATGACTGAAGGTATCTTAACTGCTGAAGTGTATTCTTTTACAAGCAAGTTACGAGTCAAGTTTCTATGTGTA  
 GTCGCTTTTATCTAACGATGATCTGACTCATCATTTGATGACTTTTACCAAACGGTCAAGCGGCTAAAGGATTACTTGAATATTAT  
 GGTCAAGCTGGAGCTAAGGTTGCTGGTATCGGA

SEQ1701 -----TTTAAAGGTTGATTCTCT  
 SEQ1702 -----TTTAGGTGAGAACATTTTAAAGGTTGATTCTT  
 SEQ1703 AGAACGTATTCTTAAAGATGGTGATGTTTTAGGTGAGAACATTTTAAAGTTGATTCTT  
 SEQ1704 -----ATTCT  
 SEQ1705 -GAACGTATTCTTAAAGATGGTGATGTTTTAGGTGAGAACATTTTAAAGTTGATTCTT  
 SEQ1706 -----ACATTTTAAAGGTTGATTCTT  
 SEQ1707 ---ACGTATTCTTAAAGATGGTGATGTTTTAGGTGAGAACATTTTAAAGTTGATTCTT  
 SEQ1708 -----TTTAAAGGTTGATTCTT  
 SEQ1709 -----  
 SEQ1710 --AACGTATTCTTAAAGATGGTGATGTTTTAGGTGAGAACATTTTAAAGTTGATTCTT  
 SEQ1711 -----

SEQ1701 TTTGACTCATCAGGTAGATTTTGTAGTTAATGCAGGAAATAGGTAAAGTTTTTGTCTGATA  
 SEQ1702 TTTGACTCATCAGGTAGATTTTGTAGTTAATGCAGGAAATAGGTAAAGTTTTTGTCTGATA  
 SEQ1703 TTTGACTCATCAGGTAGATTTTGTAGTTAATGCAGGAAATAGGTAAAGTTTTTGTCTGATA  
 SEQ1704 TTTGACTCATCAGGTAAATTTTGTAGTTAATGCAGGAAATAGGTAAAGTTTTTGTCTGATA  
 SEQ1705 TTTGACTCATCAGGTAAATTTTGTAGTTAATGCAGGAAATAGGTAAAGTTTTTGTCTGATA  
 SEQ1706 TTTGACTCATCAGGTAGATTTTGTAGTTAATGCAGGAAATAGGTAAAGTTTTTGTCTGATA  
 SEQ1707 TTTGACTCATCAGGTAGATTTTGTAGTTAATGCAGGAAATAGGTAAAGTTTTTGTCTGATA  
 SEQ1708 TTTGACTCATCAGGTAAATTTTGTAGTTAATGCAGGAAATAGGTAAAGTTTTTGTCTGATA  
 SEQ1709 -----GCTGATA  
 SEQ1710 TTTGACTCATCAGGTAGATTTTGTAGTTAATGCAGGAAATAGGTAAAGTTTTTGTCTGATA  
 SEQ1711 -----

SEQ1701 ATATAAAGAAGCCGGCATTACGAAGGTTGTTACGATTGAAGCATCTGGAATTGCGCCAG  
 SEQ1702 ATATAAAGAAGCCGGCATTACGAAGGTTGTTACGATTGAAGCATCTGGAATTGCGCCAG  
 SEQ1703 ATATAAAGAAGCCGGCATTACGAAGGTTGTTACAATTGAAGCATCTGGAATTGCGCCAG  
 SEQ1704 ATATAAAGAAGCCGGCATTACGAAGGTTGTTACAATTGAAGCATCTGGAATTGCGCCAG  
 SEQ1705 ATATAAAGAAGCCGGCATTACGAAGGTTGTTACAATTGAAGCATCTGGAATTGCGCCAG  
 SEQ1706 ATATAAAGAAGCCGGCATTACGAAGGTTGTTACGATTGAAGCATCTGGAATTGCGCCAG  
 SEQ1707 ATATAAAGAAGCCGGCATTACGAAGGTTGTTACAATTGAAGCATCTGGAATTGCGCCAG  
 SEQ1708 ATATAAAGAAGCCGGCATTACGAAGGTTGTTACAATTGAAGCATCTGGAATTGCGCCAG  
 SEQ1709 ATATAAAGAAGCCGGCATTACGAAGGTTGTTACAATTGAAGCATCTGGAATTGCGCCAG  
 SEQ1710 ATATAAAGAAGCCGGCATTACGAAGGTTGTTACAATTGAAGCATCTGGAATTGCGCCAG  
 SEQ1711 -----ACGAAGGTTGTTACAATTGAAGCATCTGGAATTGCGCCAG

SEQ1701 CAGTGTACGCAGCTCAAGCATTGGGCGTACCAATGATATTTGCTAAAAAGGCTAAGAACA  
 SEQ1702 CAGTGTACGCAGCTCAAGCATTGGGCGTACCAATGATATTTGCTAAAAAGGCTAAGAACA  
 SEQ1703 CAGTGTACGCAGCTCAAGCATTGGGCGTACCAATGATATTTGCTAAAAAGGCTAAGAACA  
 SEQ1704 CAGTGTACGCAGCTCAAGCATTGGGCGTACCAATGATATTTGCTAAAAAGGCTAAGAACA  
 SEQ1705 CAGTGTACGCAGCTCAAGCATTGGGCGTACCAATGATATTTGCTAAAAAGGCTAAGAACA  
 SEQ1706 CAGTGTACGCAGCTCAAGCATTGGGCGTACCAATGATATTTGCTAAAAAGGCTAAGAACA  
 SEQ1707 CAGTGTACGCAGCTCAAGCATTGGGCGTACCAATGATATTTGCTAAAAAGGCTAAGAACA  
 SEQ1708 CAGTGTACGCAGCTCAAGCATTGGGCGTACCAATGATATTTGCTAAAAAGGCTAAGAACA  
 SEQ1709 CAGTGTACGCAGCTCAAGCATTGGGCGTACCAATGATATTTGCTAAAAAGGCTAAGAACA  
 SEQ1710 CAGTGTACGCAGCTCAAGCATTGGGCGTACCAATGATATTTGCTAAAAAGGCTAAGAACA  
 SEQ1711 CAGTGTACGCAGCTCAAGCATTGGGCGTACCAATGATATTTGCTAAAAAGGCTAAGAACA

Table 17: Comparative Sequences relating to SAG1086 (xanthine phosphoribosyltransferase)

SEQ1701	TTACTATGACTGAAGGTATCTTAACTGCTGAAGTGTATTCTTTTACAAAGCAAGWTACGA
SEQ1702	TTACTATGACTGAAGGTATCTTAACTGCTGAAGTGTATTCTTTTACAAAGCAAGTTACGA
SEQ1703	TTACTATGACTGAAGGTATCTTAACTGCTGAAGTGTATTCTTTTACAAAGCAAGTTACGA
SEQ1704	TTACTATGACTGAAGGTATCTTAACTGCTGAAGTGTATTCTTTTACAAAGCAAGTTACGA
SEQ1705	TTACTATGACTGAAGGTATCTTAACTGCTGAAGTGTATTCTTTTACAAAGCAAGTTACGA
SEQ1706	TTACTATGACTGAAGGTATCTTAACTGCTGAAGTGTATTCTTTTACAAAGCAAGTTACGA
SEQ1707	TTACTATGACTGAAGGTATCTTAACTGCTGAAGTGTATTCTTTTACAAAGCAAGTTACGA
SEQ1708	TTACTATGACTGAAGGTATCTTAACTGCTGAAGTGTATTCTTTTACAAAGCAAGTTACGA
SEQ1709	TTACTATGACTGAAGGTATCTTAACTGCTGAAGTGTATTCTTTTACAAAGCAAGTTACGA
SEQ1710	TTACTATGACTGAAGGTATCTTAACTGCTGAAGTGTATTCTTTTACAAAGCAAGTTACGA
SEQ1711	TTACTATGACTGAAGGTATCTTAACTGCTGAAGTGTATTCTTTTACAAAGCAAGTTACGA
SEQ1701	GTCAAGTTTCTATTGTGAGTCGCTTTTATCTAACGATGATACTGTACTCATCATTGATG
SEQ1702	GTCAAGTTTCTATTGTGAGTCGCTTTTATCTAACGATGATACTGTACTCATCATTGATG
SEQ1703	GTCAAGTTTCTATTGTGAGTCGCTTTTATCTAACGATGATACTGTACTCATCATTGATG
SEQ1704	GTCAAGTTTCTATTGTGAGTCGCTTTTATCTAACGATGATACTGTACTCATCATTGATG
SEQ1705	GTCAAGTTTCTATTGTGAGTCGCTTTTATCTAACGATGATACTGTACTCATCATTGATG
SEQ1706	GTCAAGTTTCTATTGTGAGTCGCTTTTATCTAACGATGATACTGTACTCATCATTGATG
SEQ1707	GTCAAGTTTCTATTGTGAGTCGCTTTTATCTAACGATGATACTGTACTCATCATTGATG
SEQ1708	GTCAAGTTTCTATTGTGAGTCGCTTTTATCTAACGATGATACTGTACTCATCATTGATG
SEQ1709	GTCAAGTTTCTATTGTGAGTCGCTTTTATCTAACGATGATACTGTACTCATCATTGATG
SEQ1710	GTCAAGTTTCTATTGTGAGTCGCTTTTATCTAACGATGATACTGTACTCATCATTGATG
SEQ1711	GTCAAGTTTCTATTGTGAGTCGCTTTTATCTAACGATGATACTGTACTCATCATTGATG
SEQ1701	ACTTTTTAGCAAACGGTCAAGCGGCTAAAGGATTACTTGAAATT-ATTGGTCAAGCTGGA
SEQ1702	ACTTTTTAGCAAACGGTCAAGCGGCTAAAGGATTACTTGAAATT-ATTGGTCAAGCTGGA
SEQ1703	ACTTTTTAGCAAACGGTCAAGCGGCTAAAGGATTACTTGAAATT-ATTGGTCAAGCTGGA
SEQ1704	ACTTTTTAGCAAACGGTCAAGCGGCTAAAGGATTACTTGAAATT-ATTGGTCAAGCTGGA
SEQ1705	ACTTTTTAACAACGGTCAAGC-----
SEQ1706	ACTTTTTAGCAAACMGTCYAGCGGCTAAAGGATTACTTGAAATT-ATTGGTCAAGCTGGA
SEQ1707	ACTTTTTAGCAAACGGKCAAGCGGCTAAAGGATTACTTGAAATT-ATTGGTCAAGCTGGA
SEQ1708	ACTTTTTAGCAAACGGTCAAGCGGCTAAAGGATTACTTGAAATT-ATTGGTCAAGCTGGA
SEQ1709	ACTTTTTAGCAAACGGTCAAGCGGCTAAAGGATTACTTGAAATTATTGGTCAAGCTGGA
SEQ1710	ACTTTTTAGCAAACGGTCAAGCGGCTAAAGGATTACTTGAAATT-ATTGGTCAAGCTGGA
SEQ1711	ACTTTTTAGCAAACGGTCAAGCGGCTAAAGGATTACTTGAAATT-ATTGGTCAAGCTGGA
SEQ1701	CTAAGGTTGCTGGTATCGGAATCGTTATTGAAAAATCTTTCCAAGATGGGCGTGATTG
SEQ1702	CTAAGGTTGCTGGTATCGGAATCGTTATTGAAAAATCTTTCCAAGATGGGCGTGATTG
SEQ1703	CTAAGGTTGCTGGTATCGGAATCYTTATTGAAAAATCTTTCCAAGATGGGCGTGATT--
SEQ1704	CTAAGGTTGCTGGTATCGGAATCGTTATTGAAAAATCTTTCCAAGATGGGCGTGATTG
SEQ1705	-----
SEQ1706	CTAAGGTTGCTGGTATCGGAATCGTTATTGAAAAATCTTTCCAAGATGGGCGTGATTG
SEQ1707	CTA-----
SEQ1708	CTAAGGTTGCTGGTATCGGAATCGTTATTGAAAAATCTTTCCAAGATGGGCGTGATTG
SEQ1709	CTAAGGTTGCTGGTATCGGAATCGTTATTGAAAAATCTTTCCAAGATGGGCGTGATTG
SEQ1710	CTAAGGTTGCTGGTATCGGAATCGTTATTGAAAAATCTTTCCAAGATGGGCGTGATTG
SEQ1711	CTAAGGTTGCTGGTATCGGA-----TABCMARATVSTNCSR--ATNGTSAGXANTHN
SEQ1701	TAGAAAAAACAGGTGTTCCAGT-----
SEQ1702	TAGAAAAACA-----
SEQ1703	-----
SEQ1704	TAGAAAAAACAGGTGTTCCGGTTACTTCTCTTGCTCGT
SEQ1705	-----
SEQ1706	-TAGAAAA-----
SEQ1707	-----
SEQ1708	TAGAAAAAACAGGTGTTCCGGTTAC-----
SEQ1709	TAGAAAAAACAGGTGTTCCAGT-----
SEQ1710	TAGAAAAAACAGGTGTTCCAG-----
SEQ1711	HRBSYTRANSRAS-----

Table 18: Comparative Sequences relating to SAG1600 (glutamate racemase)

SEQ ID NO. 1801: SAG1600 FROM THE H36b GBS TYPE Ib STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)  
 AATCTTCATTGGAGATCAGGCTAGAGCTCCGTATGGTCTAGACCTGCTCAACAGATTAGAGAGTTTACCTGGCAGATGGTTAATTTCT  
 TATTGACTAAAAATGTTAAGATGATTGTTATAGCTTGTAAATACAGCAACTGCAGTTGCTTGGCAAGAAATTAAGAAAAAAGTAGACGTG  
 CCGTGTTTAGGCGTTATTTTACCAGGAGCTAGCGCAGCTATCAAATCACTAATTCAGGGAAAGTTGGTATTATAGGTACTCCCATGAC  
 TGTAAATCAGATGCTTATCGTCAAAAAATCAAGCTTTGTCTCCAATACTGCTGTGGTATCCCTTGTCTCCGAAATTTGTTCCAA  
 TTGTGGAATCAAAATCAGATGTCTTCTAGTTTAGCCAAAAAGGTGGTTTATGAAACGTTGTCCCATTAGTTGGTAAATTAGATACCTTA  
 ATTTTAGGTTGCACGATTATCCCTTATTACGTCCCATCAATCAAAATGTTATGGGGCTGAGGTTAAATTAATTGATAGTGGCGCAGA  
 AACCCTTCGTGATATTTCTGTTTATTGAATATTTTGAGATAAACCATTAATTGGCAAAATAAACACGGTGGTCATCACTTTTACACAA  
 CCGCCAGCCCCAA

SEQ ID NO. 1802: SAG1600 FROM THE M732 GBS TYPE III STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)  
 AAATGTTCCGCAACTTCCAGAGAGGAAGTAATCTTCATTGGAGATCAGGCTAGAGCTCCGTATGGTCTAGACCTGCTCAACAGATT  
 AGAGAGTTTACCTGGCAGATGGTTAATCTTCTATTGACTAAAAATGTTAAGATGATTGTTATAGCTTGTAAATACAGCAACTGCAGTTGC  
 CTGGCAAGAAATTAAGAAAAAAGTAGACATCCCTGTTTATAGGCGTTATTTTACCAGGAGCTAGCGCAGCTATCAAATCACTAATTTAG  
 GGAAAGTTGGTATTATAGGTACTCCCATGACTGTTAAATCAGATGCTTATCGTCAAAAAATCAAGCTTTGTCTCCAAATAGTCTGTG  
 GTATCCCTTGTCTGTCCGAAATTTGTTCCAATTTGTGGAATCAAAATCAGATGTCTTCTAGTTTAGCCAAAAAGGTGGTTTATGAAACGTT  
 GTCCCATTAGTTGGTAAATTAGATACTTTAATTTTAGGTTGCACGCTATATCCCTTATTACGTCCCATCAATCAAAATGTTATGGGG  
 CTGAGGTTAAATTAATTGATAGTGGCGCAGAAACCGTTCTGTGATATTTCTGTTTATTGAATATTTTGAGATAAACCATTAATTGGCAA  
 AATAAACACGGTGGTCATCACTTTTACCAACCCAGCCCAAGGTTTTAAAGAAA

SEQ ID NO. 1803: SAG1600 FROM THE 090 GBS TYPE Ia STRAIN  
 AATCTTCATTGGAGACCGGCTAGAGCTCCGTATGGTCTAGACCTGCTCAACAGATTAGAGAGTTTACCTGGCAGATGGTTAATTTCTT  
 ATTGACTAAAAATGTTAAGATGATTGTTATAGCTTGTAAATACAGCAACTGCAGTTGCTTGGCAAGAAATTAAGAAAAAAGTAGACATAC  
 CTGTTTATAGGCGTTATTTTACCAGGAGCTAGCGCAGCTATCAAATCACTAATTCAGGGAAAGTTGGTATTATAGGTACTCCCATGACT  
 GTTAAATCAGATGCTTATCGTCAAAAAATCAAGCTTTGTCTCCAATACTGCTGTGGTATCCCTTGTCTCCGAAATTTGTTCCAAT  
 TGTGGAATCAAAATCAGATGTCTTCTAGTTTAGCCAAAAAGGTGGTTTATGAAACGCTGTCCCATTAGTTGGTAAATTAGATACTTTAA  
 TTTTAGGTTGCAACGATTATCCCTTATTACGTCCCATCAATCAAAATGTTATGGGGCTGAGGTTAAATTAATTGATAGTGGCGCAGAA  
 ACCGTTCTGTGATATTTCTGTTTATTGAATATTTTGAGATAAACCATTAATTGGCAAAATAAACACGGTGGTCATCACTTTTACCAAC  
 CGCAGCCCCAAAGGTTTTTAAGAAATTTGAGAAATGCGCAACATGGCTTAATCAAGAAATAAAT

SEQ ID NO. 1804: SAG1600 FROM THE A909 GBS TYPE Ia STRAIN  
 GCGGTTGTGTAAAGTGAATGACACCGTGTATTATTTGCCAATTATGGTTTATCTCAAAATAGTTCAATTAACAGAAATATCAAGAAC  
 GGTTTCTGCGCCACTATCAATTAATTTAACCCTCAGCCCCATAACATTTTGAATGATGGGACGTAATAGGGGATAATGCGTGCAACCTA  
 AAATTAAGTATCTAATTTACCACTAATGGGGACAACGTTTCATAAACCACTTTTGGCTAACTAGAGACATCTGATTGATTCC  
 ACAATTGGAACAAATTTCCGACAAGCAAGGGATACCAAGCAGTATTTGGAGACAAAGCTTGAATTTTGGCAGATAAGCATCTGATTT  
 AACAGTTAGGGAGTACCTATAATACCACTTTCCCTAAATTAGTTGATTTGATAGCTGCGCTAGCTCCTGGTAAAAATACGCTTAAAA  
 CAGGGATGTCTAGTTTCTTTAATTTCTTCCAGGCACTGCAGTTGCTGATTACAAGCTATAACAATCATCTTAACATTTTATGTC  
 AATAAGAAGTTAACCATCTGCCAGGTAACTCTCTAATCTGTTGAGCAGGTCTAGGACCATACGGAGCTCTAGCTGTATCTCAATGAA  
 GATTACTTCTCTCTGGAAGTTGACGGAACATTTCTTAACAACCGTTAAACCACT

SEQ ID NO. 1805: SAG1600 FROM THE COH1 GBS TYPE Ia STRAIN  
 TTCCGTCAACTCCAAATATGAAGTAATCTTCATTGGAGATCAGGCTAGAGCTCCGTATGGTCTAGACCTGCTCAACAGATTAGAGA  
 GTTTACCTGGCAGATGGTTAATCTTCTATTGACTAAAAATGTTAAGATGATTGTTATAGCTTGTAAATACAGCAACTGCAGTTGCTTGGC  
 AAGAAATTAAGAAAAAAGTAGACATCCCTGTTTATAGGCGTTATTTTACCAGGAGCTAGCGCAGCTATCAAATCACTAATTTAGGGAAA  
 GTTGGTATTATAGGTACTCCCATGACTGTTAAATCAGATGCTTATCGTCAAAAAATCAAGCTTTGTCTCCAATACTGCTGTGGTATC  
 CCTTCTTGTCCGAAAT

SEQ ID NO. 1806: SAG1600 FROM THE CJB110 GBS NONTYPEABLE STRAIN  
 GTAATCTTCATTGGAGATCAGGCTAGAGCTCCGTATGGTCTAGACCTGCTCAACAGATTAGAGAGTTTACCTGGCAGATGGTTAATTT  
 CTTATTGACTAAAAATGTTAAGATGATTGTTATAGCTTGTAAATACAGCAACTGCAGTTGCTTGGCAAGAAATTAAGAAAAAAGTAGACA  
 TAC

SEQ ID NO. 1807: SAG1600 FROM THE 1169NT1 GBS TYPE V STRAIN  
 CTTTTGGGCTGGCGGTTGTGTAAAATGATGACACCGTGTATTATTTGCCAATTATGGTTTATCTCAAAATAGTTCAATAAAACAGAA  
 ATATCAGGAACGGTTTCTGCGCCACTATCAATTAATTTAACCCTCAGCCCCATAACATTTTGAATAATGGGACGTAATAGGGGATAATG  
 CGTGCAACCTAAATTAAGTATCTAATTTACCACTAATGGGGACAATGTTTCATAAACCACTTTTGGCTAAACTAGAAGACATCT  
 GATTTGATTCCCAATTTGGAACAAATTTCCGACAAGCAAGGGATACCAAGCAGTATTTGGAGACAAAGCTTGAATTTTGGCAGATAA  
 GCATCTGATTTAAGCATGAGGAGTACCTATAA

SEQ ID NO. 1808: SAG1600 FROM THE 1169NT1 GBS TYPE V STRAIN  
 GTAATCTTCATTGGGATCAGGCTAGAGCTCCGTATGGTCTAGACCTGCTCAACAGATTAGAGAGTTTACCTGGCAGATGGTTAATTT  
 CTTATTGACTAAAAATGTTAAGATGATTGTTATAGCTTGTAAATACAGCAACTGCAGTT

SEQ ID NO. 1809: SAG1600 FROM THE 18RS21 GBS TYPE II STRAIN  
 GAAATGTTCCGTCAACTTCCAGAGAGGAAGTAATCTTCATTGGAGATCAGGCTAGAGCTCCGTATGGTCTAGACCTGCTCAACAGAT  
 TAGAGAGTTTACCTGGCAGATGGTTAATCTTCTATTGACTAAAAATGTTAAGATGATTGTTATAGCTTGTAAATACAGCAACTGCAGTTG  
 CCTGGCAAGAAATTAAGAAAAAAGTAGACATCCCTGTTTATAGGCGTTATTTTACCAGGAGCTAGCGCAGCTATCAAATCACTAATTTA  
 GGGAAAGTTGGTATTATAGGTACTCCCATGACTGTTAAATCAGATGCTTATCGTCAAAAAATCAAGC

Table 18: Comparative Sequences relating to SAG1600 (glutamate racemase)

## SEQ ID NO. 1810: SAG1600 FROM THE 18RS21 TYPE II STRAIN

ATTTCTTTAAAACCTTTTGGGCTGGCGGTTGTGTAATAATGATGACCACCGTGTATTTTGGCCAATTATGGTTTATCTCAAAATAGTT  
CAATAAAACAGAAATATCAGAACGGTTTCTGCGCCACTATCAATTAATTTAACCTCAGCCCCCATAACATTTTGAATGATGGGACGTA  
ATATGGGATAATGCGTGCAACCTAAAATTAAAGTA

## SEQ ID NO. 1811: SAG1600 FROM THE 2603 V/R GBS TYPE V STRAIN

ATTTCTTTAAAACCTTTTGGGCTGGCGGTTGTGTAATAAGTATGACCACCGTGTATTTTGGCCAATTATGGTTTATCTCAAAATAGT  
TCAATAAAACAGAAATATCAGAACGGTTTCTGCGCCACTATCAATTAATTTAACCTCAGCCCCCATAACATTTTGAATGATGGGACGT  
AATAGGGGATAATGCGTGCAACCTAAAATTAAAGTATCTAATTTACCAACTAATGGGGACAACGTTTCATAAACCCACCTTTTGGCTAA  
ACTAGAAGACATCTGATTGATTCACAAATTGGAACAA

## SEQ ID NO. 1812: SAG1600 FROM THE M781 GBS TYPE III STRAIN

GGCGGTTGTGTAAAGTATGACCACCGTGTATTTTGGCCAATTATGGTTTATCTCAAAATAGTTCAATAAAACAGAAATATCAGGAA  
CGGTTTCTGCGCCACTATCAATTAATTTAACCTCAGCCCCCATAACATTTTGAATGATGGGACGTAATAGGGGATAATGCGTGCAACCT  
AAAATTAAAGTATCTAATTTACCAACTAATGGGGACAACGTTTCATAAACCCACCTTTTGGCTAACTAGAAGA

## SEQ ID NO. 1813: SAG1600 FROM THE M 781 GBS TYPE III STRAIN

AATCTTCATTGGAGATCAGGCTAGAGCTCCGTATGGTCTAGACCTGCTCAACAGATTAGAGAGTTTACCTGGCAGATGGTTAACTTCT  
TATTGACTAAAATGTTAAGATGATTGTTATAGCTTGTAATACAGCAACTGC

## SEQ ID NO. 1814: SAG1600 FROM THE JM9130013 GS TYPE VIII STRAIN

TGGGCTGGCGGTTGTGTAAAGTATGACCACCGTGTATTTTGGCCAATTATGGTTTATCTCAAAATAGTTCAATAAAACAGAAATAT  
CAGAACGGTTTCTGCGCCACTATCAATTAATTTAACCTCAGCCCCCATAACATTTTGAATGATGGGACGTAATAAGGGATAATGCGTG  
CAACCTAAAATTAAAGTATCTAATTTACCAACTAATGGGGACAACGTTTCATAAACCCACCTTTTGGCTAACTAGAAGACATCTGATT  
TGATTCACAAATTGGAACAAATTTGGACAAGCAAGGGATACCAAGCAGTATTTGGAGACAAGCTTGAATTTTTTACGATAAGCAT  
CTGATTAAACAGTCATGGGAGTACCTATAATACCAACTTTCCTTGAA

SEQ1801	-----AATCTTCATTGGAGATCAGGCTAGAGCT
SEQ1802	AAATGTTCCGTCACCTTCCAGAAGAGGAAGTAATCTTCATTGGAGATCAGGCTAGAGCT
SEQ1803	-----AATCTTCATTGGAGACCAAGGCTAGAGCT
SEQ1804	-----GCGGTTGTGTAAAAG-T
SEQ1805	-----TTCCGTCACCTTCCAAAATATGAAGTAATCTTCATTGGAGATCAGGCTAGAGCT
SEQ1806	-----GTAATCTTCATTGGAGATCAGGCTAGAGCT
SEQ1807	-----CTTTTGGGCTGGCGGTTGTGTAAAAT-T
SEQ1808	-----GTAATCTTCATTGGGGATCAGGCTAGAGCT
SEQ1809	AAATGTTCCGTCACCTTCCAGAAGAGGAAGTAATCTTCATTGGAGATCAGGCTAGAGCT
SEQ1810	-----ATTTCTTTAAAACCTTTTGGGCTGGCGGTTGTGTAAATAT-T
SEQ1811	-----ATTTCTTTAAAACCTTTTGGGCTGGCGGTTGTGTAAATAGT
SEQ1812	-----GGCGGTTGTGTAAAAG-T
SEQ1813	-----AATCTTCATTGGAGATCAGGCTAGAGCT
SEQ1814	-----TGGGCTGGCGGTTGTGTAAAAG-T

SEQ1801	CGTATGGTC-CTAGACCTGCTCAACAGATTAGAGAGTTTACCTGGCAGATGGTTAACTT
SEQ1802	CGTATGGTC-CTAGACCTGCTCAACAGATTAGAGAGTTTACCTGGCAGATGGTTAACTT
SEQ1803	CGTATGGTC-CTAGACCTGCTCAACAGATTAGAGAGTT-ACCTGGCAGATGGTTAACTT
SEQ1804	--GATGACCACCGTGTATTTTGGCCAATTATGG--TTTATCTCA-AAATAGTTCA---
SEQ1805	CGTATGGTC-CTAGACCTGCTCAACAGATTAGAGAGTTTACCTGGCAGATGGTTAACTT
SEQ1806	CGTATGGTC-CTAGACCTGCTCAACAGATTAGAGAGTTTACCTGGCAGATGGTTAACTT
SEQ1807	--GATGACCACCGTGTATTTTGGCCAATTATGG--TTTATCTCA-AAATAGTTCA---
SEQ1808	CGTATGGTC-CTAGACCTGCTCAACAGATTAGAGAGTTTACCTGGCAGATGGTTAACTT
SEQ1809	CGTATGGTC-CTAGACCTGCTCAACAGATTAGAGAGTTTACCTGGCAGATGGTTAACTT
SEQ1810	--GATGACCACCGTGTATTTTGGCCAATTATGG--TTTATCTCA-AAATAGTTCA---
SEQ1811	--GATGACCACCGTGTATTTTGGCCAATTATGG--TTTATCTCA-AAATAGTTCA---
SEQ1812	--GATGACCACCGTGTATTTTGGCCAATTATGG--TTTATCTCA-AAATAGTTCA---
SEQ1813	CGTATGGTC-CTAGACCTGCTCAACAGATTAGAGAGTTTACCTGGCAGATGGTTAACTT
SEQ1814	--GATGACCACCGTGTATTTTGGCCAATTATGG--TTTATCTCA-AAATAGTTCA---



Table 18: C mparative Sequences relating to SAG1600 (glutamate racemase)

SEQ1801	TTATTGACTAAAAATGTTAAGATGATTGTTATAGCTTGTAATACAGCAACTGCAGTTGC
SEQ1802	TTATTGACTAAAAATGTTAAGATGATTGTTATAGCTTGTAATACAGCAACTGCAGTTGC
SEQ1803	TTATTGACTAAAAATGTTAAGATGATTGTTATAGCTTGTAATACAGCAACTGCAGTTGC
SEQ1804	--ATAAACAGAAATATCACGAACGGT-TTCTGCGCCACTATCAATTAATTTAACCTCA
SEQ1805	TTATTGACTAAAAATGTTAAGATGATTGTTATAGCTTGTAATACAGCAACTGCAGTTGC
SEQ1806	TTATTGACTAAAAATGTTAAGATGATTGTTATAGCTTGTAATACAGCAACTGCAGTTGC
SEQ1807	--ATAAACAGAAATATCACGAACGGT-TTCTGCGCCACTATCAATTAATTTAACCTCA
SEQ1808	TTATTGACTAAAAATGTTAAGATGATTGTTATAGCTTGTAATACAGCAACTGCAGTT--
SEQ1809	TTATTGACTAAAAATGTTAAGATGATTGTTATAGCTTGTAATACAGCAACTGCAGTTGC
SEQ1810	--ATAAACAGAAATATCACGAACGGT-TTCTGCGCCACTATCAATTAATTTAACCTCA
SEQ1811	--ATAAACAGAAATATCACGAACGGT-TTCTGCGCCACTATCAATTAATTTAACCTCA
SEQ1812	--ATAAACAGAAATATCACGAACGGT-TTCTGCGCCACTATCAATTAATTTAACCTCA
SEQ1813	TTATTGACTAAAAATGTTAAGATGATTGTTATAGCTTGTAATACAGCAACTGC-----
SEQ1814	--ATAAACAGAAATATCACGAACGGT-TTCTGCGCCACTATCAATTAATTTAACCTCA
SEQ1801	TGGCAAGAAATTAAAGAAAAACTAGACGTGCCTGTTTTAGGCGTTATTTTACCAGGAGC
SEQ1802	TGGCAAGAAATTAAAGAAAAACTAGACATCCCTGTTTTAGGCGTTATTTTACCAGGAGC
SEQ1803	TGGCAAGAAATTAAAGAAAAACTAGACATACCTGTTTTAGGCGTTATTTTACCAGGAGC
SEQ1804	CCCCCATAACATTTTGAATGATGGGACGTAATAGGGGATAATGC-GTGCAACCTAAAAAT
SEQ1805	TGGCAAGAAATTAAAGAAAAACTAGACATCCCTGTTTTAGGCGTTATTTTACCAGGAGC
SEQ1806	TGGCAAGAAATTAAAGAAAAACTAGACATAC-----
SEQ1807	CCCCCATAACATTTTGAATAATGGGACGTAATAGGGGATAATGC-GTGCAACCTAAAAAT
SEQ1808	-----
SEQ1809	TGGCAAGAAATTAAAGAAAAACTAGACATCCCTGTTTTAGGCGTTATTTTACCAGGAGC
SEQ1810	CCCCCATAACATTTTGAATGATGGGACGTAATAGGGGATAATGC-GTGCAACCTAAAAAT
SEQ1811	CCCCCATAACATTTTGAATGATGGGACGTAATAGGGGATAATGC-GTGCAACCTAAAAAT
SEQ1812	CCCCCATAACATTTTGAATGATGGGACGTAATAGGGGATAATGC-GTGCAACCTAAAAAT
SEQ1813	-----
SEQ1814	CCCCCATAACATTTTGAATGATGGGACGTAATAAGGGATAATGC-GTGCAACCTAAAAAT
SEQ1801	AGCGCAGCTATCAAATCAACTAATTCAGGGAAAGTTGGTATTATAGGTACTCCCATGAC
SEQ1802	AGCGCAGCTATCAAATCAACTAATTTAGGGAAAGTTGGTATTATAGGTACTCCCATGAC
SEQ1803	AGCGCAGCTATCAAATCAACTAATTCAGGGAAAGTTGGTATTATAGGTACTCCCATGAC
SEQ1804	AAAGTATCTAATTTACCAACTAATGGGGACAACGTTTCATAAACCACCTTTTGGCTAA
SEQ1805	AGCGCAGCTATCAAATCAACTAATTTAGGGAAAGTTGGTATTATAGGTACTCCCATGAC
SEQ1806	-----
SEQ1807	AAAGTATCTAATTTACCAACTAATGGGGACAATGTTTCATAAACCACCTTTTGGCTAA
SEQ1808	-----
SEQ1809	AGCGCAGCTATCAAATCAACTAATTTAGGGAAAGTTGGTATTATAGGTACTCCCATGAC
SEQ1810	AAAGTA-----
SEQ1811	AAAGTATCTAATTTACCAACTAATGGGGACAACGTTTCATAAACCACCTTTTGGCTAA
SEQ1812	AAAGTATCTAATTTACCAACTAATGGGGACAACGTTTCATAAACCACCTTTTGGCTAA
SEQ1813	-----
SEQ1814	AAAGTATCTAATTTACCAACTAATGGGGACAACGTTTCATAAACCACCTTTTGGCTAA
SEQ1801	GTTAAATCAGATGCTTATCGTCAAAAAATTCAAGCTTTGTCTCCAAATACGCTGTGGT
SEQ1802	GTTAAATCAGATGCTTATCGTCAAAAAATTCAAGCTTTGTCTCCAAATACGCTGTGGT
SEQ1803	GTTAAATCAGATGCTTATCGTCAAAAAATTCAAGCTTTGTCTCCAAATACGCTGTGGT
SEQ1804	CTAGAAGACATCTGATTTGATTCCACAATTGGAACAAATTTCCGACAAGCAAGGGATAC
SEQ1805	GTTAAATCAGATGCTTATCGTCAAAAAATTCAAGCTTTGTCTCCAAATACGCTGTGGT
SEQ1806	-----
SEQ1807	CTAGAAGACATCTGATTTGATTCCACAATTGGAACAAATTTCCGACAAGCAAGGGATAC
SEQ1808	-----
SEQ1809	GTTAAATCAGATGCTTATCGTCAAAAAATTCAAGC-----
SEQ1810	-----
SEQ1811	CTAGAAGACATCTGATTTGATTCCACAATTGGAACAA-----
SEQ1812	CTAGAAGA-----
SEQ1813	-----
SEQ1814	CTAGAAGACATCTGATTTGATTCCACAATTGGAACAAATTTCCGACAAGCAAGGGATAC

Table 18: Comparative Sequences relating to SAG1600 (glutamate racemase)

SEQ1801	TCCCTTGCTTGTCGAAATTTGTTCCAATTGTGGAATCAAATCAGATGCTTCTAGTTT
SEQ1802	TCCCTTGCTTGTCGAAATTTGTTCCAATTGTGGAATCAAATCAGATGCTTCTAGTTT
SEQ1803	TCCCTTGCTTGTCGAAATTTGTTCCAATTGTGGAATCAAATCAGATGCTTCTAGTTT
SEQ1804	ACAGCAGTATTTGGAGACAAAGCTTGAATTTTTTGACGATAAGCATCTGATTTAACAGT
SEQ1805	TCCCTTGCTTGTCGAAAT-----
SEQ1806	-----
SEQ1807	ACAGCAGTATTTGGAGACAAAGCTTGAATTTTTTGACGATAAGCATCTGATTTAACAGT
SEQ1808	-----
SEQ1809	-----
SEQ1810	-----
SEQ1811	-----
SEQ1812	-----
SEQ1813	-----
SEQ1814	ACAGCAGTATTTGGAGACAAAGCTTGAATTTTTTGACGATAAGCATCTGATTTAACAGT
SEQ1801	GCCAAAAAGGTGGTTTATGAAACGTTGTCCCCATTAGTTGGTAAATTAGATACTTTAAT
SEQ1802	GCCAAAAAGGTGGTTTATGAAACGTTGTCCCCATTAGTTGGTAAATTAGATACTTTAAT
SEQ1803	GCCAAAAAGGTGGTTTATGAAACGTTGTCCCCATTAGTTGGTAAATTAGATACTTTAAT
SEQ1804	ATGGGAGTACCTATAATACCAACTTTCCCTAAATTAGTTGATTTGATAGCTGCGCTAGC
SEQ1805	-----
SEQ1806	-----
SEQ1807	ATGGGAGTACCTATAA-----
SEQ1808	-----
SEQ1809	-----
SEQ1810	-----
SEQ1811	-----
SEQ1812	-----
SEQ1813	-----
SEQ1814	ATGGGAGTACCTATAATACCAACTTTCCCTGAATABC MARATVSTNCSRATNGTSAGGT
SEQ1801	TTAGGTTGCACGCATTATCCCTTATTACGTCCCATCATTCAAATGTTATGGGGGCTGA
SEQ1802	TTAGGTTGCACGCATTATCCCTTATTACGTCCCATCATTCAAATGTTATGGGGGCTGA
SEQ1803	TTAGGTTGCACGCATTATCCCTTATTACGTCCCATCATTCAAATGTTATGGGGGCTGA
SEQ1804	CCTGGTAAATAACGCCTAAACAGGGATGTCTAGTTTTTCTTTAATTTCTGCCAGGC
SEQ1805	-----
SEQ1806	-----
SEQ1807	-----
SEQ1808	-----
SEQ1809	-----
SEQ1810	-----
SEQ1811	-----
SEQ1812	-----
SEQ1813	-----
SEQ1814	AMATRACMAS-----
SEQ1801	GTTAAATTAATTGATAGTGGCGCAGAAACCGTTCGTGATATTTCTGTTTTATTGAACTA
SEQ1802	GTTAAATTAATTGATAGTGGCGCAGAAACCGTTCGTGATATTTCTGTTTTATTGAACTA
SEQ1803	GTTAAATTAATTGATAGTGGCGCAGAAACCGTTCGTGATATTTCTGTTTTATTGAACTA
SEQ1804	ACTGCAGTTGCTGTATTACAAGCTATAACAATCATCTTAACATTTTAGTCAATAAGAA
SEQ1805	-----
SEQ1806	-----
SEQ1807	-----
SEQ1808	-----
SEQ1809	-----
SEQ1810	-----
SEQ1811	-----
SEQ1812	-----
SEQ1813	-----
SEQ1814	-----

Table 18: Comparative Sequences relating to SAG1600 (glutamate racemase)

SEQ1801	TTTGAGATAAACCATAATTGGCAAATAAACACGGTGGTCATCACTTTTACACAACCGC
SEQ1802	TTTGAGATAAACCATAATTGGCAAATAAACACGGTGGTCATCACTTTTACACAACCGC
SEQ1803	TTTGAGATAAMCCATAATTGGSMAAATAAACACGGTGGTCATCACTTTTACACAACCGS
SEQ1804	TTAACCATCTGCCAGGTAAACTCTCTAATCTGTTGAGCAGGTCTAGGACCATACGGAGC
SEQ1805	-----
SEQ1806	-----
SEQ1807	-----
SEQ1808	-----
SEQ1809	-----
SEQ1810	-----
SEQ1811	-----
SEQ1812	-----
SEQ1813	-----
SEQ1814	-----
SEQ1801	AGCCCAA-----
SEQ1802	AGCCCAAAGGTTTTTAAGAAA-----
SEQ1803	AGCCCAAAGGTTTTTAAGGAAATTGCAGAACAAATGGCTTAATCAAGAAATAAAT----
SEQ1804	CTAGCCTGATCTCCAATGAAGATTACTTCCTCTTCTGGAAGTTGACGGAACATTTTCCTT
SEQ1805	-----
SEQ1806	-----
SEQ1807	-----
SEQ1808	-----
SEQ1809	-----
SEQ1810	-----
SEQ1811	-----
SEQ1812	-----
SEQ1813	-----
SEQ1814	-----
SEQ1801	-----
SEQ1802	-----
SEQ1803	-----
SEQ1804	ACAACCGTTAAACCACCT
SEQ1805	-----
SEQ1806	-----
SEQ1807	-----
SEQ1808	-----
SEQ1809	-----
SEQ1810	-----
SEQ1811	-----
SEQ1812	-----
SEQ1813	-----
SEQ1814	-----

Table 19: Comparative Sequences relating to SAG1680 (shikimate 5-dehydrogenase)

## SEQ ID NO. 1901: SAG1680 FROM THE 2603 V/R GBS TYPE V STRAIN

ATCCCTAGACCATTATAAGCATGTTTCACTCCATTTTGTCTAACAAATCGTAACAATGCTGTTTCTTTAGGCTTGTAAC  
 CAAGTCGACAACACTAAATTCGGTGTTAAAATTTCTGGATCGTTAATTAAACTATAATTATCTAATGGCCTCATTCCCTA  
 AACTAGTAGCATCAATATAAAAATGACTAGTTCTAATAGCGTCTTTAAATGCTGTCTTATTTTCTAGATAATCAACGACT  
 ACCTTTATTTGAACTGTTTTTAAATTTATCTGATAAGTCAATGACCTTATCGTAATTTGAGCTGTTACGATTAAATAA  
 TCTAATTTCCGCAACTCCCTCCATAGCTGCTTGAAGTCAACTGCTTTACCTGAACCACCAATACAGCTATTGTAATTA  
 TTTTATTTTCTAGCACTGAAACCTTGAGCTGCTAAAGCTTTAAACAACCAATGCCATCTGTCTATATGGCCTACTAAACGT  
 CCGGTTCCACCTTGATTAAACGATAGTATTACAGCACCCACTAATTTAGCTTGAGGAGATAAATCATCTAGCAAAGGGAT  
 AACACTCTGTTTAAATGGCATTGAAACATTAACACCAGCAATACCCAATGCCCTGACACCTCGAACAGCTTCTGTTAATT  
 TACCCTCTTCTACTTTCAATGTCAGATAGGCATAATTCATGTTTTTTTCTTGAAAAGAGGTATTCCACATTAACGGGGAT  
 AGAGAGTGGCGTGCAGG

## SEQ ID NO. 1902: SAG1680 FROM THE H36b GBS TYPE Ib STRAIN

GTTATTAATTGAAATGCTTCTGCTCCTTGATAAATCAGCATCCCTAGACCATTATAAGCATGTTTCACTCCATTTTGTCT  
 AACAAATCGTAACAATGCTGTTCTTTAGGCTTGTAACCAAGTCGACAACACTACTAAATTCGGTGTTAAAATTTCTGGAT  
 CGTTAATTAACTATAATTATCTAATGGCCTCATTCTTAACTAGTAGCATCAATATAAAAATGACTAGTTCTAATAGCG  
 TCTTTAAATGCTGCTTATTTTCTAGATAATCAACGACTACCTTTATTTGAACTGTTTTTAAATTTTATCTGATAAGTC  
 AATGACCTTATCGTAATTTGAGCTGTTACGATTAAATAATCTAATTTCCGCAACTCCCTCCATAGCTGCTTGAAGTGC  
 CTGCTTTACCTGAACCACCAATACAGCTATTGTAATTTATTTTATTTTCTAGCACTGAAACCTTGAGCTGCTAAAGCTTTA  
 AAACAACCAATGCCATCTGTCTATATGGCCTACTAAACGTCCGGTTCCACCTTGATTAAACGATAGTATTTACAGCACCCAC  
 TAATTAGCTTGAGGAGATAAATCATCTAGCAAAGGGATAACACTCTGTTTAAATGGCATTGAAACATTAACACCACGAA  
 TACCAATGCCCTGACACCTCGAACAGCTTCTGTTAATTTACCCTCTTCTACTTCAAATGTCAGATAGGCATAATTCATG  
 TTTTTTCTTGAAAAGAGGTATTCCACATTAACGGGGATAGAGAGTGGCGTGCAGGA

## SEQ ID NO. 1903: SAG1680 FROM THE M732 GBS TYPE III STRAIN

CTGGTCTAATTGCCAATCCTGACGCCACTCTCTATCCCGTTAATGTGGAATACCTCTTTTCAAGAAAAAATCATGAAT  
 TATGCCATCTGACATTTGAAGTAGAAGAGGGTAAATTAACAGAAGCTGTTGAGGTGTCAGGGCATTGAGTATTCTGTTG  
 TGTAAATGTTTTCAATGCCATTTAAACAGAGTGTATCCCTTTGCTAGATGATTTATCTCTCAAGCTAAATTAGTGGGTG  
 CTGTAAATACTATCGTTAATCAAGGTGGAACCGGACGTTTAGTAGGCCATATGACAGATGGCATTGGTTGTTTTAAAGCT  
 TTAGCAGCTCAAGTTTCAAGTCTAAAAATAAATAATTACAATAGCTGGTATTGGTGGTTGAGGTAAAGCAGTTGCGAGT  
 TCAAGCAGCTATGGAGGGAGTTGCGGAAATTAGATTATTTAATCGTAACAGCTCAAATTACGATAAGGTCAATTGACTTAT  
 CAGATAAAATTAATAAACAGTTTCAAATAAAGGTAGTCGTTGATTATCTAGAAAATAAGACAGCATTAAAGACGCTATT  
 AGAAGTATGCTATTTTATATTGATGCTACTAGTTTAGGAATGAGGCCATTAGATAATTATAGTTTAAATTAACGATCCAGA  
 TATTTTAAACCCGAATTTAGTAGTTGTGCGACTT

## SEQ ID NO. 1904: SAG1680 FROM THE M781 GBS TYPE III STRAIN

AAATCAGCATCCCTAGACATTATAAGCATGTTTCACTCCATTTGTCTAACAAATCGTAACAATGCTGTTTCTTTAGGCT  
 TGTAACCAAGTCGACAACACTACTAAATTCGGTGTTAAAATTTCTGGATCGTTAATTAACTATAATTATCTAATGGCCTC  
 ATTCCTAACTAGTAGCATCAATATAAAAATGACTAGTTCTAATAGCGTCTTTAAATGCTGTCTTATTTTCTAGATAATC  
 AACGACTACCTTTATTTGAACTGTTTTTAAATTTATCTGATAAGTCAATGACCTTATCGTAATTTGAGCTGTTACGAT  
 TAAATAATCTAATTTCCGCAACTCCCTCCATAGCTGCTTGAAGTCAACTGCTTTACCTGAACCACCAATACCGCTATT  
 GTAATTATTTTATTTTAGCACTGAAACCTTGAGCTGCTAAAGCTTTAAACAACCAATGCCATCTGTCTATATGGCCTAC  
 TAAACGTCCGGTTCCACCTTGATTAAACGATAGTATTACAGCACCCACTAATTTAGCTTGAGGAGATAAATCATCTAGCA  
 AAGGGATAACACTCTGTTTAAATGGCATTGAAACATTAACACCACGAATACTCAATGCCCTGACACCTCGAACAGCTTCT  
 GTTAATTTACCCTCTTCTACTTCAAATGTCAGATAGGCATAATTCATGTTTTTTTCTTGAAAAGAGGTATTCCACATTA  
 CCGGGATAGAGAGTGGCGTGCA

## SEQ ID NO. 1905: SAG1680 FROM THE 090 GBS TYPE Ia STRAIN

GTTGAGGTGTCAGGGCATTGGGTATTTCGTTGTTTCAATGCCATTTAAACAGAGTGTATCCCTTTGCTArA  
 TGATTTATCTCCTCAAGCTAAATTAGTGGGTGCTGTAAATACTATCGTTAATCAAGGTGGAACCGsACGTTTAGTAGGCC  
 ATATGACAGATGGCATTGGTTGTTTTAAAGCTTTAGCAGCTCAAGGTTTCAGTGCTAAAAATAAAATAGTTACAATAGCT  
 GGTATTGGTGGTTGAGTAAAGCAGTTGCAGTTCAAGCAGCTATGAGGGAGTTGCGGAAATTAGATTATTTAATCGTAA  
 TAGCTCAAATTACGATAAGGTCAATTGACTTATCAGATAAAATTAATAAACAGTTTCAAATAAAGGTAGTCGTTGATTATC  
 TAGAAAATAAGACAGCATTAAAGACGCTATTAGAAGTCAATTTTATATTGATGCTACTAGTTTAGGAATGARGCCA  
 TTAGATAATTATAGTTTAAATTAACGATCCAGAAATTTAAACCCCAATTTAGTAGTTGTCGACTTGGTTTACAGCCTAA  
 AGAAACAGCATTGTTACGATTTGTTAGACAAAATGGAGTGAACATGCTTATAATGGTCTAGGGATGCTGATTATCAAG  
 GAGCAGA

Table 19: Comparative Sequences relating to SAG1680 (shikimate 5-dehydrogenase)

## SEQ ID NO. 1906: SAG1680 FROM THE A909 GBS TYPE Ia STRAIN

CCCTAGACCATTATAATCATGTTTCACTCCATTTTGTCTAACAATCGTAACAATGCTGTTTCTTTAGGCTTGTAACCA  
 AGTCGACAACCTACTAAATTCGGTGTAAAATTTCTGGATCGTTAATTAACTATAATTATCTAATGGCCTCATTCCTAAA  
 CTAGTAGCATCAATATAAAAATGACTAGTTCTAATAGCGTCTTTAAATGCTGTCTTATTTTCTAGATAATCAACGACTAC  
 CTTTATTTGAAACTGTTTTTTAATTTTATCTGATAAGTCAATGACCTTATCGTAATTTGAGCTGTTACGATTAAATAATC  
 TAATTTCCGCAACTCCCTCCATAGCTGCTTGAACCTGCAACTGCTTACCTGAACCACCAATACCAGCTATTGTAATTATT  
 TTATTTTAGCAGTGAACCTTGAGCTGCTAAAGCTTTAAACAACCAATGCCATCTGTCTATGGCCTACTAAACGTCC  
 GGTTCCACCTTGATTAAACGATAGTATTACAGCACCCTAATTTAGCTTGAGGAGATAAATCATCTAGCAAAGGGATAA  
 CACTCTGTTTAAATGGCATTGAAACATTAAACACCACGAATACCCAATGCCCTGACACCTCGAACAGCTTCTGTTAATTTA  
 CCCTCTTCTACTTCAAATGTGATAGGCATAATTATGTTTTTTCTTGAAAAGAGGTATTCCACATTAACGGGGATAG

## SEQ ID NO. 1907: SAG1680 FROM THE COH1 GBS TYPE Ia STRAIN

TGCACGCCACTCTCTATCCCCGTTAATGTGGAATACCTCTTTTAAAGAAAAAACATGAATTATGCCTATCTGACATTTGA  
 AGTAGAAGAGGGTAAATTAACAGAAGCTGTTTCGAGGTGTCAGGGCATTGAGTATTCGTGGTGTAAATGTTTCAATGCCAT  
 TTAACAGAGTGTTATCCCTTTGCTAGATGATTATCTCTCAAGCTAAATTAGTGGGTGCTGTAAATACT

## SEQ ID NO. 1908: SAG1680 FROM THE CJB110 GBS NONTYPEABLE STRAIN

ATTCTGTATTAAATGAAATGCTTCTGCTCCTTGATAAATCAGCATCCCTAGACCATTATAAGCATGTTTCACTCCATTTT  
 GTCTAACAAATCGTAACAATGCTGTTTCTTTAGGCTTGTAACCAAGTCGACAACCTACTAAATTGGGTGTTAAATTTCT  
 GGATCGTTAATTAACTATAATTATCTAATGGCCTCATTCCTAACTAGTAGCATCAATATAAAAATGACTAGTTCTAAT  
 AGCGTCTTTAAATGCTGTCTTATTTTCTAGATAATCAACGACTACCTTTATTTGAAACTGTTTTTAAATTTTATCTGATA  
 AGTCAATGACCTTATCGTAATTTGAGCTATTACGATTAAATAATCTAATTTCCGCAACTCCCTCCATAACTGCTTGAAC  
 GCAACTGCTTTACCTGAACCACCAATACCAGCTATTGTAACATTTT

## SEQ ID NO. 1909: SAG1680 FROM THE CJB110 GBS NONTYPEABLE STRAIN

ACTCTCTATCCCCGTTAATGTGGAATACCTCTTTTCAAGAAAAAACATGAATTATGCCTATCTGACATTTGAAGTAGAA  
 GAGGGTAAATTAACAGAAGCTGTTTCGAGGTGTCAGGGCATTGGGTATTCTGGTGTAAATGTTTCAATGCCATTTAAACA  
 GAGTGTATTCCCTTTGCTAGATGATTATCTCTCAAGCTAAATTAGTGGGTGCTGTAAATACTATCGTTAATCAAGGTG  
 GAACCGGACGTTTAGTAGGCCATATGACAGATGGCATTGGTTGTTTTAAAGCTTTAGCAGCTCAAGGTTTCAGTGCTAAA  
 AATAAAATAGTTACAATAGCTGGTATTGGTG

## SEQ ID NO. 1910: SAG1680 FROM THE 1169NT1 GBS TYPE V STRAIN

ATTCTGTATTAAATGAAATGCTTCTGCTCCTTGATAAATCAGCATCCCTAGACCATTATAAGCATGTTTCACTCCATTTT  
 GTCTAACAAATCGTAACAATGCTGTTTCTTTAGGCTTGTAACCAAGTCGACAACCTACTAAATTCGGTGTAAATTTCT  
 GGATCGTTAATTAACTATAATTATCTAATGGCCTCATTCCTAACTAGTAGCATCAATATAAAAATGACTAGTTCTAAT  
 AGCGTCTTTAAATGCTGTCTTATTTTCTAGATAATCAACGACTACCTTTATTTGAAACTGTTTTTAAATTTTATCTGATA  
 AGTCAATGACCTTATCGTAATTTGAGCTGTTACGAT

## SEQ ID NO. 1911: SAG1680 FROM THE 1169NT1 GBS TYPE V STRAIN

ACTTCTCTATTCCCCGTTAATGTGGAATACCTCTTTTCAAGAAAAAACATGAATTATGCCTATCTGACATTTGAAGTAG  
 AAGAGGGTAAATTAACAGAAGCTGTTTCGAGGTGTCAGGGCATTGGGTATTCTGTGGTGTAAATGTTTCAATGCCATTTAAA  
 CAGAGTGTTATCCCTTTGCTAGATGATTATCTCTCAAGCTAAATTAGTGGGTGCTGTAAATACTATCGTTAATCAAGG  
 TGAACC

## SEQ ID NO. 1912: SAG1680 FROM THE 18RS21 GBS TYPE II STRAIN

TCGTTATTAAATGAAATGCTTCTGCTCCTTGATAAATCATCATCCCTAGACCATTATAAGCATGTTTCACTCCATTTTGT  
 CTAACAATCGTAACAATGCTGTTTCTTTAGGCTTGTAACCAAGTCGACAACCTACTAAATTCGGTGTAAATTTCTGG  
 ATCGTTAATTAACTATAATTATCTAATGGCCTCATTCCTAACTAGTAGCATCAATATAAAAATGACTAGTTCTAATAG  
 CGTCTTTAAATGCTGTCTTATTTTCTAGATAATCAACGACTACCTTTATTTGAAACTGTTTTTAAATTTTATCTGATAAG  
 TCAATGACCTTATCGTAATTTGAGCTGTTACGATTAAATAATCTAATTTCCGCAAC

## SEQ ID NO. 1913: SAG1680 FROM THE 18RS21 GBS TYPE II STRAIN

ATGCCTATCTGACATTTGAAGTAGAAGAGGGTAAATTAACAGAAGCTGTTTCGAGGTGTCAGGGCATTGGGTATTCTGGT  
 GTTAATGTTTCAATGCCATTTAAACAGAGTGTTATCCCTTTGCTAGATGATTATCTCTCAAGCTAAATTAGTGGGTGTC  
 TGTAAATACTATCGTTAATCAAGGTGGAACCGGACGTTTAGTAGGCCATATGACAGATGGCATTGGTTGTTTTAAAGCTT  
 TAGCAGCTCAAGGTTTCAGTGCTAAAAATAAAATAATTACAATAGCTGGTATTGGTGGTTCAGGTAAAGCAGTTGCAGTT  
 CAAGCAGCTATGGAGGGAGTTGCCG

Table 19: Comparative Sequences relating to SAG1680 (shikimate 5-dehydrogenase)

SEQ ID NO. 1914: SAG1680 FROM THE JM9130013 GBS TYPE VIII STRAIN

CCCTAGACCATTATAAGTCATGTTTCACTCCATTTTGTCTAACAAATCGTAACAATGCTGTTTCTTTAGGCTTGTAACCC  
 AAGTCGACAACCTACTAAATTGGGTGTTAAATTTCTGGATCGTTAATTAACTATAATTATCTAATGGCCTCATTCCCTAA  
 ACTAGTAGCATCAATATAAAAAAGTACTAGTTCTAATAGCGTCTTTAAATGCTGTCTTATTTTCTAGATAATCAACGACTA  
 CCTTTATTTGAAACTGTTTTTTAATTTTATCTGATAAGTCAATGACCTTATCGTAATTTGAGCTATTACGATTAAATAAT  
 CTAATTTCCGCAACTCCCTCCATAGCTGCTTGAAGTCAACTGCTTTACCTGAACCACCAATACCAGCTATTGTAACCTAT  
 TTTATTTTGTAGCACTGAAACCTTGAGCTGCTAAAGCTTTTAAACAACCAATGCCATCTGTCTAT

SEQ1901 -----ATCCCT  
 SEQ1902 -----GTTATTAATTGAAATGCTTCTGCTCCTTGATAAATCAGCATCCCT  
 SEQ1903 TGGTCTAATTGCCAATCCTGCACGCCACTCTCTAT-CCCCGTTAATGTGGAATACCTCT  
 SEQ1904 -----AAATCAGCATCCCT  
 SEQ1905 -----  
 SEQ1906 -----CCCT  
 SEQ1907 -----TGCACGCCACTCTCTAT-CCCCGTTAATGTGGAATACCTCT  
 SEQ1908 -----ATTCGTTATTAATTGAAATGCTTCTGCTCCTTGATAAATCAGCATCCCT  
 SEQ1909 -----ACTCTCTAT-CCCCGTTAATGTGGAATACCTCT  
 SEQ1910 -----ATTCGTTATTAATTGAAATGCTTCTGCTCCTTGATAAATCAGCATCCCT  
 SEQ1911 -----ACTTCTCTATTCCCCGTTAATGTGGAATACCTCT  
 SEQ1912 -----TCGTTATTAATTGAAATGCTTCTGCTCCTTGATAAATCATCATCCCT  
 SEQ1913 -----  
 SEQ1914 -----CCCT

SEQ1901 GACCATTATAAG-CATGTTTCACTCCATTTTGTCTAACAAATCGTAACAATGCTGTTTC  
 SEQ1902 GACCATTATAAG-CATGTTTCACTCCATTTTGTCTAACAAATCGTAACAATGCTGTTTC  
 SEQ1903 TTCAAGAAAAAATCATGAATTATGCCTATCTGACATTTGAAGTAGAAGAGGGTAAATTA  
 SEQ1904 GAC-ATTATAAG-CATGTTTCACTCCATTTTGTCTAACAAATCGTAACAATGCTGTTTC  
 SEQ1905 -----  
 SEQ1906 GACCATTATAAT-CATGTTTCACTCCATTTTGTCTAACAAATCGTAACAATGCTGTTTC  
 SEQ1907 TT-AAGAAAAAATCATGAATTATGCCTATCTGACATTTGAAGTAGAAGAGGGTAAATTA  
 SEQ1908 GACCATTATAAG-CATGTTTCACTCCATTTTGTCTAACAAATCGTAACAATGCTGTTTC  
 SEQ1909 TTCAAGAAAAAATCATGAATTATGCCTATCTGACATTTGAAGTAGAAGAGGGTAAATTA  
 SEQ1910 GACCATTATAAG-CATGTTTCACTCCATTTTGTCTAACAAATCGTAACAATGCTGTTTC  
 SEQ1911 TTCAAGAAAAAATCATGAATTATGCCTATCTGACATTTGAAGTAGAAGAGGGTAAATTA  
 SEQ1912 GACCATTATAAG-CATGTTTCACTCCATTTTGTCTAACAAATCGTAACAATGCTGTTTC  
 SEQ1913 -----ATGCCTATCTGACATTTGAAGTAGAAGAGGGTAAATTA  
 SEQ1914 GACCATTATAAGTCATGTTTCACTCCATTTTGTCTAACAAATCGTAACAATGCTGTTTC

SEQ1901 TTAGGCTTGTAACCAAGTC--GACAACCTACTAAATTCGGTGTTAAATTTCTGGATCG  
 SEQ1902 TTAGGCTTGTAACCAAGTC--GACAACCTACTAAATTCGGTGTTAAATTTCTGGATCG  
 SEQ1903 CAGAAGCTGTTTCGAGGTGTCAGGGCATTGAGTATTTCGTGGTGTTAATGTTTCAATGCCA  
 SEQ1904 TTAGGCTTGTAACCAAGTC--GACAACCTACTAAATTCGGTGTTAAATTTCTGGATCG  
 SEQ1905 -----GTTTCGAGGTGTCAGGGCATTGGGTATTTCGTGGTGTTAATGTTTCAATGCCA  
 SEQ1906 TTAGGCTTGTAACCAAGTC--GACAACCTACTAAATTCGGTGTTAAATTTCTGGATCG  
 SEQ1907 CAGAAGCTGTTTCGAGGTGTCAGGGCATTGAGTATTTCGTGGTGTTAATGTTTCAATGCCA  
 SEQ1908 TTAGGCTTGTAACCAAGTC--GACAACCTACTAAATTCGGTGTTAAATTTCTGGATCG  
 SEQ1909 CAGAAGCTGTTTCGAGGTGTCAGGGCATTGGGTATTTCGTGGTGTTAATGTTTCAATGCCA  
 SEQ1910 TTAGGCTTGTAACCAAGTC--GACAACCTACTAAATTCGGTGTTAAATTTCTGGATCG  
 SEQ1911 CAGAAGCTGTTTCGAGGTGTCAGGGCATTGGGTATTTCGTGGTGTTAATGTTTCAATGCCA  
 SEQ1912 TTAGGCTTGTAACCAAGTC--GACAACCTACTAAATTCGGTGTTAAATTTCTGGATCG  
 SEQ1913 CAGAAGCTGTTTCGAGGTGTCAGGGCATTGGGTATTTCGTGGTGTTAATGTTTCAATGCCA  
 SEQ1914 TTAGGCTTGTAACCAAGTC--GACAACCTACTAAATTCGGTGTTAAATTTCTGGATCG

Table 19: Comparative Sequences relating to SAG1680 (shikimate 5-dehydrogenase)

SEQ1901	TT-AATTAACTATAATTATCT-----AATGGCCTCATTCCT-AAACTAGTAGCATCAAT
SEQ1902	TT-AATTAACTATAATTATCT-----AATGGCCTCATTCCT-AAACTAGTAGCATCAAT
SEQ1903	TTTAAACAGAGTGTTATCCCTTTGCTAGATGATTTATCTCCTCAAGCTAAATTAGTGGGT
SEQ1904	TT-AATTAACTATAATTATCT-----AATGGCCTCATTCCT-AAACTAGTAGCATCAAT
SEQ1905	TTTAAACAGAGTGTTATCCCTTTGCTARATGATTTATCTCCTCAAGCTAAATTAGTGGGT
SEQ1906	TT-AATTAACTATAATTATCT-----AATGGCCTCATTCCT-AAACTAGTAGCATCAAT
SEQ1907	TTTAAACAGAGTGTTATCCCTTTGCTAGATGATTTATCTCCTCAAGCTAAATTAGTGGGT
SEQ1908	TT-AATTAACTATAATTATCT-----AATGGCCTCATTCCT-AAACTAGTAGCATCAAT
SEQ1909	TTTAAACAGAGTGTTATCCCTTTGCTAGATGATTTATCTCCTCAAGCTAAATTAGTGGGT
SEQ1910	TT-AATTAACTATAATTATCT-----AATGGCCTCATTCCT-AAACTAGTAGCATCAAT
SEQ1911	TTTAAACAGAGTGTTATCCCTTTGCTAGATGATTTATCTCCTCAAGCTAAATTAGTGGGT
SEQ1912	TT-AATTAACTATAATTATCT-----AATGGCCTCATTCCT-AAACTAGTAGCATCAAT
SEQ1913	TTTAAACAGAGTGTTATCCCTTTGCTAGATGATTTATCTCCTCAAGCTAAATTAGTGGGT
SEQ1914	TT-AATTAACTATAATTATCT-----AATGGCCTCATTCCT-AAACTAGTAGCATCAAT
SEQ1901	TAAAAATGACTAGTTCTAATAGCGTCTTTAAATGCTGTCTTATTTTCTAGATAATCAAC
SEQ1902	TAAAAATGACTAGTTCTAATAGCGTCTTTAAATGCTGTCTTATTTTCTAGATAATCAAC
SEQ1903	CTGTAAATACTATCGTTAATCAAGGTGGAACCGGACGTTTAGTAGGCCATATGACAGAT
SEQ1904	TAAAAATGACTAGTTCTAATAGCGTCTTTAAATGCTGTCTTATTTTCTAGATAATCAAC
SEQ1905	CTGTAAATACTATCGTTAATCAAGGTGGAACCGGACGTTTAGTAGGCCATATGACAGAT
SEQ1906	TAAAAATGACTAGTTCTAATAGCGTCTTTAAATGCTGTCTTATTTTCTAGATAATCAAC
SEQ1907	CTGTAAATACT-----
SEQ1908	TAAAAATGACTAGTTCTAATAGCGTCTTTAAATGCTGTCTTATTTTCTAGATAATCAAC
SEQ1909	CTGTAAATACTATCGTTAATCAAGGTGGAACCGGACGTTTAGTAGGCCATATGACAGAT
SEQ1910	TAAAAATGACTAGTTCTAATAGCGTCTTTAAATGCTGTCTTATTTTCTAGATAATCAAC
SEQ1911	CTGTAAATACTATCGTTAATCAAGGTGGAAC-----
SEQ1912	TAAAAATGACTAGTTCTAATAGCGTCTTTAAATGCTGTCTTATTTTCTAGATAATCAAC
SEQ1913	CTGTAAATACTATCGTTAATCAAGGTGGAACCGGACGTTTAGTAGGCCATATGACAGAT
SEQ1914	TAAAAATGACTAGTTCTAATAGCGTCTTTAAATGCTGTCTTATTTTCTAGATAATCAAC
SEQ1901	ACTACCTTTATTTGAAACTGTTTTTAAATTTTATCTGATAAGTCAATGACCTTATCGTA
SEQ1902	ACTACCTTTATTTGAAACTGTTTTTAAATTTTATCTGATAAGTCAATGACCTTATCGTA
SEQ1903	GCAATTGGTTGTTTTAAAGCTTTAGCAGCTCAAGGTTTCAGTGCTAAAAATAAAATAATT
SEQ1904	ACTACCTTTATTTGAAACTGTTTTTAAATTTTATCTGATAAGTCAATGACCTTATCGTA
SEQ1905	GCAATTGGTTGTTTTAAAGCTTTAGCAGCTCAAGGTTTCAGTGCTAAAAATAAAATAGTT
SEQ1906	ACTACCTTTATTTGAAACTGTTTTTAAATTTTATCTGATAAGTCAATGACCTTATCGTA
SEQ1907	-----
SEQ1908	ACTACCTTTATTTGAAACTGTTTTTAAATTTTATCTGATAAGTCAATGACCTTATCGTA
SEQ1909	GCAATTGGTTGTTTTAAAGCTTTAGCAGCTCAAGGTTTCAGTGCTAAAAATAAAATAGTT
SEQ1910	ACTACCTTTATTTGAAACTGTTTTTAAATTTTATCTGATAAGTCAATGACCTTATCGTA
SEQ1911	-----
SEQ1912	ACTACCTTTATTTGAAACTGTTTTTAAATTTTATCTGATAAGTCAATGACCTTATCGTA
SEQ1913	GCAATTGGTTGTTTTAAAGCTTTAGCAGCTCAAGGTTTCAGTGCTAAAAATAAAATAATT
SEQ1914	ACTACCTTTATTTGAAACTGTTTTTAAATTTTATCTGATAAGTCAATGACCTTATCGTA
SEQ1901	TTTGAGCTGTTACGATTAAATAATCTAATTTCCGCAACTCCCTCCATAGCTGCTTGAAC
SEQ1902	TTTGAGCTGTTACGATTAAATAATCTAATTTCCGCAACTCCCTCCATAGCTGCTTGAAC
SEQ1903	CAATAGCTGGTATTGGTGGTTTCAAGGTAAAGCAGTTGCAGTTCAAGCAGCTATGGAGGGA
SEQ1904	TTTGAGCTGTTACGATTAAATAATCTAATTTCCGCAACTCCCTCCATAGCTGCTTGAAC
SEQ1905	CAATAGCTGGTATTGGTGGTTTCAAGGTAAAGCAGTTGCAGTTCAAGCAGCTATGGAGGGA
SEQ1906	TTTGAGCTGTTACGATTAAATAATCTAATTTCCGCAACTCCCTCCATAGCTGCTTGAAC
SEQ1907	-----
SEQ1908	TTTGAGCTATTACGATTAAATAATCTAATTTCCGCAACTCCCTCCATAACTGCTTGAAC
SEQ1909	CAATAGCTGGTATTGGT-----
SEQ1910	TTTGAGCTGTTACGAT-----
SEQ1911	-----
SEQ1912	TTTGAGCTGTTACGATTAAATAATCTAATTTCCGCAAC-----
SEQ1913	CAATAGCTGGTATTGGTGGTTTCAAGGTAAAGCAGTTGCAGTTCAAGCAGCTATGGAGGGA
SEQ1914	TTTGAGCTATTACGATTAAATAATCTAATTTCCGCAACTCCCTCCATAGCTGCTTGAAC

Table 19: Comparative Sequences relating to SAG1680 (shikimate 5-dehydrogenase)

SEQ1901	GCAACTGCTTTACCTGAACCACCAATACCAGCTATTGTAATTATTTTATTTTATAGCACT
SEQ1902	GCAACTGCTTTACCTGAACCACCAATACCAGCTATTGTAATTATTTTATTTTATAGCACT
SEQ1903	TTGCGGAAATTAGATTATTTAATCGTAACAGCTCAAATTACGATAAGGTCATTGACTTA
SEQ1904	GCAACTGCTTTACCTGAACCACCAATACCAGCTATTGTAATTATTTTATTTTATAGCACT
SEQ1905	TTGCGGAAATTAGATTATTTAATCGTAATAGCTCAAATTACGATAAGGTCATTGACTTA
SEQ1906	GCAACTGCTTTACCTGAACCACCAATACCAGCTATTGTAATTATTTTATTTTATAGCACT
SEQ1907	-----
SEQ1908	GCAACTGCTTTACCTGAACCACCAATACCAGCTATTGTAATTATTTTATTTTATAGCACT
SEQ1909	-----
SEQ1910	-----
SEQ1911	-----
SEQ1912	-----
SEQ1913	TTGCGG-----
SEQ1914	GCAACTGCTTTACCTGAACCACCAATACCAGCTATTGTAATTATTTTATTTTATAGCACT
SEQ1901	AAACCTTGAGCTGCTAAAGCTTTAAACAACCAATGCCATCTGTCATATGGCCTACTAA
SEQ1902	AAACCTTGAGCTGCTAAAGCTTTAAACAACCAATGCCATCTGTCATATGGCCTACTAA
SEQ1903	CAGATAAAATTAAAAAACAGTTTCAAATAAAGGTAGTCGTTGATTATCTAGAAAATAAG
SEQ1904	AAACCTTGAGCTGCTAAAGCTTTAAACAACCAATGCCATCTGTCATATGGCCTACTAA
SEQ1905	CAGATAAAATTAAAAAACAGTTTCAAATAAAGGTAGTCGTTGATTATCTAGAAAATAAG
SEQ1906	AAACCTTGAGCTGCTAAAGCTTTAAACAACCAATGCCATCTGTCATATGGCCTACTAA
SEQ1907	-----
SEQ1908	-----
SEQ1909	-----
SEQ1910	-----
SEQ1911	-----
SEQ1912	-----
SEQ1913	-----
SEQ1914	AAACCTTGAGCTGCTAAAGCTTTAAACAACCAATGCCATCTGTCAT-TABCMARAT--
SEQ1901	CGTCCGGTTCCACCTTGATTAAACGATAGTATTTACAGCACCCACTAATTTAGCTTGAGG
SEQ1902	CGTCCGGTTCCACCTTGATTAAACGATAGTATTTACAGCACCCACTAATTTAGCTTGAGG
SEQ1903	CAGCATTTAAAGACGCTATTAGAACTAGTCATTTTATATTGATGCTACTAGTTTAGGA
SEQ1904	CGTCCGGTTCCACCTTGATTAAACGATAGTATTTACAGCACCCACTAATTTAGCTTGAGG
SEQ1905	CAGCATTTAAAGACGCTATTAGAACTAGTCATTTTATATTGATGCTACTAGTTTAGGA
SEQ1906	CGTCCGGTTCCACCTTGATTAAACGATAGTATTTACAGCACCCACTAATTTAGCTTGAGG
SEQ1907	-----
SEQ1908	-----
SEQ1909	-----
SEQ1910	-----
SEQ1911	-----
SEQ1912	-----
SEQ1913	-----
SEQ1914	STNCSRATNGTSASHKMATDHYDRGNAS-----
SEQ1901	GATAAATCATCTAGCAAAGGGATAAACAACCTCTGTTTAAATGGCATTGAAACATTAAACACC
SEQ1902	GATAAATCATCTAGCAAAGGGATAAACAACCTCTGTTTAAATGGCATTGAAACATTAAACACC
SEQ1903	TGAGGCCATTAGATAATTATAGTTTAAATTAACGATCCAGATATTTTAACACCGAATTTA
SEQ1904	GATAAATCATCTAGCAAAGGGATAAACAACCTCTGTTTAAATGGCATTGAAACATTAAACACC
SEQ1905	TGARGCCATTAGATAATTATAGTTTAAATTAACGATCCAGAAATTTTAACACCGAATTTA
SEQ1906	GATAAATCATCTAGCAAAGGGATAAACAACCTCTGTTTAAATGGCATTGAAACATTAAACACC
SEQ1907	-----
SEQ1908	-----
SEQ1909	-----
SEQ1910	-----
SEQ1911	-----
SEQ1912	-----
SEQ1913	-----
SEQ1914	-----



Table 19: Comparative Sequences relating to SAG1680 (shikimate 5-dehydrogenase)

SEQ1901	CGAATACCCAATGCCCTGACACCTCGAACAGCTTCTGTTAATTTACCCCTCTTCTACTTC
SEQ1902	CGAATACCCAATGCCCTGACACCTCGAACAGCTTCTGTTAATTTACCCCTCTTCTACTTC
SEQ1903	TAGTTGTCGACTT-----
SEQ1904	CGAATACTCAATGCCCTGACACCTCGAACAGCTTCTGTTAATTTACCCCTCTTCTACTTC
SEQ1905	TAGTTGTCGACTTGGTTTACAAGCCTAAAGAAACAGCATTGTTACGATTTGTTAGACAA
SEQ1906	CGAATACCCAATGCCCTGACACCTCGAACAGCTTCTGTTAATTTACCCCTCTTCTACTTC
SEQ1907	-----
SEQ1908	-----
SEQ1909	-----
SEQ1910	-----
SEQ1911	-----
SEQ1912	-----
SEQ1913	-----
SEQ1914	-----
SEQ1901	AATGTCAGATAGGCATAATTCATGTTTTTTTCTTGAAAAGAGGTATTCCACATTAACGG
SEQ1902	AATGTCAGATAGGCATAATTCATGTTTTTTTCTTGAAAAGAGGTATTCCACATTAACGG
SEQ1903	-----
SEQ1904	AATGTCAGATAGGCATAATTCATGTTTTTTTCTTGAAAAGAGGTATTCCACATTAACGG
SEQ1905	ATGGAGTGAAACATGCTTATAATGGTCTAGGGATGCTGATTTATCAAGGAGCAGA----
SEQ1906	AATGTCAGATAGGCATAATTCATGTTTTTTTCTTGAAAAGAGGTATTCCACATTAACGG
SEQ1907	-----
SEQ1908	-----
SEQ1909	-----
SEQ1910	-----
SEQ1911	-----
SEQ1912	-----
SEQ1913	-----
SEQ1914	-----
SEQ1901	GATAGAGAGTGGCGTGCAGG-
SEQ1902	GATAGAGAGTGGCGTGCAGGA
SEQ1903	-----
SEQ1904	GATAGAGAGTGGCGTGCA---
SEQ1905	-----
SEQ1906	GATAG-----
SEQ1907	-----
SEQ1908	-----
SEQ1909	-----
SEQ1910	-----
SEQ1911	-----
SEQ1912	-----
SEQ1913	-----
SEQ1914	-----

Table 20: Comparative Sequences relating to SAG1723 (signal peptidase I)

## SEQ ID NO. 2001: SAG1723 FROM THE COH1 GBS TYPE Ia STRAIN

ATCGATTGATATTGTAGTGGCTAACGAAGAAGAAGGCGGCCAAAAGAAAAAATTGTTAAACGTGTCATTGGTATGCCAGGTGATGTC  
ATCAATATATAAAATGACACCTTAACCTATTAAACAATAAAAAACAGAAGAACCTTACCTCAAGGAATATACTAAATTTTAAAAAGGA  
TAAATTACAGGAAAAATATCGTATAACCCACTTTTCCAAGACCTAGCACAAAGCTCTACCGCTTTCAACCTGACAGCAATGGCAGCA  
GCGAATTTACTACTGTGCTGCTAAAGGCCACTACTATCTTGTGGTGATGACCGAATTGTCTCTAAAGATAGTCGTGCCGTGGTCC  
TTCAAAA

## SEQ ID NO. 2002: SAG1680 FROM THE CJB110 GBS NONTYPEABLE STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)

TAAAGTTGACGGACACTCCATGGATCCAACCTTAGCTGACAAGGAACAGCTAGTAGTTCTCAAACAAACAAAAATCAATCGATTGATA  
TTGTAGTGGCTAACGAAGAAGAAGGCGGCCAAAAGAAAAAATTGTTAAACGTGTCATTGGTATGCCAGGTGATGTCATCAATATAAA  
AATGACACCTTAACCTATTAAACAATAAAAAACAGAAGAACCTTACCTCAAGGAATATACTAAATTTTAAAAAGGATAAATTACAGGA  
AAAATATTGCTATAACCCACTTTTCCAAGACCTAGCACAAAGCTCTACCGCTTTCACTACTGACAGCAATGGCAGCAGCGAATTTACTA  
CTGTGCTGCTAAAGGCCACTACTATCTTGTGGTGATGACCGAATTGTCTCTAAAGATAGTCGTGCCGTGGTCCCTTCAAAAAATCA  
ACAATTGTGGGAG

## SEQ ID NO. 2003: SAG1680 FROM THE 18R21 GBS TYPE II STRAIN

TTGACGGACACTCCATGGATCCAACCTTAGCTGACAAGGAACAGCTAGTAGTTCTCAAACAAACAAAAATCAATCGATTGATA  
TTGGCTAACGAAGAAGAAGGCGGCCAAAAGAAAAAATTGTTAAACGTGTCATTGGTATGCCAGGTGATGTCATCAATATAAAATGA  
CACCTTAACCTATTAAACAATAAAAAACAGAAGAACCTTACCTCAAGGAATATACTAAATTTTAAAAAGGATAAATTACAGGAAAAAT  
ATTGCTATAACCCACTTTTCCAAGACCTAGCACAAAGCTCTACCGCTTTCACTACTGACAGCAATGGCAGCAGCGAATTTACTACTGTC  
GTGCTTAAAGGCCACTACTATCTTGTGGTGATGACCGAATTGTCTCTAAAGATAGTCGTGCCGTGGTCCCTTCAAAAAATCAACGAT  
TTGGGAGAGGT

## SEQ ID NO. 2004: SAG1680 FROM THE 2603 V/R GBS TYPE V STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)

AAGTTGACGGACACTCCATGGATCCAACCTTAGCTGACAAGGAACAGCTAGTAGTTCTCAAACAAACAAAAATCAATCGATTGATA  
GTAGTGGCTAACGAAGAAGAAGGCGGCCAAAAGAAAAAATTGTTAAACGTGTCATTGGTATGCCAGGTGATGTCATCAATATAAA  
TGACACCTTAACCTATTAAACAATAAAAAACAGAAGAACCTTACCTCAAGGAATATACTAAATTTTAAAAAGGATAAATTACAGGAAA  
AATATTGCTATAACCCACTTTTCCAAGACCTAGCACAAAGCTCTACCGCTTTCACTACTGACAGCAATGGCAGCAGCGAATTTACTACT  
GTCGTGCTTAAAGGCCACTACTATCTTGTGGTGATGACCGAATTGTCTCTAAAGATAGTCGTGCCGTGGTCCCTTCAAAAAATCAACGAT

## SEQ ID NO. 2005: SAG1680 FROM THE M732 GBS TYPE III STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)

TTGACGGACACTCCATGGATCCAACCTTAGCTGACAAGGAACAGCTAGTAGTTCTCAAACAAACAAAAATCAATCGATTGATA  
GGCTAACGAAGAAGAAGGCGGCCAAAAGAAAAAATTGTTAAACGTGTCATTGGTATGCCAGGTGATGTCATCAATATAAAATGACA  
CCTTAACCTATTAAACAATAAAAAACAGAAGAACCTTACCTCAAGGAATATACTAAATTTTAAAAAGGATAAATTACAGGAAAAAT  
TCGTATAACCCACTTTTCCAAGACCTAGCACAAAGCTCTACCGCTTTCACTACTGACAGCAATGGCAGCAGCGAATTTACTACTGTC  
GCCTAAAGGCCACTACTATCTTGTGGTGATGACCGA

## SEQ ID NO. 2006: SAG1680 FROM THE M781 GBS TYPE III STRAIN

TTGACGGACACTCCATGGATCCAACCTTAGCTGACAAGGAACAGCTAGTAGTTCTCAAACAAACAAAAATCAATCGATTGATA  
TTGGCTAACGAAGAAGAAGGCGGCCAAAAGAAAAAATTGTTAAACGTGTCATTGGTATGCCAGGTGATGTCATCAATATAAAATGA  
GACCTTAACCTATTAAACAATAAAAAACAGAAGAACCTTACCTCAAGGAATATACTAAATTTTAAAAAGGATAAATTACAGGAAAAAT  
TATTCGTATAACCCACTTTTCCAAGACCTAGCACAAAGCTCTACCGCTTTCACTACTGACAGCAATGGCAGCAGCGAATTTACTACT

## SEQ ID NO. 2007: SAG1680 FROM THE 1169NT1 GBS TYPE V STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)

TTGGTAAAGTTGACGGACACTCCATGGATCCAACCTTAGCTGACAAGGAACAGCTAGTAGTTCTCAAACAAACAAAAATCAATCGATT  
GATATTGTAGTGGCTAACGAAGAAGAAGGCGGCCAAAAGAAAAAATTGTTAAACGTGTCATTGGTATGCCAGGTGATGTCATCAATA  
TAAAAATGACACCTTAACCTATTAAACAATAAAAAACAGAAGAACCTTACCTCAAGGAATATACTAAATTTTAAAAAGGATAAATTAC  
AGGAAAAATATTGCTATAACCCACTTTTCCAAGACCTAGCACAAAGCTCTACCGCTTTCACTACTGACAGCAATGGCAGCAGCGAATTT  
ACCACGTGCTGCTTAAAGGCCACTACTATCTTGTGGTGATGACCGAATTGTCTCTAAAGATAGTCGTGCCGTGGTCCCTTCAAAAA  
ATCAAGC

## SEQ ID NO. 2008: SAG1680 FROM THE H36b GBS TYPE Ib STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)

TTGACGGACACTCCATGGATCCAACCTTAGCTGACAAGGAACAGCTAGTAGTTCTCAAACAAACAAAAATCAATCGATTGATA  
TTGGCTAACGAAGAAGAAGGCGGCCAAAAGAAAAAATTGTTAAACGTGTCATTGGTATGCCAGGTGATGTCATCAATATAAAATGA  
CACCTTAACCTATTAAACAATAAAAAACAGAAGAACCTTACCTCAAGGAATATACTAAATTTTAAAAAGGATAAATTACAGGAAAAAT  
ATTGCTATAACCCACTTTTCCAAGACCTAGCACAAAGCTCTACCGCTTTCACTACTGACAGCAATGGCAGCAGCGAATTTACTACTGTC  
GTGCTTAAAGGCCACTACTATCTTGTGGTGATGACCGA

## SEQ ID NO. 2009: SAG1680 FROM THE 090 GBS TYPE Ia STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)

TAAAGTTGACGGACACTCCATGGATCCAACCTTAGCTGACAAGGAACAGCTAGTAGTTCTCAAACAAACAAAAATCAATCGATTGATA  
TTGTAGTGGCTAACGAAGAAGAAGGCGGCCAAAAGAAAAAATTGTTAAACGTGTCATTGGTATGCCAGGTGATGTCATCAATATAAA  
AATGACACCTTAACCTATTAAACAATAAAAAACAGAAGAACCTTACCTCAAGGAATATACTAAATTTTAAAAAGGATAAATTACAGGA  
AAAATATTGCTATAACCCACTTTTCCAAGACCTAGCACAAAGCTCTACCGCTTTCACTACTGACAGCAATGGCAGCAGCGAATTTACTA  
CTGTGCTGCTTAAAGGCCACTACTATCTTGTGGTGATGACCGAATTGTCTCTAAAGATAGTCGTGCCGTGGTCCCTTCAAAAA

Table 20: Comparative Sequences relating to SAG1723 (signal peptidase I)

SEQ ID NO. 2010: SAG1680 FROM THE A909 GBS TYPE Ia STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)  
 AAAGTTGACGGACACTCCATGGATCCAACCTTTAGCTGACAAGGAACAGCTAGTAGTTCTCAAACAAACAAAATCAATCGATTCGATAT  
 TGTAGTGGCTAACGAAGAAGAGGCGCCAAAAGAAAAAATTGTTAAACGTGTCTATGGTATGCCAGGTGATGTATCAAAATATAAAA  
 ATGACACCTTAACCTATTAACAATAAAAAACAGAAGAACCTTACCTCAAGGAATATACTAAATTATTTAAAAAGGATAAATTACAGGAA  
 AAATATTCTGATAACCCACTTTTCCAAGACCTAGCAAAAGCTCTACCGCTTTCACCACCTGACAGCAATGGCAGCAGCGAATTTACTAC  
 TGTCGTGCCTAAAGGCCACTACTATCTTGTGTTGGTATGACCGAATTGTCTCTAAAGATAGTCGTGCCGTCCGTCCCTTCAAAAAATCAA  
 CG

SEQ2001 -----  
 SEQ2002 ---TAAAGTTGACGGACACTCCATGGATCCAACCTTTAGCTGACAAGGAACAGCTAGTAG  
 SEQ2003 -----TTGACGGACACTCCATGGATCCAACCTTTAGCTGACAAGGAACAGCTAGTAG  
 SEQ2004 -----AAGTTGACGGACACTCCATGGATCCAACCTTTAGCTGACAAGGAACAGCTAGTAG  
 SEQ2005 -----TTGACGGACACTCCATGGATCCAACCTTTAGCTGACAAGGAACAGCTAGTAG  
 SEQ2006 -----TTGACGGACACTCCATGGATCCAACCTTTAGCTGACAAGGAACAGCTAGTAG  
 SEQ2007 TGGTAAAGTTGACGGACACTCCATGGATCCAACCTTTAGCTGACAAGGAACAGCTAGTAG  
 SEQ2008 -----TTGACGGACACTCCATGGATCCAACCTTTAGCTGACAAGGAACAGCTAGTAG  
 SEQ2009 ---TAAAGTTGACGGACACTCCATGGATCCAACCTTTAGCTGACAAGGAACAGCTAGTAG  
 SEQ2010 ---AAGTTGACGGACACTCCATGGATCCAACCTTTAGCTGACAAGGAACAGCTAGTAG

SEQ2001 -----ATCGATTTCGATATTGTAGTGGCTAACGAAGAAGAAGGCG  
 SEQ2002 TCTCAAACAAACAAAATCAATCGATTTCGATATTGTAGTGGCTAACGAAGAAGAAGGCG  
 SEQ2003 TCTCAAACAAACAAAATCAATCGATTTCGATATTGTAGTGGCTAACGAAGAAGAAGGCG  
 SEQ2004 TCTCAAACAAACAAAATCAATCGATTTCGATATTGTAGTGGCTAACGAAGAAGAAGGCG  
 SEQ2005 TCTCAAACAAACAAAATCAATCGATTTCGATATTGTAGTGGCTAACGAAGAAGAAGGCG  
 SEQ2006 TCTCAAACAAACAAAATCAATCGATTTCGATATTGTAGTGGCTAACGAAGAAGAAGGCG  
 SEQ2007 TCTCAAACAAACAAAATCAATCGATTTCGATATTGTAGTGGCTAACGAAGAAGAAGGCG  
 SEQ2008 TCTCAAACAAACAAAATCAATCGATTTCGATATTGTAGTGGCTAACGAAGAAGAAGGCG  
 SEQ2009 TCTCAAACAAACAAAATCAATCGATTTCGATATTGTAGTGGCTAACGAAGAAGAAGGCG  
 SEQ2010 TCTCAAACAAACAAAATCAATCGATTTCGATATTGTAGTGGCTAACGAAGAAGAAGGCG

SEQ2001 GCCAAAAGAAAAAATTGTTAAACGTGTCTATTGGTATGCCAGGTGATGTATCAAATATA  
 SEQ2002 GCCAAAAGAAAAAATTGTTAAACGTGTCTATTGGTATGCCAGGTGATGTATCAAATATA  
 SEQ2003 GCCAAAAGAAAAAATTGTTAAACGTGTCTATTGGTATGCCAGGTGATGTATCAAATATA  
 SEQ2004 GCCAAAAGAAAAAATTGTTAAACGTGTCTATTGGTATGCCAGGTGATGTATCAAATATA  
 SEQ2005 GCCAAAAGAAAAAATTGTTAAACGTGTCTATTGGTATGCCAGGTGATGTATCAAATATA  
 SEQ2006 GCCAAAAGAAAAAATTGTTAAACGTGTCTATTGGTATGCCAGGTGATGTATCAAATATA  
 SEQ2007 GCCAAAAGAAAAAATTGTTAAACGTGTCTATTGGTATGCCAGGTGATGTATCAAATATA  
 SEQ2008 GCCAAAAGAAAAAATTGTTAAACGTGTCTATTGGTATGCCAGGTGATGTATCAAATATA  
 SEQ2009 GCCAAAAGAAAAAATTGTTAAACGTGTCTATTGGTATGCCAGGTGATGTATCAAATATA  
 SEQ2010 GCCAAAAGAAAAAATTGTTAAACGTGTCTATTGGTATGCCAGGTGATGTATCAAATATA

SEQ2001 AAAATGACACCTTAACCTATTAACAATAAAAAACAGAAGAACCTTACCTCAAGGAATATA  
 SEQ2002 AAAATGACACCTTAACCTATTAACAATAAAAAACAGAAGAACCTTACCTCAAGGAATATA  
 SEQ2003 AAAATGACACCTTAACCTATTAACAATAAAAAACAGAAGAACCTTACCTCAAGGAATATA  
 SEQ2004 AAAATGACACCTTAACCTATTAACAATAAAAAACAGAAGAACCTTACCTCAAGGAATATA  
 SEQ2005 AAAATGACACCTTAACCTATTAACAATAAAAAACAGAAGAACCTTACCTCAAGGAATATA  
 SEQ2006 AAAATGACACCTTAACCTATTAACAATAAAAAACAGAAGAACCTTACCTCAAGGAATATA  
 SEQ2007 AAAATGACACCTTAACCTATTAACAATAAAAAACAGAAGAACCTTACCTCAAGGAATATA  
 SEQ2008 AAAATGACACCTTAACCTATTAACAATAAAAAACAGAAGAACCTTACCTCAAGGAATATA  
 SEQ2009 AAAATGACACCTTAACCTATTAACAATAAAAAACAGAAGAACCTTACCTCAAGGAATATA  
 SEQ2010 AAAATGACACCTTAACCTATTAACAATAAAAAACAGAAGAACCTTACCTCAAGGAATATA

SEQ2001 CTAAATTATTT-AAAAAGGATAAATTACAGGAAAAATATTCTGATAACCCACTTTTCCAA  
 SEQ2002 CTAAATTATTT-AAAAAGGATAAATTACAGGAAAAATATTCTGATAACCCACTTTTCCAA  
 SEQ2003 CTAAATTATTT-AAAAAGGATAAATTACAGGAAAAATATTCTGATAACCCACTTTTCCAA  
 SEQ2004 CTAAATTATTT-AAAAAGGATAAATTACAGGAAAAATATTCTGATAACCCACTTTTCCAA  
 SEQ2005 CTAAATTATTT-AAAAAGGATAAATTACAGGAAAAATATTCTGATAACCCACTTTTCCAA  
 SEQ2006 CTAAATTATTT-AAAAAGGATAAATTACAGGAAAAATATTCTGATAACCCACTTTTCCAA  
 SEQ2007 CTAAATTATTT-AAAAAGGATAAATTACAGGAAAAATATTCTGATAACCCACTTTTCCAA  
 SEQ2008 CTAAATTATTT-AAAAAGGATAAATTACAGGAAAAATATTCTGATAACCCACTTTTCCAA  
 SEQ2009 CTAAATTATTT-AAAAAGGATAAATTACAGGAAAAATATTCTGATAACCCACTTTTCCAA  
 SEQ2010 CTAAATTATTT-AAAAAGGATAAATTACAGGAAAAATATTCTGATAACCCACTTTTCCAA

Table 20: Comparative Sequences relating to SAG1723 (signal peptidase I)

SEQ2001	GACCTAGCACAAAGCTCTACCGCTTTCCACCTGACAGCAATGGCAGCAGCGAATTTACT
SEQ2002	GACCTAGCACAAAGCTCTACCGCTTTCCACTACTGACAGCAATGGCAGCAGCGAATTTACT
SEQ2003	GACCTAGCACAAAGCTCTACCGCTTTCCACCTGACAGCAATGGCAGCAGCGAATTTACT
SEQ2004	GACCTAGCACAAAGCTCTACCGCTTTCCACCTGACAGCAATGGCAGCAGCGAATTTACT
SEQ2005	GACCTAGCACAAAGCTCTACCGCTTTCCACCTGACAGCAATGGCAGCAGCGAATTTACT
SEQ2006	GACCTAGCACAAAGCTCTACCGCTTTCCACCTGACAGCAATGGCAGCAGCGAATTTACT
SEQ2007	GACCTAGCACAAAGCTCTACCGCTTTCCACTACTGACAGCAATGGCAGCAGCGAATTTACC
SEQ2008	GACCTAGCACAAAGCTCTACCGCTTTCCACCTGACAGCAATGGCAGCAGCGAATTTACT
SEQ2009	GACCTAGCACAAAGCTCTACCGCTTTCCACTACTGACAGCAATGGCAGCAGCGAATTTACT
SEQ2010	GACCTAGCACAAAGCTCTACCGCTTTCCACCTGACAGCAATGGCAGCAGCGAATTTACT
SEQ2001	CTGTCGTGCCTAAAGGCCACTACTATCTTGTGGTGATGACCGAATTGTCTCTAAAGAT
SEQ2002	CTGTCGTGCCTAAAGGCCACTATTATCTTGTGGTGATGACCGAATTGTCTCTAAAGAT
SEQ2003	CTGTCGTGCCTAAAGGCCACTACTATCTTGTGGTGATGACCGAATTGTCTCTAAAGAT
SEQ2004	CTGTCGTGCCTAAAGGCCACTACTATCTTGTGGTGATGACCGAATTGTCTCTAAAGAT
SEQ2005	CTGTCGTGCCTAAAGGCCACTACTATCTTGTGGTGATGACCGA-----
SEQ2006	-----
SEQ2007	CTGTCGTGCCTAAAGGCCACTACTATCTTGTGGTGATGACCGAATTGTCTCTAAAGAT
SEQ2008	CTGTCGTGCCTAAAGGCCACTACTATCTTGTGGTGATGACCGA-----
SEQ2009	CTGTCGTGCCTAAAGGCCACTATTATCTTGTGGTGATGACCGAATTGTCTCTAAAGAT
SEQ2010	CTGTCGTGCCTAAAGGCCACTACTATCTTGTGGTGATGACCGAATTGTCTCTAAAGAT
• SEQ2001	GTGTCGCCGTCGGTTCCTTCAAAA-----
SEQ2002	GTGTCGCCGTCGGTCCCTTCAAAAAATCAACAATTGTGGGAG-----
SEQ2003	GTGTCGCCGTCGGTCCCTTCAAAAAATCAACGATTGTGGGAGAGGT-----
SEQ2004	GTGTCGCCGTCGGT-----
SEQ2005	-----
SEQ2006	-----
SEQ2007	GTGTCGCCGTCGGCCCCCTTCAAAAAATCAACG-----
SEQ2008	-----
SEQ2009	GTGTCGCCGTCGGT-----
SEQ2010	GTGTCGCCGTCGGTCCCTTCAAAAAATCAACGTABCMARATVSTNCSRATNGTSAGSGN
SEQ2001	----
SEQ2002	----
SEQ2003	----
SEQ2004	----
SEQ2005	----
SEQ2006	----
SEQ2007	----
SEQ2008	----
SEQ2009	----
SEQ2010	TDAS

**Table 21: Comparative Sequences relating to SAG0079 (adenylate kinase)****SEQ ID NO. 2101: SAG0079 FROM THE 2603V/R GBS TYPE V STRAIN**

AATCTTTTAAATTATGGGTTTGCCTGGTCTGGTAAAGGTACTCAAGCAGCTAAGATCGTTGAAGAATTGGTGTGCTCACATCTCA  
 ACAGGGGATATGTTCCGCGCCGCAATGGCTAATCAAACCGAAATGGGACGTTTAGCTAAAAGTTATATTGATAAAGGTGAATTGGTT  
 CCTGATGAAGTAACAAACGGGATTGTAAAAGAGCGCTTAGCTGAGGATGATATCGCAGAAAAGGTTTTTACTTTGATGGATATCCA  
 CGTACTATTGAACAAGCACACGCCCTTAGATGCTACGCTTGAAGAACTAGGACTACGCTTAGATGGTGTATTAAATATTAAAGTGGAT  
 CCATCATGTCTTATAGAGCGTTTGAAGTGGTGTATTATCAATCGTAAAACCTGGTGAACCTTCCACAAAGTGTTCACCCACCAGTA  
 GATTATAAAGAAGAAGATTACTATCAACGTGAAGATGATAAGCCTGAAACTGTCAAACGTCGCTTGGACGTTAATATTGCTCAAGGA  
 GAACCTATTCTTGAACACTATCGTAAGCTTGGTCTTGTTCAGATATTGAAGGTAATCAAGAAATAACAGAAGTTTTTGCAGATGTT  
 GAAAAAGCGTTG

**SEQ ID NO. 2102: SAG0079 FROM THE 090 GBS TYPE Ia STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)**

AATCTTTTAAATTATGGGTTTGCCTGGTCTGGTAAAGGTACTCAAGCAGCTAAGATCGTTGAAGAATTGGTGTGCTCACATCTCA  
 ACAGGGGATATGTTCCGCGCCGCAATGGCTAATCAAACCGAAATGGGACGTTTAGCTAAAAGTTATATTGATAAAGGTGAATTGGTT  
 CCTGATGAAGTAACAAACGGGATTGTAAAAGAGCGCTTAGCTGAGGATGATATCGCAGAAAAGGTTTTTACTTTGATGGATATCCA  
 CGTACTATTGAACAAGCACACGCCCTTAGATGCTACGCTTGAAGAACTAGGACTACGCTTAGATGGTGTATTAAATATTAAAGTGGAT  
 CCATCATGTCTTATAGAGCGTTTGAAGTGGTGTATTATCAATCGTAAAACCTGGTGAACCTTCCACAAAGTGTTCACCCACCAGTA  
 GATTATAAAGAAGAAGATTACTATCAACGTGAAGATGATAAGCCTGAAACTGTCAAACGTCGCTTGGACGTTAATATTGCTCAAGGA  
 GAACCTATTCTTGAACACTATCGTAAGCTTGGTCTTGTTCAGATATTGAAGGTAATCAAGAAATAACAGAAGTTTTTGCAGATGTT  
 GAAAAAGCGTTGCTAGAACTCAA

**SEQ ID NO. 2103: SAG0079 FROM THE 1169NT1 GBS TYPE V STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)**

TGGTAAAGGGACTCAAGCAGCTAAGATGTTGAAGAATTGGTGTGCGCACATCTCAACAGGGGATATGTTCCGCGCCGCAATGGC  
 TAATCAAACCGAAATGGGACGTTTAGCTAAAAGTTATATTGATAAAGGTGAATTGGTTCTGATCAAGTAACAAACGGGATTGTAAA  
 AGAGCGCTTAGCTGAGGATGATATCGCAGAAAAGGTTTTTACTTTGATGGTATCCACGTAATGAAACAAGCACACGCCCTTAGA  
 TGCTACGCTTGAAGAACTAGGACTACGCTTAGATGGTGTATTAAATATTAAAGTGGATCCATCATGTCTTATAGAGCGTTTGAAGTGG  
 TCGTATTATCAATCGTAAAACCTGGTGAACCTTCCACAAAGTGTTCACCCACCAGTAGATTATAAAGAAGAAGATTACTATCAACG  
 TGAAGATGATAAGCCTGAAACTGTCAAACGTCGCTTGGACGTTTATATTGCTCAAGGAGAACCTATTCTTGAACACTATAGTAAGCT  
 TGGCCTTGTTCAGATATTGAAGGTAATCAAGAAATAA

**SEQ ID NO. 2104: SAG0079 FROM THE 18RS21 GBS TYPE II STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)**

AATCTTTTAAACCAGGGTTCCGCTGGTCTGGTAAAGGTACTCAAGCAGCTAAGATCGTTGAAGAATTGGTGTGCTCACATCTCA  
 ACAGGGGATATGTTCCGCGCCGCAATGGCTAATCAAACCGAAATGGGACGTTTAGCTAAAAGTTATATTGATAAAGGTGAATTGGTT  
 CCTGATGAAGTAACAAACGGGATTGTAAAAGAGCGCTTAGCTGAGGATGATATCGCAGAAAAGGTTTTTACTTTGATGGATATCCA  
 CGTACTATTGAACAAGCACACGCCCTTAGATGCTACGCTTGAAGAACTAGGACTACGCTTAGATGGTGTATTAAATATTAAAGTGGAT  
 CCATCATGTCTTATAGAGCGTTTGAAGTGGTGTATTATCAATCGTAAAACCTGGTGAACCTTCCACAAAGTGTTCACCCACCAGTA  
 GATTATAAAGAAGAAGATTACTATCAACGTGAAGATGATAAGCCTGAAACTGTCAAACGTCGCTTGGACGTTAATATTGCTCAAGGA  
 GAACCTATTCTTGAACACTATCGTAAGCTTGGTCTTGTTCAGATATTGAAGGTAATCAAGAAATAACAGAAGTTTTTGCAGATGTT  
 GAAAAAGCGTTGCTAGAA

**SEQ ID NO. 2105: SAG0079 FROM THE 2603V/R GBS TYPE V STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)**

AATCTTTTAAATTATGGGTTTGCCTGGTCTGGTAAAGGTACTCAAGCAGCTAAGATCGTTGAAGAATTGGTGTGCTCACATCTCA  
 ACAGGGGATATGTTCCGCGCCGCAATGGCTAATCAAACCGAAATGGGACGTTTAGCTAAAAGTTATATTGATAAAGGTGAATTGGTT  
 CCTGATGAAGTAACAAACGGGATTGTAAAAGAGCGCTTAGCTGAGGATGATATCGCAGAAAAGGTTTTTACTTTGATGGATATCCA  
 CGTACTATTGAACAAGCACACGCCCTTAGATGCTACGCTTGAAGAACTAGGACTACGCTTAGATGGTGTATTAAATATTAAAGTGGAT  
 CCATCATGTCTTATAGAGCGTTTGAAGTGGTGTATTATCAATCGTAAAACCTGGTGAACCTTCCACAAAGTGTTCACCCACCAGTA  
 GATTATAAAGAAGAAGATTACTATCAACGTGAAGATGATAAGCCTGAAACTGTCAAACGTCGCTTGGACGTTAATATTGCTCAAGGA  
 GAACCTATTCTTGAACACTATCGTAAGCTTGGTCTTGTTCAGATATTGAAGGTAATCAAGAAATAACAGAAGTTTTTGCAGATGTT  
 GAAAAAGCGTTG

**SEQ ID NO. 2106: SAG0079 FROM THE A909 GBS TYPE Ia STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)**

AATCTTTTAAATTATGGGTTTGCCTGGTCTGGTAAAGGTACTCAAGCAGCTAAGATCGTTGAAGAATTGGTGTGCTCACATCTCA  
 ACAGGGGATATGTTCCGCGCCGCAATGGCTAATCAAACCGAAATGGGACGTTTAGCTAAAAGTTATATTGATAAAGGTGAATTGGTT  
 CCTGATGAAGTAACAAACGGGATTGTAAAAGAGCGCTTAGCTGAGGATGATATCGCAGAAAAGGTTTTTACTTTGATGGATATCCA  
 CGTACTATTGAACAAGCACACGCCCTTAGATGCTACGCTTGAAGAACTAGGACTACGCTTAGATGGTGTATTAAATATTAAAGTGGAT  
 CCATCATGTCTTATAGAGCGTTTGAAGTGGTGTATTATCAATCGTAAAACCTGGTGAACCTTCCACAAAGTGTTCACCCACCAGTA  
 GATTATAAAGAAGAAGATTACTATCAACGTGAAGATGATAAGCCTGAAACTGTCAAACGTCGCTTGGACGTTAATATTGCTCAAGGA  
 GAATCTATTCTTGAACACTATCGTAAGCTTGGTCTTGTTCAGATATTGAAGGTAATCAAGAAATAACAGAAGTTTTTGCAGATGTT  
 GAAAAAGCGTTG

**SEQ ID NO. 2107: SAG0079 FROM THE CJB110 GBS NONTYPEABLE STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)**

AATCTTTTAAACCAGGGTTTGCCTGGTCTGGTAAAGGTACTCAAGCAGCTAAGATCGTTGAAGAATTGGTGTGCTCACATCTCA  
 ACAGGGGATATGTTCCGCGCCGCAATGGCTAATCAAACCGAAATGGGACGTTTAGCTAAAAGTTATATTGATAAAGGTGAATTGGTT  
 CCTGATGAAGTAACAAACGGGATTGTAAAAGAGCGCTTAGCTGAGGATGATATCGCAGAAAAGGTTTTTACTTTGATGGATATCCA  
 CGTACTATTGAACAAGCACACGCCCTTAGATGCTACGCTTGAAGAACTAGGACTACGCTTAGATGGTGTATTAAATATTAAAGTGGAT  
 CCATCATGTCTTATAGAGCGTTTGAAGTGGTGTATTATCAATCGTAAAACCTGGTGAACCTTCCACAAAGTGTTCACCCACCAGTA  
 GATTATAAAGAAGAAGATTACTATCAACGTGAAGATGATAAGCCTGAAACTGTCAAACGTCGCTTGGACGTTAATATTGCTCAAGGA  
 GAACCTATTCTTGAACACTATCGTAAGCTTGGTCTTGTTCAGATATTGAAGGTAAT

Table 21: Comparative Sequences relating to SAG0079 (adenylate kinase)

SEQ ID NO. 2108: SAG0079 FROM THE COH1 GBS TYPE III STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)  
 ATCTTTTAATTATGGGTTTGCCCTGGTGTCTGGTAAAGGTACTCAAGCAGCTAAGATTGTTGAAGAATTTGGTGTGCTCACATCTCAA  
 CAGGGGATATGTTCCGCGCCGCAATGGCTAATCAAACCCAAATGGGACGTTTAGCTAAAAGTTATATTGATAAAGGTGAATTGGTTC  
 CTGATGAAGTAACAAACGGGATTGTAAAGAGCGCTTAGCTGAGGATGATATCGCAGAAAAGGTTTTTACTTGTATGGATATCCAC  
 GTACTATTGAACAGCACACGCCTTAGATGCTACGCTTGAAGAACTAGGACTACGCTTAGATGGTGTATTAATATTAAAGTGGATC  
 CAACATGCCTTATAGAGCGTTTGAGTGGCCGTATTATCAATCGTAAAACTGGTGAAACTTTCCACAAAGTGTTCACCCACCAGTAG  
 ATTATAAGAAGAAGATTACTATCAACGTGAAGATGATAAGCCTGAAACTGTCAAACGTCGCTTGGACGTTAATATTGCTCAAGGAG  
 AACCTATTCTTGAACACTATCGTAAGCTTGGTCTTGTTACAGATATTGAAGGTAATCAAGAAATAACAGAAGTTTTTGCAGATGTTG  
 AAAAAGCGTTGCTAG

SEQ ID NO. 2109: SAG0079 FROM THE H36b GBS TRYP 1b STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)  
 CAGGGGATATGTTCCGCGCCGCAATGGCTAATCAAACCCAAATGGGACGTTTAGCTAAAAGTTATATTGATAAAGGTGAATTGGTTC  
 CTGATGAAGTAACAAACGGGATTGTAAAGAGCGCTTAGCTGAGGATGATATCGCAGAAAAGGTTTTTACTTGTATGGATATCCAC  
 GTACTATTGAACAGCACACGCCTTAGATGCTACGCTTGAAGAACTAGGACTACGCTTAGATGGTGTATTAATATTAAAGTGGATC  
 CATCATGCTTATAGAGCGTTTGAGTGGTGTGCTATTATCAATCGTAAAACTGGTGAAACTTTCCACAAAGTGTTCACCCACCAGTAG  
 ATTATAAGAAGAAGATTACTATCAACGTGAAGATGATAAGCCTGAAACTGTCAAACGTCGCTTGGACGTTAATATTGCTCAAGGAG  
 AATCTATTCTTGAACACTATCGTAAGCTTGGTCTTGTTACAGATATTGAAGGTAATCAAGAAATAACAGAAGTTTTTGCAGATGTTG  
 AAAAAGCGTTGCT

SEQ ID NO. 2110: SAG0079 FROM THE JM9130013 GBS TYPE VIII STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)  
 AATCTTTTAATTATGGGTTTGCCCTGGTGTCTGGTAAAGGTACTCAAGCAGCTAAGATCGTTGAAGAATTTGGTGTGCTCACATCTCA  
 ACAGGGGATATGTTCCGCGCCGCAATGGCTAATCAAACCCAAATGGGACGTTTAGCTAAAAGTTATATTGATAAAGGTGAATTGGTTC  
 CCTGATGAAGTAACAAACGGGATTGTAAAGAGCGCTTAGCTGAGGATGATATCGCAGAAAAGGTTTTTACTTGTATGGATATCCAC  
 CGTACTATTGAACAGCACACGCCTTAGATGCTACGCTTGAAGAACTAGGACTACGCTTAGATGGTGTATTAATATTAAAGTGGAT  
 CCATCATGCTTATAGAGCGTTTGAGTGGTGTGCTATTATCAATCGTAAAACTGGTGAAACTTTCCACAAAGTGTTCACCCACCAGTA  
 GATTATAAGAAGAAGATTACTATCAACGTGAAGATGATAAGCCTGAAACTGTCAAACGTCGCTTGGACGTTAATATTGCTCAAGGA  
 GAACCTATTCTTGAACACTATAAAAGCTTGGTCTTGTTACAGATATTGAAGGTAATCA

SEQ ID NO. 2111: SAG0079 FROM THE M732 GBS TYPE III STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)  
 CTTTTTAATTATGGGTTTGCCCTGGTGTCTGGTAAAGGTACTCAAGCAGCTAAGATTGTTGAAGAATTTGGTGTGCTCACATCTCAACA  
 GGGGATATGTTCCGCGCCGCAATGGCTAATCAAACCCAAATGGGACGTTTAGCTAAAAGTTATATTGATAAAGGTGAATTGGTTCCT  
 GATGAAGTAACAAACGGGATTGTAAAGAGCGCTTAGCTGAGGATGATATCGCAGAAAAGGTTTTTACTTGTATGGATATCCACGT  
 ACTATTGAGCAAGCACACGCCTTAGATGCTACGCTTGAAGAACTAGGACTACGCTTAGATGGTGTATTAATATTAAAGTGGATCCA  
 ACATGCCTTATAGAGCGTTTGAGTGGCCGTATTATCAATCGTAAAACTGGTGAAACTTTCCACAAAGTGTTCACCCACCAGTAGAT  
 TATAAAGAAGAAGATTACTATCAACGTGAAGATGATAAGCCTGAAACTGTCAAACGTCGCTTGGACGTTAATATTGCTCAAGGAGAA  
 CCTATTCTTGAACACTATCGTAAGCTTGGTCTTGTTACAGATATTGAAGGTAATCAAGAAATAACAGAAGTTTTTGCAGATGTTGAA  
 AAAGCGTTGCTAGAACTCAA

SEQ ID NO. 2112: SAG0079 FROM THE M781 GBS TYPE III STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)  
 AATCTTTTAATTACGGGTTTGCCCTGGTGTCTGGTAAAGGTACTCAAGCAGCTAAGATTGTTGAAGAATTTGGTGTGCTCACATCTCA  
 ACAGGGGATATGTTCCGCGCCGCAATGGCTAATCAAACCCAAATGGGACGTTTAGCTAAAAGTTATATTGATAAAGGTGAATTGGTTC  
 CCTGATGAAGTAACAAACGGGATTGTAAAGAGCGCTTAGCTGAGGATGATATCGCAGAAAAGGTTTTTACTTGTATGGATATCCAC  
 CGTACTATTGAGCAAGCACACGCCTTAGATGCTACGCTTGAAGAACTAGGACTACGCTTAGATGGTGTATTAATATTAAAGTGGAT  
 CCAACATGCCTTATAGAGCGTTTGAGTGGCCGTATTATCAATCGTAAAACTGGTGAAACTTTCCACAAAGTGTTCACCCACCAGTA  
 GATTATAAGAAGAAGATTACTATCAACGTGAAGATGATAAGCCTGAAACTGTCAAACGTCGCTTGGACGTTAATATTGCTCAA

SEQ2101	ATCTTTTAATTATGGGTTTGCCCTGGTGTCTGGTAAAGGTACTCAAGCAGCTAAGATCGTT
SEQ2102	ATCTTTTAATTATGGGTTTGCCCTGGTGTCTGGTAAAGGTACTCAAGCAGCTAAGATCGTT
SEQ2103	-----TGGTAAAGGGACTCAAGCAGCTAAGATTGTT
SEQ2104	ATCTTTTAACCAACGGGTTTCGCTGGTGTCTGGTAAAGGTACTCAAGCAGCTAAGATCGTT
SEQ2105	ATCTTTTAATTATGGGTTTGCCCTGGTGTCTGGTAAAGGTACTCAAGCAGCTAAGATCGTT
SEQ2106	ATCTTTTAATTATGGGTTTGCCCTGGTGTCTGGTAAAGGTACTCAAGCAGCTAAGATCGTT
SEQ2107	ATCTTTTAACCAACGGGTTTGCTTGGTGTCTGGTAAAGGTACTCAAGCAGCTAAGATCGTT
SEQ2108	ATCTTTTAATTATGGGTTTGCCCTGGTGTCTGGTAAAGGTACTCAAGCAGCTAAGATTGTT
SEQ2109	-----
SEQ2110	ATCTTTTAATTATGGGTTTGCCCTGGTGTCTGGTAAAGGTACTCAAGCAGCTAAGATCGTT
SEQ2111	--CTTTTAATTATGGGTTTGCCCTGGTGTCTGGTAAAGGTACTCAAGCAGCTAAGATTGTT
SEQ2112	ATCTTTTAATTACGGGTTTGCCCTGGTGTCTGGTAAAGGTACTCAAGCAGCTAAGATTGTT
SEQ2101	AAGAATTTGGTGTGCTCACATCTCAACAGGGGATATGTTCCGCGCCGCAATGGCTAAT
SEQ2102	AAGAATTTGGTGTGCTCACATCTCAACAGGGGATATGTTCCGCGCCGCAATGGCTAAT
SEQ2103	AAGAATTTGGTGTGCTCACATCTCAACAGGGGATATGTTCCGCGCCGCAATGGCTAAT
SEQ2104	AAGAATTTGGTGTGCTCACATCTCAACAGGGGATATGTTCCGCGCCGCAATGGCTAAT
SEQ2105	AAGAATTTGGTGTGCTCACATCTCAACAGGGGATATGTTCCGCGCCGCAATGGCTAAT
SEQ2106	AAGAATTTGGTGTGCTCACATCTCAACAGGGGATATGTTCCGCGCCGCAATGGCTAAT
SEQ2107	AAGAATTTGGTGTGCTCACATCTCAACAGGGGATATGTTCCGCGCCGCAATGGCTAAT
SEQ2108	AAGAATTTGGTGTGCTCACATCTCAACAGGGGATATGTTCCGCGCCGCAATGGCTAAT

Table 21: Comparative Sequences relating to SAG0079 (adenylate kinase)

SEQ2109	-----CAGGGGATATGTTCCGCGCCGCAATGGCTAAT
SEQ2110	AAGAATTTGGTGTGCTCACATCTCAACAGGGGATATGTTCCGCGCCGCAATGGCTAAT
SEQ2111	AAGAATTTGGTGTGCTCACATCTCAACAGGGGATATGTTCCGCGCCGCAATGGCTAAT
SEQ2112	AAGAATTTGGTGTGCTCACATCTCAACAGGGGATATGTTCCGCGCCGCAATGGCTAAT
SEQ2101	CAAACCGAAATGGGACGTTTAGCTAAAAGTTATATTGATAAAGGTGAATTGGTTCCTGAT
SEQ2102	CAAACCGAAATGGGACGTTTAGCTAAAAGTTATATTGATAAAGGTGAATTGGTTCCTGAT
SEQ2103	CAAACCGAAATGGGACGTTTAGCTAAAAGTTATATTGATAAAGGTGAATTGGTTCCTGAT
SEQ2104	CAAACCGAAATGGGACGTTTAGCTAAAAGTTATATTGATAAAGGTGAATTGGTTCCTGAT
SEQ2105	CAAACCGAAATGGGACGTTTAGCTAAAAGTTATATTGATAAAGGTGAATTGGTTCCTGAT
SEQ2106	CAAACCGAAATGGGACGTTTAGCTAAAAGTTATATTGATAAAGGTGAATTGGTTCCTGAT
SEQ2107	CAAACCGAAATGGGACGTTTAGCTAAAAGTTATATTGATAAAGGTGAATTGGTTCCTGAT
SEQ2108	CAAACCGAAATGGGACGTTTAGCTAAAAGTTATATTGATAAAGGTGAATTGGTTCCTGAT
SEQ2109	CAAACCGAAATGGGACGTTTAGCTAAAAGTTATATTGATAAAGGTGAATTGGTTCCTGAT
SEQ2110	CAAACCGAAATGGGACGTTTAGCTAAAAGTTATATTGATAAAGGTGAATTGGTTCCTGAT
SEQ2111	CAAACCGAAATGGGACGTTTAGCTAAAAGTTATATTGATAAAGGTGAATTGGTTCCTGAT
SEQ2112	CAAACCGAAATGGGACGTTTAGCTAAAAGTTATATTGATAAAGGTGAATTGGTTCCTGAT
SEQ2101	AAGTAACAAACGGGATTGTAAAAGAGCGCTTAGCTGAGGATGATATCGCAGAAAAAGGT
SEQ2102	AAGTAACAAACGGGATTGTAAAAGAGCGCTTAGCTGAGGATGATATCGCAGAAAAAGGT
SEQ2103	AAGTAACAAACGGGATTGTAAAAGAGCGCTTAGCTGAGGATGATATCGCAGAAAAAGGT
SEQ2104	AAGTAACAAACGGGATTGTAAAAGAGCGCTTAGCTGAGGATGATATCGCAGAAAAAGGT
SEQ2105	AAGTAACAAACGGGATTGTAAAAGAGCGCTTAGCTGAGGATGATATCGCAGAAAAAGGT
SEQ2106	AAGTAACAAACGGGATTGTAAAAGAGCGCTTAGCTGAGGATGATATCGCAGAAAAAGGT
SEQ2107	AAGTAACAAACGGGATTGTAAAAGAGCGCTTAGCTGAGGATGATATCGCAGAAAAAGGT
SEQ2108	AAGTAACAAACGGGATTGTAAAAGAGCGCTTAGCTGAGGATGATATCGCAGAAAAAGGT
SEQ2109	AAGTAACAAACGGGATTGTAAAAGAGCGCTTAGCTGAGGATGATATCGCAGAAAAAGGT
SEQ2110	AAGTAACAAACGGGATTGTAAAAGAGCGCTTAGCTGAGGATGATATCGCAGAAAAAGGT
SEQ2111	AAGTAACAAACGGGATTGTAAAAGAGCGCTTAGCTGAGGATGATATCGCAGAAAAAGGT
SEQ2112	AAGTAACAAACGGGATTGTAAAAGAGCGCTTAGCTGAGGATGATATCGCAGAAAAAGGT
SEQ2101	TTTTTACTTGATGGATATCCACGTACTATTGAACAAGCACACGCCTTAGATGCTACGCTT
SEQ2102	TTTTTACTTGATGGATATCCACGTACTATTGAACAAGCACACGCCTTAGATGCTACGCTT
SEQ2103	TTTTTACTTGATGGATATCCACGTACTATTGAACAAGCACACGCCTTAGATGCTACGCTT
SEQ2104	TTTTTACTTGATGGATATCCACGTACTATTGAACAAGCACACGCCTTAGATGCTACGCTT
SEQ2105	TTTTTACTTGATGGATATCCACGTACTATTGAACAAGCACACGCCTTAGATGCTACGCTT
SEQ2106	TTTTTACTTGATGGATATCCACGTACTATTGAACAAGCACACGCCTTAGATGCTACGCTT
SEQ2107	TTTTTACTTGATGGATATCCACGTACTATTGAACAAGCACACGCCTTAGATGCTACGCTT
SEQ2108	TTTTTACTTGATGGATATCCACGTACTATTGAACAAGCACACGCCTTAGATGCTACGCTT
SEQ2109	TTTTTACTTGATGGATATCCACGTACTATTGAACAAGCACACGCCTTAGATGCTACGCTT
SEQ2110	TTTTTACTTGATGGATATCCACGTACTATTGAACAAGCACACGCCTTAGATGCTACGCTT
SEQ2111	TTTTTACTTGATGGATATCCACGTACTATTGAACAAGCACACGCCTTAGATGCTACGCTT
SEQ2112	TTTTTACTTGATGGATATCCACGTACTATTGAACAAGCACACGCCTTAGATGCTACGCTT
SEQ2101	GAAGAACTAGGACTACGCTTAGATGGTGTATTAAATATTAAAGTGGATCCATCATGTCTT
SEQ2102	GAAGAACTAGGACTACGCTTAGATGGTGTATTAAATATTAAAGTGGATCCATCATGTCTT
SEQ2103	GAAGAACTAGGACTACGCTTAGATGGTGTATTAAATATTAAAGTGGATCCATCATGTCTT
SEQ2104	GAAGAACTAGGACTACGCTTAGATGGTGTATTAAATATTAAAGTGGATCCATCATGTCTT
SEQ2105	GAAGAACTAGGACTACGCTTAGATGGTGTATTAAATATTAAAGTGGATCCATCATGTCTT
SEQ2106	GAAGAACTAGGACTACGCTTAGATGGTGTATTAAATATTAAAGTGGATCCATCATGTCTT
SEQ2107	GAAGAACTAGGACTACGCTTAGATGGTGTATTAAATATTAAAGTGGATCCATCATGTCTT
SEQ2108	GAAGAACTAGGACTACGCTTAGATGGTGTATTAAATATTAAAGTGGATCCATCATGTCTT
SEQ2109	GAAGAACTAGGACTACGCTTAGATGGTGTATTAAATATTAAAGTGGATCCATCATGTCTT
SEQ2110	GAAGAACTAGGACTACGCTTAGATGGTGTATTAAATATTAAAGTGGATCCATCATGTCTT
SEQ2111	GAAGAACTAGGACTACGCTTAGATGGTGTATTAAATATTAAAGTGGATCCATCATGTCTT
SEQ2112	GAAGAACTAGGACTACGCTTAGATGGTGTATTAAATATTAAAGTGGATCCATCATGTCTT
SEQ2101	ATAGAGCGTTTGAGTGGTTCGTATTATCAATCGTAAAACTGGTGAAACTTTCCACAAAGTG
SEQ2102	ATAGAGCGTTTGAGTGGTTCGTATTATCAATCGTAAAACTGGTGAAACTTTCCACAAAGTG
SEQ2103	ATAGAGCGTTTGAGTGGTTCGTATTATCAATCGTAAAACTGGTGAAACTTTCCACAAAGTG
SEQ2104	ATAGAGCGTTTGAGTGGTTCGTATTATCAATCGTAAAACTGGTGAAACTTTCCACAAAGTG
SEQ2105	ATAGAGCGTTTGAGTGGTTCGTATTATCAATCGTAAAACTGGTGAAACTTTCCACAAAGTG
SEQ2106	ATAGAGCGTTTGAGTGGTTCGTATTATCAATCGTAAAACTGGTGAAACTTTCCACAAAGTG
SEQ2107	ATAGAGCGTTTGAGTGGTTCGTATTATCAATCGTAAAACTGGTGAAACTTTCCACAAAGTG
SEQ2108	ATAGAGCGTTTGAGTGGTTCGTATTATCAATCGTAAAACTGGTGAAACTTTCCACAAAGTG
SEQ2109	ATAGAGCGTTTGAGTGGTTCGTATTATCAATCGTAAAACTGGTGAAACTTTCCACAAAGTG
SEQ2110	ATAGAGCGTTTGAGTGGTTCGTATTATCAATCGTAAAACTGGTGAAACTTTCCACAAAGTG
SEQ2111	ATAGAGCGTTTGAGTGGTTCGTATTATCAATCGTAAAACTGGTGAAACTTTCCACAAAGTG
SEQ2112	ATAGAGCGTTTGAGTGGTTCGTATTATCAATCGTAAAACTGGTGAAACTTTCCACAAAGTG

Table 21: Comparative Sequences relating to SAG0079 (adenylate kinase)

SEQ2101	TTCAACCCACCAGTAGATTATAAAGAAGAAGATTACTATCAACGTGAAGATGATAAGCCT
SEQ2102	TTCAACCCACCAGTAGATTATAAAGAAGAAGATTACTATCAACGTGAAGATGATAAGCCT
SEQ2103	TTCAACCCACCAGTAGATTATAAAGAAGAAGATTACTATCAACGTGAAGATGATAAGCCT
SEQ2104	TTCAACCCACCAGTAGATTATAAAGAAGAAGATTACTATCAACGTGAAGATGATAAGCCT
SEQ2105	TTCAACCCACCAGTAGATTATAAAGAAGAAGATTACTATCAACGTGAAGATGATAAGCCT
SEQ2106	TTCAACCCACCAGTAGATTATAAAGAAGAAGATTACTATCAACGTGAAGATGATAAGCCT
SEQ2107	TTCAACCCACCAGTAGATTATAAAGAAGAAGATTACTATCAACGTGAAGATGATAAGCCT
SEQ2108	TTCAACCCACCAGTAGATTATAAAGAAGAAGATTACTATCAACGTGAAGATGATAAGCCT
SEQ2109	TTCAACCCACCAGTAGATTATAAAGAAGAAGATTACTATCAACGTGAAGATGATAAGCCT
SEQ2110	TTCAACCCACCAGTAGATTATAAAGAAGAAGATTACTATCAACGTGAAGATGATAAGCCT
SEQ2111	TTCAACCCACCAGTAGATTATAAAGAAGAAGATTACTATCAACGTGAAGATGATAAGCCT
SEQ2112	TTCAACCCACCAGTAGATTATAAAGAAGAAGATTACTATCAACGTGAAGATGATAAGCCT
SEQ2101	GAAACTGTCAAACGTCGCTTGGACGTTAATATTGCTCAAGGAGAACCTATTCTTGAACAC
SEQ2102	GAAACTGTCAAACGTCGCTTGGACGTTAATATTGCTCAAGGAGAACCTATTCTTGAACAC
SEQ2103	GAAACTGTCAAACGTCGCTTGGACGTTAATATTGCTCAAGGAGAACCTATTCTTGAACAC
SEQ2104	GAAACTGTCAAACGTCGCTTGGACGTTAATATTGCTCAAGGAGAACCTATTCTTGAACAC
SEQ2105	GAAACTGTCAAACGTCGCTTGGACGTTAATATTGCTCAAGGAGAACCTATTCTTGAACAC
SEQ2106	GAAACTGTCAAACGTCGCTTGGACGTTAATATTGCTCAAGGAGAACCTATTCTTGAACAC
SEQ2107	GAAACTGTCAAACGTCGCTTGGACGTTAATATTGCTCAAGGAGAACCTATTCTTGAACAC
SEQ2108	GAAACTGTCAAACGTCGCTTGGACGTTAATATTGCTCAAGGAGAACCTATTCTTGAACAC
SEQ2109	GAAACTGTCAAACGTCGCTTGGACGTTAATATTGCTCAAGGAGAACCTATTCTTGAACAC
SEQ2110	GAAACTGTCAAACGTCGCTTGGACGTTAATATTGCTCAAGGAGAACCTATTCTTGAACAC
SEQ2111	GAAACTGTCAAACGTCGCTTGGACGTTAATATTGCTCAAGGAGAACCTATTCTTGAACAC
SEQ2112	GAAACTGTCAAACGTCGCTTGGACGTTAATATTGCTCAATABCMARATVSTNCSR---AT
SEQ2101	ATCGTAAGCTTGGTCTTGTACAGATATTGAAGGTAATCAAGAAATAACAGAAGTTTTT
SEQ2102	ATCGTAAGCTTGGTCTTGTACAGATATTGAAGGTAATCAAGAAATAACAGAAGTTTTT
SEQ2103	ATAGTAAGCTTGGCCTTGTACAGATATTGAAGGTAATCAAGAAATAA-----
SEQ2104	ATCGTAAGCTTGGTCTTGTACAGATATTGAAGGTAATCAAGAAATAACAGAAGTTTTT
SEQ2105	ATCGTAAGCTTGGTCTTGTACAGATATTGAAGGTAATCAAGAAATAACAGAAGTTTTT
SEQ2106	ATCGAAAGCTTGGTCTTGTACAGATATTGAAGGTAA-----
SEQ2107	ATAG-----
SEQ2108	ATCGTAAGCTTGGTCTTGTACAGATATTGAAGGTAATCAAGAAATAACAGAAGTTTTT
SEQ2109	ATCGTAAGCTTGGTCTTGTACAGATATTGAAGGTAATCAAGAAATAACAGAAGTTTTT
SEQ2110	ATAAAAAGCTTGGTCTTGTACAGATATTGAAGGTAATCA-----
SEQ2111	ATCGTAAGCTTGGTCTTGTACAGATATTGAAGGTAATCAAGAAATAACAGAAGTTTTT
SEQ2112	GTSAGADNYATKNAS-----
SEQ2101	CAGATGTTGAAAAAGCGTTG-----
SEQ2102	CAGATGTTGAAAAAGCGTTGCTAGAACTCAA
SEQ2103	-----
SEQ2104	CAGATGTTGAAAAAGCGTTGCTAGAA-----
SEQ2105	CAGATGTTGAAAAAGCGTTG-----
SEQ2106	-----
SEQ2107	-----
SEQ2108	CAGATGTTGAAAAAGCGTTGCTAG-----
SEQ2109	CAGATGTTGAAAAAGCGTTGCT-----
SEQ2110	-----
SEQ2111	CAGATGTTGAAAAAGCGTTGCTAGAACTCAA
SEQ2112	-----



Table 21: Comparative Sequences relating to SAG0079 (adenylate kinase)

>SEQ ID NO 2150:090 frame: 1  
 NLLIMGLPGAGKGTQAAKIVEEFGVAHISTGDMFRAAMANQTEMGR LAKSYIDKGELVPD  
 EVTNGIVKERLAEDDIAEKGFLLDGYPR TIEQAHALDATLEELGLRLDGVINIKVDPSCL  
 IERLSGRIINRKTGETFHKVFNPVDYKEEDYYQREDDKPETVKRRLDVNIAQGEP ILEH  
 YRKLGLVTDIEGNQEITEVFADVEKALLEK

>SEQ ID NO 2151:114\_1169NT frame: 2  
 GKGTOAAKIVEEFGVAHISTGDMFRAAMANQTEMGR LAKSYIDKGELVPDQVTNGIVKER  
 LAEDDIAEKGFLLDGYPR TIEQAHALDATLEELGLRLDGVINIKVDPSCLIERLSGRIIN  
 RKTGETFHKVFNPVDYKEEDYYQREDDKPETVKRRLDVHIAQGEPILEHYSKLG LVTDI  
 EGNQEI

>SEQ ID NO 2152: 114\_18RS21 frame: 1  
 NLLTTGSPGAGKGTQAAKIVEEFGVAHISTGDMFRAAMANQTEMGR LAKSYIDKGELVPD  
 EVTNGIVKERLAEDDIAEKGFLLDGYPR TIEQAHALDATLEELGLRLDGVINIKVDPSCL  
 IERLSGRIINRKTGETFHKVFNPVDYKEEDYYQREDDKPETVKRRLDVNIAQGEP ILEH  
 YRKLGLVTDIEGNQEITEVFADVEKALLE

>SEQ ID NO 2153: 114\_2603 frame: 1  
 NLLIMGLPGAGKGTQAAKIVEEFGVAHISTGDMFRAAMANQTEMGR LAKSYIDKGELVPD  
 EVTNGIVKERLAEDDIAEKGFLLDGYPR TIEQAHALDATLEELGLRLDGVINIKVDPSCL  
 IERLSGRIINRKTGETFHKVFNPVDYKEEDYYQREDDKPETVKRRLDVNIAQGEP ILEH  
 YRKLGLVTDIEGNQEITEVFADVEKAL

>SEQ ID NO 2154: 114\_A909 frame: 1  
 NLLIMGLPGAGKGTQAAKIVEEFGVAHISTGDMFRAAMANQTEMGR LAKSYIDKGELVPD  
 EVTNGIVKERLAEDDIAEKGFLLDGYPR TIEQAHALDATLEELGLRLDGVINIKVDPSCL  
 IERLSGRIINRKTGETFHKVFNPVDYKEEDYYQREDDKPETVKRRLDVNIAQGES ILEH  
 YRKLGLVTDIEG

>SEQ ID NO 2155:114\_A909 frame: 1  
 NLLIMGLPGAGKGTQAAKIVEEFGVAHISTGDMFRAAMANQTEMGR LAKSYIDKGELVPD  
 EVTNGIVKERLAEDDIAEKGFLLDGYPR TIEQAHALDATLEELGLRLDGVINIKVDPSCL  
 IERLSGRIINRKTGETFHKVFNPVDYKEEDYYQREDDKPETVKRRLDVNIAQGES ILEH  
 YRKLGLVTDIEG

>SEQ ID NO 2156: 114\_CJB110 frame: 1  
 NLLTTGLLGAGKGTQAAKIVEEFGVAHISTGDMFRAAMANQTEMGR LAKSYIDKGELVPD  
 EVTNGIVKERLAEDDIAEKGFLLDGYPR TIEQAHALDATLEELGLRLDGVINIKVDPSCL  
 IERLSGRIINRKTGETFHKVFNPVDYKEEDYYQREDDKPETVKRRLDVNIAQGEP ILEH  
 Y

>SEQ ID NO 2157: 114\_COH1 frame: 3  
 LLIMGLPGAGKGTQAAKIVEEFGVAHISTGDMFRAAMANQTOMGR LAKSYIDKGELVPDE  
 VTNGIVKERLAEDDIAEKGFLLDGYPR TIEQAHALDATLEELGLRLDGVINIKVDPTCLI  
 ERLSGRIINRKTGETFHKVFNPVDYKEEDYYQREDDKPETVKRRLDVNIAQGEPILEHY  
 RKLGLVTDIEGNQEITEVFADVEKALL

>SEQ ID NO 2158: 114\_H36B frame: 3  
 GDMFRAAMANQTEMGR LAKSYIDKGELVPDEV TNGIVKERLAEDDIAEKGFLLDGYPR TI  
 EQAHALDATLEELGLRLDGVINIKVDPSCLIERLSGRIINRKTGETFHKVFNPVDYKEE  
 DYYQREDDKPETVKRRLDVNIAQGESILEHYRKLGLVTDIEGNQEITEVFADVEKAL

>SEQ ID NO 2159: 114\_JM9130013 frame: 1  
 NLLIMGLPGAGKGTQAAKIVEEFGVAHISTGDMFRAAMANQTEMGR LAKSYIDKGELVPD  
 EVTNGIVKERLAEDDIAEKGFLLDGYPR TIEQAHALDATLEELGLRLDGVINIKVDPSCL  
 IERLSGRIINRKTGETFHKVFNPVDYKEEDYYQREDDKPETVKRRLDVNIAQGEPILEH  
 YKKG LVTDI EGN

>SEQ ID NO 2160:114\_M732 frame: 1  
 LLIMGLPGAGKGTQAAKIVEEFGVAHISTGDMFRAAMANQTOMGR LAKSYIDKGELVPDE  
 VTNGIVKERLAEDDIAEKGFLLDGYPR TIEQAHALDATLEELGLRLDGVINIKVDPTCLI  
 ERLSGRIINRKTGETFHKVFNPVDYKEEDYYQREDDKPETVKRRLDVNIAQGEPILEHY  
 RKLGLVTDIEGNQEITEVFADVEKALLEK

>SEQ ID NO 2161: 114\_M781 frame: 1  
 NLLITGLPGAGKGTQAAKIVEEFGVAHISTGDMFRAAMANQTOMGR LAKSYIDKGELVPD  
 EVTNGIVKERLAEDDIAEKGFLLDGYPR TIEQAHALDATLEELGLRLDGVINIKVDPTCL  
 IERLSGRIINRKTGETFHKVFNPVDYKEEDYYQREDDKPETVKRRLDVNIAQ

Table 21: Comparative Sequences relating to SAG0079 (adenylate kinase)

SEQ2150	LLIMGLPGAGKGTQAAKIVEEFGVAHISTGDMFRAAMANQTEMGRLAKSYIDKGELVPD
SEQ2151	-----GKGTOAAKIVEEFGVAHISTGDMFRAAMANQTEMGRLAKSYIDKGELVPD
SEQ2152	LLTTGSPGAGKGTQAAKIVEEFGVAHISTGDMFRAAMANQTEMGRLAKSYIDKGELVPD
SEQ2153	LLIMGLPGAGKGTQAAKIVEEFGVAHISTGDMFRAAMANQTEMGRLAKSYIDKGELVPD
SEQ2154	LLIMGLPGAGKGTQAAKIVEEFGVAHISTGDMFRAAMANQTEMGRLAKSYIDKGELVPD
SEQ2155	LLIMGLPGAGKGTQAAKIVEEFGVAHISTGDMFRAAMANQTEMGRLAKSYIDKGELVPD
SEQ2156	LLTTGLLGAGKGTQAAKIVEEFGVAHISTGDMFRAAMANQTEMGRLAKSYIDKGELVPD
SEQ2157	LLIMGLPGAGKGTQAAKIVEEFGVAHISTGDMFRAAMANQTEMGRLAKSYIDKGELVPD
SEQ2158	-----GDMFRAAMANQTEMGRLAKSYIDKGELVPD
SEQ2159	LLIMGLPGAGKGTQAAKIVEEFGVAHISTGDMFRAAMANQTEMGRLAKSYIDKGELVPD
SEQ2160	LLIMGLPGAGKGTQAAKIVEEFGVAHISTGDMFRAAMANQTEMGRLAKSYIDKGELVPD
SEQ2161	LLITGLPGAGKGTQAAKIVEEFGVAHISTGDMFRAAMANQTEMGRLAKSYIDKGELVPD
SEQ2150	EVINGIVKERLAEDDIAEKGFLLDGYPRITIEQAHALDATLEELGLRLDGVINIKVDPSCL
SEQ2151	QVTNGIVKERLAEDDIAEKGFLLDGYPRITIEQAHALDATLEELGLRLDGVINIKVDPSCL
SEQ2152	EVINGIVKERLAEDDIAEKGFLLDGYPRITIEQAHALDATLEELGLRLDGVINIKVDPSCL
SEQ2153	EVINGIVKERLAEDDIAEKGFLLDGYPRITIEQAHALDATLEELGLRLDGVINIKVDPSCL
SEQ2154	EVINGIVKERLAEDDIAEKGFLLDGYPRITIEQAHALDATLEELGLRLDGVINIKVDPSCL
SEQ2155	EVINGIVKERLAEDDIAEKGFLLDGYPRITIEQAHALDATLEELGLRLDGVINIKVDPSCL
SEQ2156	EVINGIVKERLAEDDIAEKGFLLDGYPRITIEQAHALDATLEELGLRLDGVINIKVDPSCL
SEQ2157	EVINGIVKERLAEDDIAEKGFLLDGYPRITIEQAHALDATLEELGLRLDGVINIKVDPTCL
SEQ2158	EVINGIVKERLAEDDIAEKGFLLDGYPRITIEQAHALDATLEELGLRLDGVINIKVDPSCL
SEQ2159	EVINGIVKERLAEDDIAEKGFLLDGYPRITIEQAHALDATLEELGLRLDGVINIKVDPSCL
SEQ2160	EVINGIVKERLAEDDIAEKGFLLDGYPRITIEQAHALDATLEELGLRLDGVINIKVDPTCL
SEQ2161	EVINGIVKERLAEDDIAEKGFLLDGYPRITIEQAHALDATLEELGLRLDGVINIKVDPTCL
SEQ2150	IERLSGRI INRKTGETFHKVFNPVDYKEEDYYQREDDKPETVKRRLDVNIAQGEPILEH
SEQ2151	IERLSGRI INRKTGETFHKVFNPVDYKEEDYYQREDDKPETVKRRLDVHIAQGEPILEH
SEQ2152	IERLSGRI INRKTGETFHKVFNPVDYKEEDYYQREDDKPETVKRRLDVNIAQGEPILEH
SEQ2153	IERLSGRI INRKTGETFHKVFNPVDYKEEDYYQREDDKPETVKRRLDVNIAQGEPILEH
SEQ2154	IERLSGRI INRKTGETFHKVFNPVDYKEEDYYQREDDKPETVKRRLDVNIAQGESILEH
SEQ2155	IERLSGRI INRKTGETFHKVFNPVDYKEEDYYQREDDKPETVKRRLDVNIAQGESILEH
SEQ2156	IERLSGRI INRKTGETFHKVFNPVDYKEEDYYQREDDKPETVKRRLDVNIAQGEPILEH
SEQ2157	IERLSGRI INRKTGETFHKVFNPVDYKEEDYYQREDDKPETVKRRLDVNIAQGEPILEH
SEQ2158	IERLSGRI INRKTGETFHKVFNPVDYKEEDYYQREDDKPETVKRRLDVNIAQGESILEH
SEQ2159	IERLSGRI INRKTGETFHKVFNPVDYKEEDYYQREDDKPETVKRRLDVNIAQGEPILEH
SEQ2160	IERLSGRI INRKTGETFHKVFNPVDYKEEDYYQREDDKPETVKRRLDVNIAQGEPILEH
SEQ2161	IERLSGRI INRKTGETFHKVFNPVDYKEEDYYQREDDKPETVKRRLDVNIAQ-----
SEQ2150	RKGLVTDIEGNQEI TEVFADVEKALLEK
SEQ2151	SKLGLVTDIEGNQEI-----
SEQ2152	RKGLVTDIEGNQEI TEVFADVEKALLE--
SEQ2153	RKGLVTDIEGNQEI TEVFADVEKAL----
SEQ2154	RKGLVTDIEG-----
SEQ2155	RKGLVTDIEG-----
SEQ2156	-----
SEQ2157	RKGLVTDIEGNQEI TEVFADVEKALL---
SEQ2158	RKGLVTDIEGNQEI TEVFADVEKAL----
SEQ2159	KKLGLVTDIEGN-----
SEQ2160	RKGLVTDIEGNQEI TEVFADVEKALLEK
SEQ2161	-----

**Table 22: Comparative Sequences relating to SAG0093  
(D-alanyl-D-alanine carboxypeptidase family protein)**

SEQ ID NO. 2201: SAG0093 FROM THE 090 GBS TYPE Ia STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)  
AAGCCTAACAGTCAACAATCATCATCTCAAAAGTTGAGGAATGAGGATATAAAAAAGATATCCTCTCAAAAAAGAAATAAGAAATTA  
CAATTACCAGCTGTATCATCAAAAGATTGGAACTTGATTTTGGTCAATCGTGACCATAAACATGAAGAATTAAGTCCAGATGTGGTT  
CCTGTTGAAAATATTTATTGGATAAAACGTATTACGAAGCAAGCTACTCAGTTTTTAGAGGCTGCTAGAGCAATTGATTCACGAGAA  
CATTTAATTTCCGGTTATCGTAGTGTTCCTATCAGGAGAAGTTGTTCAATTCCTATGTTACTCAAGAGATGACTAGTAACCCCTAAT  
TTGACGAGGGGACAAGCAGAAAAGTTGGTAAAACTTACTCTCAGCCTGCAGGTGCTAGTGAACACCAGACTGGATTAGCGATGGAT  
ATGAGTACTGTAGATTCTTTGAATGAGAGCGATCCTAGAGTAGTCAGTCAGTTGAAAAAGATAGCTCCACAATATGGTTTTGTCTTA  
CGGTTTCCGGATGGTAAACAGCAGAAAACAGGGGTAGGTTATGAAGATTGGCATTACCGCTATGTTGGGGTAGAGTCTGCAAAATAT  
ATGGCCAAACATCATTTAAACATTAGAAGAATACATAACTTTATTAAAGGAGAATAACCAA

SEQ ID NO. 2202: SAG0093 FROM THE 1169NT1 GBS TYPE V STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)  
AAGCCTAACAGTCAACAATCATCATCTCAAAAGTTGAGGAATGAGGATATAAAAAAGATATCCTCTCAAAAAAGAAATAAGAAATTA  
CAATTACCAGCTGTATCATCAAAAGATTGGAACTTGATTTTGGTCAATCGTGACCATAAACATGAAGAATTAAGTCCAGATGTGGTT  
CCTGTTGAAAATATTTATTGGATAAAACGTATTACGAAGCAAGCTACTCAGTTTTTAGAGGCTGCTAGAGCAATTGATTCACGAGAA  
CATTTAATTTCCGGTTATCGTAGTGTTCCTATCAGGAGAAGTTGTTCAATTCCTATGTTACTCAAGAGATGACTAGTAACCCCTAAT  
TTGACGAGGGGACAAGCAGAAAAGTTGGTAAAACTTACTCTCAGCCTGCAGGTGCTAGTGAACACCAGACTGGATTAGCGATGGAT  
ATGAGTACTGTAGATTCTTTGAATGAGAGCGATCCTAGAGTAGTCAGTCAGTTGAAAAAGATAGCTCCACAATATGGTTTTGTCTTA  
CGGTTTCCGGATGGTAAACAGCAGAAAACAGGGGTAGGTTATGAAGATTGGCATTACCGCTATGTTGGGGTAGAGTCTGCAAAATAT  
ATGGCCAAACATCGTTTAAACATTAGAAGAATACATAACTTTATTAAAGGAGAATAACCAA

SEQ ID NO. 2203: SAG0093 FROM THE 18RS21 GBS TYPE II STRAIN  
AAGCCTAACAGTCAACAATCATCATCTCAAAAGTTGAGGAATGAGGATATAAAAAAGATATCCTCTCAAAAAAGAAATAAGAAATTA  
CAATTACCAGCTGTATCATCAAAAGATTGGAACTTGATTTTGGTCAATCGTGACCATAAACATGAAGAATTAAGTCCAGATGTGGTT  
CCTGTTGAAAATATTTATTGGATAAAACGTATTACGAAGCAAGCTACTCAGTTTTTAGAGGCTGCTAGAGCAATTGATTCACGAGAA  
CATTTAATTTCCGGTTATCGTAGTGTTCCTATCAGGAGAAGTTGTTCAATTCCTATGTTACTCAAGAGATGACTAGTAACCCCTAAT  
TTGACGAGGGGACAAGCAGAAAAGTTGGTAAAACTTACTCTCAGCCTGCAGGTGCTAGTGAACACCAGACTGGATTAGCGATGGAT  
ATGAGTACTGTAGATTCTTTGAATGAGAGCGATCCTAGAGTAGTCAGTCAGTTGAAAAAGATAGCTCCACAATATGGTTTTGTCTTA  
CGGTTTCCGGATGGTAAACAGCAGAAAACAGGGGTAGGTTATGAAGATTGGCATTACCGCTATGTTGGGGTAGAGTCTGCAAAATAT  
ATGGCCAAACATCATTTAAACATTAGAAGAATACATAACTTTATTAAAGGAGAATAACCAA

SEQ ID NO. 2204: SAG0093 FROM THE 2603V/R GBS TYPE V STRAIN  
ACAGTCAACAGTCAACAATCATCATCTCAAAAGTTGAGGAATGAGGATATAAAAAAGATATCCTCTCAAAAAAGAAATAAGAAATTACAATTAC  
CAGCTGTATCATCAAAAGATTGGAACTTGATTTTGGTCAATCGTGACCATAAACATGAAGAATTAAGTCCAGATGTGGTTCTGTTG  
AAAATATTTATTGGATAAAACGTATTACGAAGCAAGCTACTCAGTTTTTAGAGGCTGCTAGAGCAATTGATTCACGAGAACTTTAA  
TTTCGGGTTATCGTAGTGTTCCTATCAGGAGAAGTTGTTCAATTCCTATGTTACTCAAGAGATGACTAGTAACCCCTAATTTGACGA  
GGGGACAAGCAGAAAAGTTGGTAAAACTTACTCTCAGCCTGCAGGTGCTAGTGAACACCAGACTGGATTAGCGATGGATAGTA  
CTGTAGATTCTTTGAATGAGAGCGATCCTAGAGTAGTCAGTCAGTTGAAAAAGATAGCTCCACAATATGGTTTTGTCTTACGGTTTC  
CGGATGGTAAACAGCAGAAAACAGGGGTAGGTTATGAAGATTGGCATTACCGCTATGTTGGGGTAGAGTCTGCAAAATATATGGCCA  
AACATCATTTAAACATTAGAAGAATACATAACTTTATTAAAGGAGAATAACCAAAACCCAGCTTTCTTGACAA

SEQ ID NO. 2205: SAG0093 FROM THE A909 GBS TYPE Ia STRAIN  
AAGCCTAACAGTCAACAATCATCATCTCAAAAGTTGAGGAATGAGGATATAAAAAAGATATCCTCTCAAAAAAGAAATAAGAAATTA  
CAATTACCAGCTGTATCATCAAAAGATTGGAACTTGATTTTGGTCAATCGTGACCATAAACATGAAGAATTAAGTCCAGATGTGGTT  
CCTGTTGAAAATATTTATTGGATAAAACGTATTACGAAGCAAGCTACTCAGTTTTTAGAGGCTGCTAGAGCAATTGATTCACGAGAA  
CATTTAATTTCCGGTTATCGTAGTGTTCCTATCAGGAGAAGTTGTTCAATTCCTATGTTACTCAAGAAATGACTAGTAACCCCTAAT  
TTGACGAGGGGACAAGCAGAAAAGTTGGTAAAACTTACTCTCAGCCTGCAGGTGCTAGTGAACACCAGACTGGATTAGCGATGGAT  
ATGAGTACTGTAGATTCTTTGAATGAGAGCGATCCTAGAGTAGTCAGTCAGTTGAAAAAGATAGCTCCACAATATGGTTTTGTCTTA  
CGGTTTCCGGATGGTAAACAGCAGAAAACAGGGGTAGGTTATGAAGATTGGCATTACCGCTATGTTGGGGTAGAGTCTGCAAAATAT  
ATGGCCAAACATCATTTAAACATTAGAAGAATACATAACTTTATTAAAGGAGAATAACCAA

SEQ ID NO. 2206: SAG0093 FROM THE CJB110 GBS NONTYPEABLE STRAIN  
AAGCCTAACAGTCAACAATCATCATCTCAAAAGTTGAGGAATGAGGATATAAAAAAGATATCCTCTCAAAAAAGAAATAAGAAATTT  
ACAATTACCAGCTGTATCATCAAAAGATTGGAACTTGATTTTGGTCAATCGTGACCATAAACATGAAGAATTAAGTCCAGATGTGGTT  
TCCTGTTGAAAATATTTATTGGATAAAACGTATTACGAAGCAAGCTACTCAGTTTTTAGAGGCTGCTAGAGCAATTGATTCACGAGA  
ACATTTAATTTCCGGTTATCGTAGTGTTCCTATCAGGAGAAGTTGTTCAATTCCTATGTTACTCAAGAGATGACTAGTAACCCCTAA  
TTTGACGAGGGGACAAGCAGAAAAGTTGGTAAAACTTACTCTCAGCCTGCAGGTGCTAGTGAACACCAGACTGGATTAGCGATGGAT  
TATGAGTACTGTAGATTCTTTGAATGAGAGCGATCCTAGAGTAGTCAGTCAGTTGAAAAAGATAGCTCCACAATATGGTTTTGTCTT  
ACGGTTTCCGGATGGTAAACAGCAGAAAACAGGGGTAGGTTATGAAGATTGGCATTACCGCTATGTTGGGGTAGAGTCTGCAAAATA  
TATGGCCAAACATCATTTAAACATTAGAAGAATACATAACTTTATTAAAGGAGAATAACCAA

**Table 22: Comparative Sequences relating to SAG0093  
(D-alanyl-D-alanine carboxypeptidase family protein)**

SEQ ID NO. 2207: SAG0093 FROM THE COH1 GBS TYPE III STRAIN

CCTAACAGTCAACAATCATCATCTCAAAAGTTGAGGAATGAGGATATAAAAAAGACATCCTCTCAAAAAAGAAATTAAGAAATTACG  
ATTACCAGCTGTATCATCAAAAGATTGGAACCTTGATTTTGGTCAATCGTGACCATAAACATGAAGAATTAAGTCCAGATGTGGTGCC  
TGTTGAAAAATATTTATTTGGATAAACGTTATACGAAGCAAGCTACTCAGTTTTTAGAGGCTGCTAGAGCAATTGATTACAGAGAACA  
TTTAATTTCCGGTTATCGTAGTGTTCCTATCAGGAGAAGTTGTTCAATTCCTATGTTACTCAAGAGATGACTAGTAACCCCTAATTT  
GACGAGGGGACAAGCAGAAAAGTTGGTAAAAACTTACTCTCAGCCTGCAGGTGCTAGTGAACACCAGACTGGATTAGCGATGGATAT  
GAGTACTGTAGATTCTTTGAATGAGAGCGATCCTAGAGTAGTCAGTCAGTTGAAAAAGATAGCTCCACAATATGGTTTTGTCTTACG  
GTTTCCGGATGGTAAAAACAGCAGAAAACAGGGGTAGGTTATGAAGATTGGCATTACCGCTATGTTGGGGTAGAGTCTGCAAAATATAT  
GGTCAAAATCATTTAACAATTAGAAGAATACATACTTTATTAAAGGAGAATAACCAAAACCCAGCTTTCTTGTACAA

SEQ ID NO. 2208: SAG0093 FROM THE H36b GBS TYPE Ib STRAIN

AAGCCTAACAGTCAACAATCATCATCTCAAAAGTTGAGGAATGAGGATATAAAAAAGACATCCTCTCAAAAAAGAAATTAAGAAATTA  
CGATTACCAGCTGTATCATCAAAAGATTGGAACCTTGATTTTGGTCAATCGTGACCATAAACATGAAGAATTAAGTCCAGATGTGGTG  
CCTGTTGAAAAATATTTATTTGGATAAACGTTATACGAAGCAAGCTACTCAGTTTTTAGAGGCTGCTAGAGCAATTGATTACAGAGAA  
CATTTAATTTCCGGTTATCGTAGTGTTCCTATCAGGAGAAGTTGTTCAATTCCTATGTTACTCAAGAGATGACTAGTAACCCCTAAT  
TTGACGAAGGAACAAGCAGAAAAGTTGGTAAAAACTTACTCTCAGCCTGCAGGTGCTAGTGAACACCAGACTGGATTAGCGATGGAT  
ATGAGTACTGTAGATTCTTTGAATGAGAGCGATCCTAGAGTAGTCAGTCAGTTGAAAAAGATAGCTCCACAATATGGTTTTGTCTTAA  
CGGTTTCCGGATGGTAAAAACAGCAGAAAACAGGGGTAGGTTATGAAGATTGGCATTACCGCTATGTTGGGGTAGAGTCTGCAAAATAT  
ATGGCCAAACATCATTTAACAATTAGAAGAATACATACTTTATTAAAGGAGAATAACCAA

SEQ ID NO. 2209: SAG0093 FROM THE JM9130013 GBS TYPE VIII STRAIN

AAGCCTAACAGTCAACAATCATCATCTCAAAAGTTGAGGAATGAGGATATAAAAAAGATATCCTCTCAAAAAAGAAATTAAGAAATTA  
CAATTACCAGCTGTATCATCAAAAGATTGGAACCTTGATTTTGGTCAATCGTGACCATAAACATGAAGAATTAAGTCCAGATGTGGTG  
CCTGTTGAAAAATATTTATTTGGATAAACGTTATACGAAGCAAGCTACTCAGTTTTTAGAGGCTGCTAGAGCAATTGATTACAGAGAA  
CATTTAATTTCCGGTTATCGTAGTGTTCCTATCAGGAGAAGTTGTTCAATTCCTATGTTACTCAAGAGATGACTAGTAACCCCTAAT  
TTGACGAGGGGACAAGCAGAAAAGTTGGTAAAAACTTACTCTCAGCCTGCAGGTGCTAGTGAACACCAGACTGGATTAGCGATGGAT  
ATGAGTACTGTAGATTCTTTGAATGAGAGCGATCCTAGAGTAGTCAGTCAGTTGAAAAAGATAGCTCCACAATATGGTTTTGTCTTAA  
CGGTTTCCGGATGGTAAAAACAGCAGAAAACAGGGGTAGGTTATGAAGATTGGCATTACCGCTATGTTGGGGTAGAGTCTGCAAAATAT  
ATGGCCAAACATCATTTAACAATTAGAAGAATACATACTTTATTAAAGGAGAATAACCAA

SEQ ID NO. 2210: SAG0093 FROM THE M732 GBS TYPE III STRAIN

AGCCTAACAGTCAACAATCATCATCTCAAAAGTTGAGGAATGAGGATATAAAAAAGACATCCTCTCAAAAAAGAAATTAAGAAATTAC  
GATTACCAGCTGTATCATCAAAAGATTGGAACCTTGATTTTGGTCAATCGTGACCATAAACATGAAGAATTAAGTCCAGATGTGGTG  
CTGTTGAAAAATATTTATTTGGATAAACGTTATACGAAGCAAGCTACTCAGTTTTTAGAGGCTGCTAGAGCAATTGATTACAGAGAAC  
ATTTAATTTCCGGTTATCGTAGTGTTCCTATCAGGAGAAGTTGTTCAATTCCTATGTTACTCAAGAGATGACTAGTAACCCCTAAT  
TGACGAGGGGACAAGCAGAAAAGTTGGTAAAAACTTACTCTCAGCCTGCAGGTGCTAGTGAACACCAGACTGGATTAGCGATGGAT  
TGAGTACTGTAGATTCTTTGAATGAGAGCGATCCTAGAGTAGTCAGTCAGTTGAAAAAGATAGCTCCACAATATGGTTTTGTCTTAC  
GGTTTCCGGATGGTAAAAACAGCAGAAAACAGGGGTAGGTTATGAAGATTGGCATTACCGCTATGTTGGGGTAGAGTCTGCAAAATATA  
TGGTCAAAATCATTTAACAATTAGAAGAATACATACTTTATTAAAGGAGAATAACCAA

SEQ ID NO. 2211: SAG0093 FROM THE M781 GBS TYPE III STRAIN

AAGCCTAACAGTCAACAATCATCATCTCAAAAGTTGAGGAATGAGGATATAAAAAAGACATCCTCTCAAAAAAGAAATTAAGAAATTA  
CGATTACCAGCTGTATCATCAAAAGATTGGAACCTTGATTTTGGTCAATCGTGACCATAAACATGAAGAATTAAGTCCAGATGTGGTG  
CCTGTTGAAAAATATTTATTTGGATAAACGTTATACGAAGCAAGCTACTCAGTTTTTAGAGGCTGCTAGAGCAATTGATTACAGAGAA  
CATTTAATTTCCGGTTATCGTAGTGTTCCTATCAGGAGAAGTTGTTCAATTCCTATGTTACTCAAGAGATGACTAGTAACCCCTAAT  
TTGACGAGGGGACAAGCAGAAAAGTTGGTAAAAACTTACTCTCAGCCTGCAGGTGCTAGTGAACACCAGACTGGATTAGCGATGGAT  
ATGAGTACTGTAGATTCTTTGAATGAGAGCGATCCTAGAGTAGTCAGTCAGTTGAAAAAGATAGCTCCACAATATGGTTTTGTCTTAA  
CGGTTTCCGGATGGTAAAAACAGCAGAAAACAGGGGTAGGTTATGAAGATTGGCATTACCGCTATGTTGGGGTAGAGTCTGCAAAATATA  
ATGGTCAAAATCATTTAACAATTAGAAGAATACATACTTTATTAAAGGAGAATAACCAA

SEQ2201	AGCCTAACAGTCAACAATCATCATCTCAAAAGTTGAGGAATGAGGATATAAAAAAGATA
SEQ2202	AGCCTAACAGTCAACAATCATCATCTCAAAAGTTGAGGAATGAGGATATAAAAAAGATA
SEQ2203	AGCCTAACAGTCAACAATCATCATCTCAAAAGTTGAGGAATGAGGATATAAAAAAGATA
SEQ2204	-----ACAGTCAACAATCATCATCTCAAAAGTTGAGGAATGAGGATATAAAAAAGATA
SEQ2205	AGCCTAACAGTCAACAATCATCATCTCAAAAGTTGAGGAATGAGGATATAAAAAAGACA
SEQ2206	AGCCTAACAGTCAACAATCATCATCTCAAAAGTTGAGGAATGAGGATATAAAAAAGACA
SEQ2207	--CCTAACAGTCAACAATCATCATCTCAAAAGTTGAGGAATGAGGATATAAAAAAGACA
SEQ2208	AGCCTAACAGTCAACAATCATCATCTCAAAAGTTGAGGAATGAGGATATAAAAAAGACA
SEQ2209	AGCCTAACAGTCAACAATCATCATCTCAAAAGTTGAGGAATGAGGATATAAAAAAGATA
SEQ2210	AGCCTAACAGTCAACAATCATCATCTCAAAAGTTGAGGAATGAGGATATAAAAAAGACA
SEQ2211	AGCCTAACAGTCAACAATCATCATCTCAAAAGTTGAGGAATGAGGATATAAAAAAGACA

**Table 22: Comparative Sequences relating to SAG0093  
(D-alanyl-D-alanine carboxypeptidase family protein)**

SEQ2201	TCCTCTCAAAAAGAAAT - AAGAAATT - ACAATTACCAGCTGTATCATCAAAAGATTGGA
SEQ2202	TCCTCTCAAAAAGAAAT - AAGAAATT - ACGATTACCAGCTGTATCATCAAAAGATTGGA
SEQ2203	TCCTCTCAAAAAGAAAT - AAGAAATT - ACAATTACCAGCTGTATCATCAAAAGATTGGA
SEQ2204	TCCTCTCAAAAAGAAAT - AAGAAATT - ACAATTACCAGCTGTATCATCAAAAGATTGGA
SEQ2205	TCCTCTCAAAAAGAAAT - AAGAAATT - ACGATTACCAGCTGTATCATCAAAAGATTGGA
SEQ2206	TCCTCTCAAAAAGAAAT - AAGAAATT - ACAATTACCAGCTGTATCATCAAAAGATTGGA
SEQ2207	TCCTCTCAAAAAGAAAT - AAGAAATT - ACGATTACCAGCTGTATCATCAAAAGATTGGA
SEQ2208	TCCTCTCAAAAAGAAAT - AAGAAATT - ACGATTACCAGCTGTATCATCAAAAGATTGGA
SEQ2209	TCCTCTCAAAAAGAAAT - AAGAAATT - ACAATTACCAGCTGTATCATCAAAAGATTGGA
SEQ2210	TCCTCTCAAAAAGAAAT - AAGAAATT - ACGATTACCAGCTGTATCATCAAAAGATTGGA
SEQ2211	TCCTCTCAAAAAGAAAT - AAGAAATT - ACGATTACCAGCTGTATCATCAAAAGATTGGA
SEQ2201	ACTTGATTTTGGTCAATCGTGACCATAAATGAAGAATTAAGTCCAGATGTGGTTCCTG
SEQ2202	ACTTGATTTTGGTCAATCGTGACCATAAATGAAGAATTAAGTCCAGATGTGGTTCCTG
SEQ2203	ACTTGATTTTGGTCAATCGTGACCATAAATGAAGAATTAAGTCCAGATGTGGTTCCTG
SEQ2204	ACTTGATTTTGGTCAATCGTGACCATAAATGAAGAATTAAGTCCAGATGTGGTTCCTG
SEQ2205	ACTTGATTTTGGTCAATCGTGACCATAAATGAAGAATTAAGTCCAGATGTGGTTCCTG
SEQ2206	ACTTGATTTTGGTCAATCGTGACCATAAATGAAGAATTAAGTCCAGATGTGGTTCCTG
SEQ2207	ACTTGATTTTGGTCAATCGTGACCATAAATGAAGAATTAAGTCCAGATGTGGTTCCTG
SEQ2208	ACTTGATTTTGGTCAATCGTGACCATAAATGAAGAATTAAGTCCAGATGTGGTTCCTG
SEQ2209	ACTTGATTTTGGTCAATCGTGACCATAAATGAAGAATTAAGTCCAGATGTGGTTCCTG
SEQ2210	ACTTGATTTTGGTCAATCGTGACCATAAATGAAGAATTAAGTCCAGATGTGGTTCCTG
SEQ2211	ACTTGATTTTGGTCAATCGTGACCATAAATGAAGAATTAAGTCCAGATGTGGTTCCTG
SEQ2201	TTGAAAATATTTATTTGGATAAACGTAATACGAAGCAAGCTACTCAGTTTTTAGAGGCTG
SEQ2202	TTGAAAATATTTATTTGGATAAACGTAATACGAAGCAAGCTACTCAGTTTTTAGAGGCTG
SEQ2203	TTGAAAATATTTATTTGGATAAACGTAATACGAAGCAAGCTACTCAGTTTTTAGAGGCTG
SEQ2204	TTGAAAATATTTATTTGGATAAACGTAATACGAAGCAAGCTACTCAGTTTTTAGAGGCTG
SEQ2205	TTGAAAATATTTATTTGGATAAACGTAATACGAAGCAAGCTACTCAGTTTTTAGAGGCTG
SEQ2206	TTGAAAATATTTATTTGGATAAACGTAATACGAAGCAAGCTACTCAGTTTTTAGAGGCTG
SEQ2207	TTGAAAATATTTATTTGGATAAACGTAATACGAAGCAAGCTACTCAGTTTTTAGAGGCTG
SEQ2208	TTGAAAATATTTATTTGGATAAACGTAATACGAAGCAAGCTACTCAGTTTTTAGAGGCTG
SEQ2209	TTGAAAATATTTATTTGGATAAACGTAATACGAAGCAAGCTACTCAGTTTTTAGAGGCTG
SEQ2210	TTGAAAATATTTATTTGGATAAACGTAATACGAAGCAAGCTACTCAGTTTTTAGAGGCTG
SEQ2211	TTGAAAATATTTATTTGGATAAACGTAATACGAAGCAAGCTACTCAGTTTTTAGAGGCTG
SEQ2201	CTAGAGCAATTGATTACGAGAACATTTAATTTCCGGTTATCGTAGTGTGCCTATCAGG
SEQ2202	CTAGAGCAATTGATTACGAGAACATTTAATTTCCGGTTATCGTAGTGTGCCTATCAGG
SEQ2203	CTAGAGCAATTGATTACGAGAACATTTAATTTCCGGTTATCGTAGTGTGCCTATCAGG
SEQ2204	CTAGAGCAATTGATTACGAGAACATTTAATTTCCGGTTATCGTAGTGTGCCTATCAGG
SEQ2205	CTAGAGCAATTGATTACGAGAACATTTAATTTCCGGTTATCGTAGTGTGCCTATCAGG
SEQ2206	CTAGAGCAATTGATTACGAGAACATTTAATTTCCGGTTATCGTAGTGTGCCTATCAGG
SEQ2207	CTAGAGCAATTGATTACGAGAACATTTAATTTCCGGTTATCGTAGTGTGCCTATCAGG
SEQ2208	CTAGAGCAATTGATTACGAGAACATTTAATTTCCGGTTATCGTAGTGTGCCTATCAGG
SEQ2209	CTAGAGCAATTGATTACGAGAACATTTAATTTCCGGTTATCGTAGTGTGCCTATCAGG
SEQ2210	CTAGAGCAATTGATTACGAGAACATTTAATTTCCGGTTATCGTAGTGTGCCTATCAGG
SEQ2211	CTAGAGCAATTGATTACGAGAACATTTAATTTCCGGTTATCGTAGTGTGCCTATCAGG
SEQ2201	AGAAGTTGTTCAATTCTTATGTTACTCAAGAGATGACTAGTAACCCCTAATTTGACGAGGG
SEQ2202	AGAAGTTGTTCAATTCTTATGTTACTCAAGAGATGACTAGTAACCCCTAATTTGACGAGGG
SEQ2203	AGAAGTTGTTCAATTCTTATGTTACTCAAGAGATGACTAGTAACCCCTAATTTGACGAGGG
SEQ2204	AGAAGTTGTTCAATTCTTATGTTACTCAAGAGATGACTAGTAACCCCTAATTTGACGAGGG
SEQ2205	AGAAGTTGTTCAATTCTTATGTTACTCAAGAAATGACTAGTAACCCCTAATTTGACGAAGG
SEQ2206	AGAAGTTGTTCAATTCTTATGTTACTCAAGAGATGACTAGTAACCCCTAATTTGACGAGGG
SEQ2207	AGAAGTTGTTCAATTCTTATGTTACTCAAGAGATGACTAGTAACCCCTAATTTGACGAGGG
SEQ2208	AGAAGTTGTTCAATTCTTATGTTACTCAWGAAATGACTAGTAACCCCTAATTTGACGAAGG
SEQ2209	AGAAGTTGTTCAATTCTTATGTTACTCAAGAGATGACTAGTAACCCCTAATTTGACGAGGG
SEQ2210	AGAAGTTGTTCAATTCTTATGTTACTCAAGAGATGACTAGTAACCCCTAATTTGACGAGGG
SEQ2211	AGAAGTTGTTCAATTCTTATGTTACTCAAGAGATGACTAGTAACCCCTAATTTGACGAGGG

**Table 22: Comparative Sequences relating to SAG0093  
(D-alanyl-D-alanine carboxypeptidase family protein)**

SEQ2201	ACAAGCAGAAAAGTTGGTAAAAAATTACTCTCAGCCTGCAGGTGCTAGTGAACACCAGA
SEQ2202	ACAAGCAGAAAAGTTGGTAAAAAATTACTCTCAGCCTGCAGGTGCTAGTGAACACCAGA
SEQ2203	ACAAGCAGAAAAGTTGGTAAAAAATTACTCTCAGCCTGCAGGTGCTAGTGAACACCAGA
SEQ2204	ACAAGCAGAAAAGTTGGTAAAAAATTACTCTCAGCCTGCAGGTGCTAGTGAACACCAGA
SEQ2205	ACAAGCAGAAAAGTTGGTAAAAAATTACTCTCAGCCTGCAGGTGCTAGTGAACACCAGA
SEQ2206	ACAAGCAGAAAAGTTGGTAAAAAATTACTCTCAGCCTGCAGGTGCTAGTGAACACCAGA
SEQ2207	ACAAGCAGAAAAGTTGGTAAAAAATTACTCTCAGCCTGCAGGTGCTAGTGAACACCAGA
SEQ2208	ACAAGCAGAAAAGTTGGTAAAAAATTACTCTCAGCCTGCAGGTGCTAGTGAACACCAGA
SEQ2209	ACAAGCAGAAAAGTTGGTAAAAAATTACTCTCAGCCTGCAGGTGCTAGTGAACACCAGA
SEQ2210	ACAAGCAGAAAAGTTGGTAAAAAATTACTCTCAGCCTGCAGGTGCTAGTGAACACCAGA
SEQ2211	ACAAGCAGAAAAGTTGGTAAAAAATTACTCTCAGCCTGCAGGTGCTAGTGAACACCAGA
SEQ2201	CTGGATTAGCGATGGATATGAGTACTGTAGATTCTTTGAATGAGAGCGATCCTAGAGTAG
SEQ2202	CTGGATTAGCGATGGATATGAGTACTGTAGATTCTTTGAATGAGAGCGATCCTAGAGTAG
SEQ2203	CTGGATTAGCGATGGATATGAGTACTGTAGATTCTTTGAATGAGAGCGATCCTAGAGTAG
SEQ2204	CTGGATTAGCGATGGATATGAGTACTGTAGATTCTTTGAATGAGAGCGATCCTAGAGTAG
SEQ2205	CTGGATTAGCGATGGATATGAGTACTGTAGATTCTTTGAATGAGAGCGATCCTAGAGTAG
SEQ2206	CTGGATTAGCGATGGATATGAGTACTGTAGATTCTTTGAATGAGAGCGATCCTAGAGTAG
SEQ2207	CTGGATTAGCGATGGATATGAGTACTGTAGATTCTTTGAATGAGAGCGATCCTAGAGTAG
SEQ2208	CTGGATTAGCGATGGATATGAGTACTGTAGATTCTTTGAATGAGAGCGATCCTAGAGTAG
SEQ2209	CTGGATTAGCGATGGATATGAGTACTGTAGATTCTTTGAATGAGAGCGATCCTAGAGTAG
SEQ2210	CTGGATTAGCGATGGATATGAGTACTGTAGATTCTTTGAATGAGAGCGATCCTAGAGTAG
SEQ2211	CTGGATTAGCGATGGATATGAGTACTGTAGATTCTTTGAATGAGAGCGATCCTAGAGTAG
SEQ2201	TCAGTCAGTTGAAAAAGATAGCTCCACAATATGGTTTTGTCTTACGGTTTCCGGATGGTA
SEQ2202	TCAGTCAGTTGAAAAAGATAGCTCCACAATATGGTTTTGTCTTACGGTTTCCGGATGGTA
SEQ2203	TCAGTCAGTTGAAAAAGATAGCTCCACAATATGGTTTTGTCTTACGGTTTCCGGATGGTA
SEQ2204	TCAGTCAGTTGAAAAAGATAGCTCCACAATATGGTTTTGTCTTACGGTTTCCGGATGGTA
SEQ2205	TCAGTCAGTTGAAAAAGATAGCTCCACAATATGGTTTTGTCTTACGGTTTCCGGATGGTA
SEQ2206	TCAGTCAGTTGAAAAAGATAGCTCCACAATATGGTTTTGTCTTACGGTTTCCGGATGGTA
SEQ2207	TCAGTCAGTTGAAAAAGATAGCTCCACAATATGGTTTTGTCTTACGGTTTCCGGATGGTA
SEQ2208	TCAGTCAGTTGAAAAAGATAGCTCCACAATATGGTTTTGTCTTACGGTTTCCGGATGGTA
SEQ2209	TCAGTCAGTTGAAAAAGATAGCTCCACAATATGGTTTTGTCTTACGGTTTCCGGATGGTA
SEQ2210	TCAGTCAGTTGAAAAAGATAGCTCCACAATATGGTTTTGTCTTACGGTTTCCGGATGGTA
SEQ2211	TCAGTCAGTTGAAAAAGATAGCTCCACAATATGGTTTTGTCTTACGGTTTCCGGATGGTA
SEQ2201	AAACAGCAGAAACAGGGGTAGGTTATGAAGATTGGCATTACCGCTATGTTGGGGTAGAGT
SEQ2202	AAACAGCAGAAACAGGGGTAGGTTATGAAGATTGGCATTACCGCTATGTTGGGGTAGAGT
SEQ2203	AAACAGCAGAAACAGGGGTAGGTTATGAAGATTGGCATTACCGCTATGTTGGGGTAGAGT
SEQ2204	AAACAGCAGAAACAGGGGTAGGTTATGAAGATTGGCATTACCGCTATGTTGGGGTAGAGT
SEQ2205	AAACAGCAGAAACAGGGGTAGGTTATGAAGATTGGCATTACCGCTATGTTGGGGTAGAGT
SEQ2206	AAACAGCAGAAACAGGGGTAGGTTATGAAGATTGGCATTACCGCTATGTTGGGGTAGAGT
SEQ2207	AAACAGCAGAAACAGGGGTAGGTTATGAAGATTGGCATTACCGCTATGTTGGGGTAGAGT
SEQ2208	AAACAGCAGAAACAGGGGTAGGTTATGAAGATTGGCATTACCGCTATGTTGGGGTAGAGT
SEQ2209	AAACAGCAGAAACAGGGGTAGGTTATGAAGATTGGCATTACCGCTATGTTGGGGTAGAGT
SEQ2210	AAACAGCAGAAACAGGGGTAGGTTATGAAGATTGGCATTACCGCTATGTTGGGGTAGAGT
SEQ2211	AAACAGCAGAAACAGGGGTAGGTTATGAAGATTGGCATTACCGCTATGTTGGGGTAGAGT
SEQ2201	CTGCAAAATATATGGCCAAACATCATTTAAACATTAGAAGAATACATAACTTTATTAAAGG
SEQ2202	CTGCAAAATATATGGCCAAACATCGTTTAAACATTAGAAGAATACATAACTTTATTAAAGG
SEQ2203	CTGCAAAATATATGGCCAAACATCATTTAAACATTAGAAGAATACATAACTTTATTAAAGG
SEQ2204	CTGCAAAATATATGGCCAAACATCATTTAAACATTAGAAGAATACATAACTTTATTAAAGG
SEQ2205	CTGCAAAATATATGGCCAAACATCATTTAAACATTAGAAGAATACATAACTTTATTAAAGG
SEQ2206	CTGCAAAATATATGGCCAAACATCATTTAAACATTAGAAGAATACATAACTTTATTAAAGG
SEQ2207	CTGCAAAATATATGGTCAAACATCATTTAAACATTAGAAGAATACATAACTTTATTAAAGG
SEQ2208	CTGCAAAATATATGGCCAAACATCATTTAAACATTAGAAGAATACATAACTTTATTAAAGG
SEQ2209	CTGCAAAATATATGGCCAAACATCATTTAAACATTAGAAGAATACATAACTTTATTAAAGG
SEQ2210	CTGCAAAATATATGGTCAAACATCATTTAAACATTAGAAGAATACATAACTTTATTAAAGG
SEQ2211	CTGCAAAATATATGGTCAAACATCATTTAAACATTAGAAGAATACATAACTTTATTAAAGG

**Table 22: Comparative Sequences relating to SAG0093  
(D-alanyl-D-alanine carboxypeptidase family protein)**

SEQ2201	AGAATAACCAA-----
SEQ2202	AGAATAACCAA-----
SEQ2203	AGAATAACCAA-----
SEQ2204	AGAATAACCAAAACCAGCTTTCTGTACAA-----
SEQ2205	AGAATAACCAA-----
SEQ2206	AGAATAACCAA-----
SEQ2207	AGAATAACCAAAACCAGCTTTCTGTACAA-----
SEQ2208	AGAATAACCAA-----
SEQ2209	AGAATAACCAA-----
SEQ2210	AGAATAACCAAAACCAGCTTTCTT-----
SEQ2211	AGAATAACCAATABCMARATVSTNCSRATNGTSAGDAANYDAANNCARBYTASAMYRT

>SEQ ID NO 2250: 18\_090 frame: 1

KPNSQQSSSQKLARNEDIKKISSQKRNNKLQLPAVSSKDWNLILVNRDHKHEELSPDVVPV  
ENIYLDKRITKQATQFLEAARAIDSREHLISGYRSVAYQEKLFNSYVTQEMTSNPNLTRG  
QAEKLVKTYSPAGASEHQTGLAMDMSVDSLNESDPRVVSQKKIAPQYGFVLRFPDGK  
TAETGVGYEDWHYRYVGVESAKYMAKHHLTLEEYITLLKENNQ

>SEQ ID NO 2251: 18\_1169NT frame: 1

KPNSQQSSSQKLARNEDIKKISSQKRNNKLRLPAVSSKDWNLILVNRDHKHEELSPDVVPV  
ENIYLDKRITKQATQFLEAARAIDSREHLISGYRSVAYQEKLFNSYVTQEMTSNPNLTRG  
QAEKLVKTYSPAGASEHQTGLAMDMSVDSLNESDPRVVSQKKIAPQYGFVLRFPDGK  
TAETGVGYEDWHYRYVGVESAKYMAEHRLTLEEYITLLKENNQ

>SEQ ID NO 2252: 18\_18RS21 frame: 1

KPNSQQSSSQKLARNEDIKKISSQKRNNKLQLPAVSSKDWNLILVNRDHKHEELSPDVVPV  
ENIYLDKRITKQATQFLEAARAIDSREHLISGYRSVAYQEKLFNSYVTQEMTSNPNLTRG  
QAEKLVKTYSPAGASEHQTGLAMDMSVDSLNESDPRVVSQKKIAPQYGFVLRFPDGK  
TAETGVGYEDWHYRYVGVESAKYMAKHHLTLEEYITLLKENNQ

>SEQ ID NO 2253: 18\_2603 frame: 3

SQQSSSQKLARNEDIKKISSQKRNNKLQLPAVSSKDWNLILVNRDHKHEELSPDVVPVENI  
YLDKRITKQATQFLEAARAIDSREHLISGYRSVAYQEKLFNSYVTQEMTSNPNLTRGQAE  
KLVKTYSPAGASEHQTGLAMDMSVDSLNESDPRVVSQKKIAPQYGFVLRFPDGKTAE  
TGVGYEDWHYRYVGVESAKYMAKHHLTLEEYITLLKENNQNPFLY

>SEQ ID NO 2254: 18\_A909 frame: 1

KPNSQQSSSQKLARNEDIKKTSSQKRNNKLRLPAVSSKDWNLILVNRDHKHEELSPDVVPV  
ENIYLDKRITKQATQFLEAARAIDSREHLISGYRSVAYQEKLFNSYVTQEMTSNPNLTKE  
QAEKLVKTYSPAGASEHQTGLAMDMSVDSLNESDPRVVSQKKIAPQYGFVLRFPDGK  
TAETGVGYEDWHYRYVGVESAKYMAKHHLTLEEYITLLKENNQ

>SEQ ID NO 2255: 18\_CJB110 frame: 1

KPNSQQSSSQKLARNEDIKKISSQKRNNKFTITSCIIRLELDFGQS

>SEQ ID NO 2256: 18\_COH1 frame: 1

PNSQQSSSQKLARNEDIKKTSSQKRNN

>SEQ ID NO 2257: 18\_H36B frame: 1

KPNSQQSSSQKLARNEDIKKTSSQKRNNKLRLPAVSSKDWNLILVNRDHKHEELSPDVVPV  
ENIYLDKRITKQATQFLEAARAIDSREHLISGYRSVAYQEKLFNSYVTXEMTSNPNLTKE  
QAEKLVKTYSPAGASEHQTGLAMDMSVDSLNESDPRVVSQKKIAPQYGFVLRFPDGK  
TAETGVGYEDWHYRYVGVESAKYMAKHHLTLEEYITLLKENNQ

>SEQ ID NO 2258: 18\_JM9130013 frame: 1

KPNSQQSSSQKLARNEDIKKISSQKRNNKLQLPAVSSKDWNLILVNRDHKHEELSPDVVPV  
ENIYLDKRITKQATQFLEAARAIDSREHLISGYRSVAYQEKLFNSYVTQEMTSNPNLTRG  
QAEKLVKTYSPAGASEHQTGLAMDMSVDSLNESDPRVVSQKKIAPQYGFVLRFPDGK  
TAETGVGYEDWHYRYVGVESAKYMAKHHLTLEEYITLLKENNQ

>SEQ ID NO 2259: 18\_M732 frame: 3

PNSQQSSSQKLARNEDIKKTSSQKRNNKLRLPAVSSKDWNLILVNRDHKHEELSPDVVPV  
ENIYLDKRITKQATQFLEAARAIDSREHLISGYRSVAYQEKLFNSYVTQEMTSNPNLTRGQ  
AEKLVKTYSPAGASEHQTGLAMDMSVDSLNESDPRVVSQKKIAPQYGFVLRFPDGKT  
AETGVGYEDWHYRYVGVESAKYMKHHLTLEEYITLLKENNQNPAP

**Table 22: Comparative Sequences relating to SAG0093  
(D-alanyl-D-alanine carboxypeptidase family protein)**

>SEQ ID NO 2260: 18\_M781 frame: 1

KPNSQQSSSQKL RNEDIKKTSSQKRNKKLR LPAVSSKDWNLILVNRDHKHEELSPDVVPV  
ENIYLDKRITKQATQFLEAARAI DSREHLISGYRSVAYQEKLFNSYVTQEMTSNPNLTRG  
QAEKLVKTY SQPAGASEHQTGLAMD MSTVDSL NESDPRVVSQ LKKIAPQYGFVLRFPD GK  
TAETGVGYEDWHYRYVGVESAKYMKHHLTLEEYITLLKENNQ

SEQ2250	PNSQQSSSQKL RNEDIKKTSSQKRNKKLR LPAVSSKDWNLILVNRDHKHEELSPDVVPV
SEQ2251	PNSQQSSSQKL RNEDIKKTSSQKRNKKLR LPAVSSKDWNLILVNRDHKHEELSPDVVPV
SEQ2252	PNSQQSSSQKL RNEDIKKTSSQKRNKKLR LPAVSSKDWNLILVNRDHKHEELSPDVVPV
SEQ2253	--SQSSSQKL RNEDIKKTSSQKRNKKLR LPAVSSKDWNLILVNRDHKHEELSPDVVPV
SEQ2254	PNSQQSSSQKL RNEDIKKTSSQKRNKKLR LPAVSSKDWNLILVNRDHKHEELSPDVVPV
SEQ2255	PNSQQSSSQKL RNEDIKKTSSQKRNKKLR LPAVSSKDWNLILVNRDHKHEELSPDVVPV
SEQ2256	PNSQQSSSQKL RNEDIKKTSSQKRNKKLR LPAVSSKDWNLILVNRDHKHEELSPDVVPV
SEQ2257	PNSQQSSSQKL RNEDIKKTSSQKRNKKLR LPAVSSKDWNLILVNRDHKHEELSPDVVPV
SEQ2258	PNSQQSSSQKL RNEDIKKTSSQKRNKKLR LPAVSSKDWNLILVNRDHKHEELSPDVVPV
SEQ2259	PNSQQSSSQKL RNEDIKKTSSQKRNKKLR LPAVSSKDWNLILVNRDHKHEELSPDVVPV
SEQ2260	PNSQQSSSQKL RNEDIKKTSSQKRNKKLR LPAVSSKDWNLILVNRDHKHEELSPDVVPV
SEQ2250	NIYLDKRITKQATQFLEAARAI DSREHLISGYRSVAYQEKLFNSYVTQEMTSNPNLTRG
SEQ2251	NIYLDKRITKQATQFLEAARAI DSREHLISGYRSVAYQEKLFNSYVTQEMTSNPNLTRG
SEQ2252	NIYLDKRITKQATQFLEAARAI DSREHLISGYRSVAYQEKLFNSYVTQEMTSNPNLTRG
SEQ2253	NIYLDKRITKQATQFLEAARAI DSREHLISGYRSVAYQEKLFNSYVTQEMTSNPNLTRG
SEQ2254	NIYLDKRITKQATQFLEAARAI DSREHLISGYRSVAYQEKLFNSYVTQEMTSNPNLTRG
SEQ2255	-----
SEQ2256	-----
SEQ2257	NIYLDKRITKQATQFLEAARAI DSREHLISGYRSVAYQEKLFNSYVTQEMTSNPNLTRG
SEQ2258	NIYLDKRITKQATQFLEAARAI DSREHLISGYRSVAYQEKLFNSYVTQEMTSNPNLTRG
SEQ2259	NIYLDKRITKQATQFLEAARAI DSREHLISGYRSVAYQEKLFNSYVTQEMTSNPNLTRG
SEQ2260	NIYLDKRITKQATQFLEAARAI DSREHLISGYRSVAYQEKLFNSYVTQEMTSNPNLTRG
SEQ2250	AEKLVKTY SQPAGASEHQTGLAMD MSTVDSL NESDPRVVSQ LKKIAPQYGFVLRFPD GK
SEQ2251	AEKLVKTY SQPAGASEHQTGLAMD MSTVDSL NESDPRVVSQ LKKIAPQYGFVLRFPD GK
SEQ2252	AEKLVKTY SQPAGASEHQTGLAMD MSTVDSL NESDPRVVSQ LKKIAPQYGFVLRFPD GK
SEQ2253	AEKLVKTY SQPAGASEHQTGLAMD MSTVDSL NESDPRVVSQ LKKIAPQYGFVLRFPD GK
SEQ2254	AEKLVKTY SQPAGASEHQTGLAMD MSTVDSL NESDPRVVSQ LKKIAPQYGFVLRFPD GK
SEQ2255	-----
SEQ2256	-----
SEQ2257	AEKLVKTY SQPAGASEHQTGLAMD MSTVDSL NESDPRVVSQ LKKIAPQYGFVLRFPD GK
SEQ2258	AEKLVKTY SQPAGASEHQTGLAMD MSTVDSL NESDPRVVSQ LKKIAPQYGFVLRFPD GK
SEQ2259	AEKLVKTY SQPAGASEHQTGLAMD MSTVDSL NESDPRVVSQ LKKIAPQYGFVLRFPD GK
SEQ2260	AEKLVKTY SQPAGASEHQTGLAMD MSTVDSL NESDPRVVSQ LKKIAPQYGFVLRFPD GK
SEQ2250	AETGVGYEDWHYRYVGVESAKYMKHHLTLEEYITLLKENNQ-----
SEQ2251	AETGVGYEDWHYRYVGVESAKYMAEHLTLEEYITLLKENNQ-----
SEQ2252	AETGVGYEDWHYRYVGVESAKYMAEHLTLEEYITLLKENNQ-----
SEQ2253	AETGVGYEDWHYRYVGVESAKYMAEHLTLEEYITLLKENNQ-----
SEQ2254	AETGVGYEDWHYRYVGVESAKYMAEHLTLEEYITLLKENNQ-----
SEQ2255	-----
SEQ2256	-----
SEQ2257	AETGVGYEDWHYRYVGVESAKYMAEHLTLEEYITLLKENNQ-----
SEQ2258	AETGVGYEDWHYRYVGVESAKYMAEHLTLEEYITLLKENNQ-----
SEQ2259	AETGVGYEDWHYRYVGVESAKYMAEHLTLEEYITLLKENNQ-----
SEQ2260	AETGVGYEDWHYRYVGVESAKYMAEHLTLEEYITLLKENNQ-----
SEQ2250	-----
SEQ2251	-----
SEQ2252	-----
SEQ2253	-----
SEQ2254	-----
SEQ2255	-----
SEQ2256	-----
SEQ2257	-----
SEQ2258	-----
SEQ2259	-----
SEQ2260	ENCESRELATINGTSAGDALANYLDALANINECARBXYPEPTIDASEFAMILYPRTEIN



**Table 23: Comparative Sequences relating to SAG0163  
(competence protein Cg1A)**

SEQ ID NO. 2301: SAG0163 FROM THE 090 GBS TYPE III STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)  
GGCAGTAGAAGTAAATGCTCAAGATATTTATATCATTTCCCAAAGGTGATTGTTATGAACTCTATATGCGTATTGATGATGAAAGGCG  
GTTTATTGATGTTTTTGTAGTTTAAATAGGATGGCTAGTCTTATTAGTCACITTTAAATTTGTGGCAGGCATGAACGTTGGAGAAAAAG  
ACGAAGTCAATTAGGTTCTTGTGACTATGAACTGTCAAGGGAAGACTGGTTTCATTACGACTATCGAGTGTGGGAGATTATCGTGG  
TCAAGAATCTTTAGTTATTCGTATTTTGTATTCAGGTCATCAGGACTTAAATATTTGGTTTGATAATATAAAGCAAATGAAGGAAGT  
ACTGGGTACAAGAGGGCTATATCTTTTTCCGGCCCTGTGGGGAGTGGTAAACAACTCTCATGTATCAATTAGCTTCAGAAGTATT  
TAAAAATAAGCAAATTATCAGATTTGAAGATCCGGTAGAATCAAGAATGACAAGATGTTACAACCTCCAATTGAATGAGGATATTGG  
AATGACTTATGATGCTTTAATCAAACCTGCTTTACGGCATCGTCCAGATATTTTAATTATCGGAGAGATTAGAGATCAAGCGACGGC  
CCGTGCTGTTATTCGTGCAAGTTTAAACGGGAGTGATGGTTTTTCTACTATTTCATGCTAAAAGTATTTCCGGAGTCTATGATAGGCT  
TATAGAATTAGGGTTAACTATCAAGAGTTAGAAAATAGTCTAAAATTAATAGCATATCAACGTTAATTGGAGGAGGAAGCCTAAT  
TGACTTTGAGACAGGTAACCTTTAAAAAACACTCATCAGACAAGTGAATAGACAAAGTGGATATCTTGGCTGAAGAAGGACATATCAG  
TAAGAAACAGGCACAAGTCGAAAAAATTATCCCTCAAGAAACAACGGAAAGTAGTCCAACITTT

SEQ ID NO. 2302: SAG0163 FROM THE 1169NT1 GBS TYPE V STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)  
GGTGATTGTTATGAAACCTCTACTATTGCGTATTGATGATGAAAGGCGGTTTATTGATGTTTTTGTAGTTTAAATAGGATGGCTAGTC  
TTATTAGTCACTTTAAATTTGTGGCAGGCATGAACGTTGGAGAAAAAGACGAAGTCAATTAGGTTCTTGTGACTATGAACTGTGTCAG  
AGGGAAGACTGGTTTCATTACGACTATCGAGTGTGGGAGATTATCGTGGTCAAGAATCTTTAGTTATTCTGATTTTTGTATTCAGGTC  
ATCAGGACTTAAAAATATTTGTTTGAATAATAAGCAAATGAAGGAAGTACTGGGTACAAGAGGGCTATATCTTTTTCCGGCCCTG  
TGGGGAGTGGTAAAAACAACCTCTCATGTATCAATTAGCTTCAGAAGTATTTAAAAATAAGCAAATTCACGATTGAAGATCCGGTAG  
AAATCAAGAATGACAAGATGTTACAACCTCCAATTGAATGAGGATATTGGAATGACTTATGATGCTTTAATCAAACCTGTCTTTACGGC  
ATCGTCCAGATATTTAATTATCGAGAGATTAGAGATCAAGCGACGGCTCGTGTCTGTTATTCTGTCAAGTTTAAACGGGAGTGATGG  
TTTTTCTACTATTATGCTTAAAGTATTCCCGAGTCTATGATAGGCTTATAGAATTAGGGTTAACTATCAAGAGTTAGAAAATA  
GTCATAAATTAATAGCATATCAACGTTTAAATTGGAGGAGGAAGCCTAATTGACTTTGAGACAAGTAACTTTAAAAAACACTCATCAG  
ACAAGTGGATAGACAAGTGGATATCTTGGCTGAAGAAGGATATATCAGTAAGAAACAGGCACAAGTCGAAAAAATTATCCCTCAAG  
AAACAACGGAAAGTAGTCCAACITTT

SEQ ID NO. 2303: SAG0163 FROM THE 18RS21 GBS TYPE II STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)  
GTTCAATCATTAGCAAAGCAAGTCATTCATCAGGCAGTAGAAGTAAATGCTCAAGATATTTATATCATTTCCCAAAGGTGATTGTTAT  
GAACCTCTATATGCGTATTGATGATGAAAGGCGGTTTATTGATGTTTTTGTAGTTTAAATAGGATGGCTAGTCTTATTAGTCACTTTAA  
TTTGTGGCAGGCATGAACGTTGGAGAAAAAGACGAAGTCAATTAGGTTCTTGTGACTATGAACTGTCAAGGGAAGACTGGTTTCA  
TTACGACTATCGAGTGTGGGAGATTATCGTGGTCAAGAATCTTTAGTTATTCTGATTTTTGTATTTCAGGTCATCAGGACTTAAATAT  
TGGTTTGATAATATAAAGCAAATGAAGGAAGTACTGGGTATAAGAGGGCTATATCTTTTTCCGGCCCTGTGGGGAGTGGTAAACA  
ACTCTCATGTATCAATTAGCTTCAGAAGTATTTAAAAATAAGCAAATTATCAGATTTGAAGATCCGGTAGAAATCAAGAATGACAAG  
ATGTTACAACCTCCAATTGAATGAGGATATTGGAATGACTTATGATGCTTTAATCAAACCTGCTTTACGGCATCGTCCAGATATTTTA  
ATTATCGGAGAGATTAGAGATCAAGCGACGGCCCGTGTGTTATTCTGTCAAGTTTAAACGGGAGTGATGGTTTTTCTACTATTTCAT  
GCTAAAAGTATTTCCGGAGTCTATGATAGGCTTATAGAATTAGGGTTAACTATCAAGAGTTAGAAAATAGTCTAAAATTAATAGCA  
TATCAACGTTTAAATTGGAGGAGGAAGCCTAATTGACTTTGAGACAGGTAATTTTAAAAAACACTCATCAGACAAGTGAATAGACAA  
TGCGATATCTTGGCTGAAGAAGGACATATCAGTAAGAAACAGGCACAAGTCGAAAAAATTATCCCTCAAGAAACAACGGAAAGTAGT  
CCAACITTT

SEQ ID NO. 2304: SAG0163 FROM THE 2603 V/R GBS TYPE V STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)  
GATATTTATATCATTTCCCAAAGGTGATTGTTATGAACTCTATATGCGTATTGATGATGAAAGGCGGTTTATTGATGTTTTTGTAGTTT  
AATAGGATGGCTAGTCTTATTAGTCACTTTAAATTTGTGGCAGGCATGAACGTTGGAGAAAAAGACGAAGTCAATTAGGTTCTTGT  
GACTATGAACTGTCAAGGGAAGACTGGTTTCATTACGACTATCGAGTGTGGGAGATTATCGTGGTCAAGAATCTTTAGTTATTCTGT  
ATTTTGTATTTCAGGTCATCAGGACTTAAAAATTTGGTTTGATAATATAAAGCAAATGAAGGAAGTACTGGGTATAAGAGGGCTATAT  
CTTTTTTCCGGCCCTGTGGGGAGTGGTAAAAACAACCTCTCATGTATCAATTAGCTTCAGAAGTATTTAAAAATAAGCAAATTATCAG  
ATTGAAGATCCGGTAGAATCAAGAATGACAAGATGTTACAACCTCCAATTGAATGAGGATATTGGAATGACTTATGATGCTTTAATC  
AAACTGTCTTTACGGCATCGTCCAGATATTTAATTATCGAGAGATTAGAGATCAAGCGACGGCCCGTGTCTGTTATTCTGTCAAGT  
TTAACGGGAGTGATGGTTTTTCTACTATTTCATGCTAAAAGTATTTCCGGAGTCTATGATAGGCTTATAGAATTAGGGTTAACTAT  
CAAGAGTTAGAAAATAGTCTAAAATTAATAGCATATCAACGTTTAAATTGGAGGAGGAAGCCTAATTGACTTTGAGACAGGTAATTTT  
AAAAAACACTCATCAGACAAGTGAATAGACAAGTGGATATCTTGGCTGAAGAAGGACATATCAGTAAGAAACAGGCACAAGTGGCGA  
AAAAATTATCCCTCAAGAAACAACGGAAAGTAGTCCAACITTT

**Table 23: Comparative Sequences relating to SAG0163  
(competence protein Cg1A)**

SEQ ID NO. 2305: SAG0163 FROM THE A909 GBS TYPE Ia STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)  
 GTTCAATCATTAGCAAAGCAAGTCATTATCAGGCAGTAGAAGTAAATGCTCAAGATATTTATATCATTCCCAAAGGTGATTGTTAT  
 GAACCTCTATATGCGTATTGATGATGAAAGGCGGTTTATTGATGTTTTAGTATTAATAGGATGGCTAGTCTTATTAGTCACITTTAA  
 TTTGTGGCAGGCATGAACGTTGGAGAAAAAGACGAAGTCAATTAGGTTCTGTGACTATGAACGTGCAGAGGGAAGACTGGTTTCA  
 TTACGACTATCGAGTGTGGGAGATTATCGTGGTCAAGAATCTTTAGTTATTGTTATTTGATTTCAGGTCATCAGGACTTAAATAT  
 TGGTTTGATAATATAAAGCAAATGAAGGAAGTACTGGGTATAAGAGGGCTATATCTTTTCCGGCCCTGTGGGGAGTGGTAAACA  
 ACTCTCATGTATCAATTAGCTTCAGAAGTATTTAAAAATAAGCAAATTATCAGGATTGAAGATCCGGTAGAAATCAAGAATGACAAG  
 ATGTTACAACCTCCAATTGAATGAGGATATTGGAATGACTTATGATGCTTTAATCAAACGTCTTTACGGCATCGTCCAGATATTTTA  
 ATTATCGGAGAGATTAGAGATCAAGCGACGGCCCGTGTGTTATTCGTGCAAGTTTAAACGGGAGTGATGGTTTTTCTACTATTTCAT  
 GCTAAAGTATTTCCGGAGTCTATGATAGGCTTATAGAATTAGGGGTTAACTATCAAGAGTTAGAAAAATAGTCTAAAAATTAATAGCA  
 TATCAACGTTTAAATTGGAGGAGGAAGCCTAATTGACTTTGAGACAGGTAATTTAAAAAACACTCATCAGACAAGTGAATAGACAA  
 GTGGATATCTTGGCTGAAGAAGGACATATCAGTAAGAAAACAGGCACAAGTCGAAAAAATTATCCCTCAAGAAACAACGGAAAGTAGT  
 CCAACTTTT

SEQ ID NO. 2306: SAG0163 FROM THE CJB110 GBS NONTYPEABLE STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)  
 GTTCAATCATTAGCAAAGCAAGTCATTATCAGGCAGTAGAAGTAAATGCTCAAGATATTTATATCATTCCCAAAGGTGATTGTTAT  
 GAACCTCTATATGCGTATTGATGATGAAAGGCGGTTTATTGATGTTTTAGTATTAATAGGATGGCTAGTCTTATTAGTCACITTTAA  
 TTTGTGGCAGGCATGAACGTTGGAGAAAAAGACGAAGTCAATTAGGTTCTGTGACTATGAACGTGCAGAGGGAAGACTGGTTTCA  
 TTACGACTATCGAGTGTGGGAGATTATCGTGGTCAAGAATCTTTAGTTATTGTTATTTGATTTCAGGTCATCAGGACTTAAATAT  
 TGGTTTGATAATATAAAGCAAATGAAGGAAGTACTGGGTACAAGAGGGCTATATCTTTTCCGGCCCTGTGGGGAGTGGTAAACA  
 ACTCTCATGTATCAATTAGCTTCAGAAGTATTTAAAAATAAGCAAATTATCAGGATTGAAGATCCGGTAGAAATCAAGAATGACAAG  
 ATGTTACAACCTCCAATTGAATGAGGATATTGGAATGACTTATGATGCTTTAATCAAACGTCTTTACGGCATCGTCCAGATATTTTA  
 ATTATCGGAGAGATTAGAGATCAAGCGACGGCCCGTGTGTTATTCGTGCAAGTTTAAACGGGAGTGATGGTTTTTCTACTATTTCAT  
 GCTAAAGTATTTCCGGAGTCTATGATAGGCTTATAGAATTAGGGGTTAACTATCAAGAGTTAGAAAAATAGTCTAAAAATTAATAGCA  
 TATCAACGTTTAAATTGGAGGAGGAAGCCTAATTGACTTTGAGACAGGTAATTTAAAAAACACTCATCAGACAAGTGAATAGACAA  
 GTGGATATCTTGGCTGAAGAAGGACATATCAGTAAGAAAACAGGCACAAGTCGAAAAAATTATCCCTCAAGAAACAACGGAAAGTAGT  
 CCAACTTTT

SEQ ID NO. 2307: SAG0163 FROM THE COH1 GBS TYPE III STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)  
 AGGTGATTGTTATGAAATTTCTATATGCGTATTGATGATGAAAGGCGGTTTATTGATGTTTTAGTATTAATAGGATGGCTAGTCTTA  
 TTAGTCACTTTTAAATTTGTGGCAGGCATGAACGTTGGAGAAAAAGACGAAGTCAATTAGGTTCTTTGTGACTATGAACGTGCAGAGG  
 GAAGACTGGTTTCATTACGACTATCAAGTGTGGGAGATTATCGTGGTCAAGAATCTTTAGTTATTTCGTACTTTGTATTTCAGGTCATC  
 AGGACTTAAAAATATTGGTTTGATAATATAAAGTAAATGAAGGAAGTACTGTGTGCAAGAGGGCTATATCTTTTCCGGCCCTGTGG  
 GGAGTGGTAAAAACACTCTCATGTATCAATTAGCTTCAGAAGTATTTAAAAATAAGCAAATTATCAGGATTGAAGATCCGGTAGAAAA  
 TCAAGAATGACAAGATGTTACAACCTCCAATTGAATGAGGATATTGGAATGACTTATGATGCTTTAATCAAACGTCTTTACGGCATC  
 GTCCAGATATTTTAAATTACGGAGAGATTAGAGATCAAGCGACGGCCCGTGTGTTATTCGTGCAAGTTTAAACGGGAGTAATGGTTT  
 TTTCTACTATTTCATGCTAAAAGTATTTCCCGAGTCTATGATAGGCTTATAGAATTAGGGGTTAACTATCAAGAGTTAGAAAAATAGTC  
 TAAAAATTAATAGCATATCAACGTTTAAATTGGAGGAGGAAGCCTAATTGACTTTGAGACAAGTAACTTTAAAAAACACTCATCAGACA  
 AGTGGAAATAGACAAGTGGATATCTTGGCTGAAGAAGGACATATCAGTAAGAAAACAGGCACAAGTCGAAAAAATTATCCCTCAAGAAA  
 CAACGGAAAGTAGTCCAACTTT

SEQ ID NO. 2308: SAG0163 FROM THE H36b GBS TYPE Ib STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)  
 TCATTAGCAAAGCAAGTCATTATCAGGCAGTAGAAGTAAATGCTCAAGATATTTATATCATTCCCAAAGGTGATTGTTATGAACCTC  
 TATATGCGTATTGATGATGAAAGGCGGTTTATTGATGTTTTAGTATTAATAGGATGGCTAGTCTTATTAGTCACITTTAAATTTGTG  
 GCAGGCATGAACGTTGGAGAAAAAGACGAAGTCAATTAGGTTCTGTGACTATGAACGTGCAGAGGGAAGACTGGTTTCATTACGA  
 CTATCGAGTGTGGGAGATTATCGTGGTCAAGAATCTTTAGTTATTGTTATTTGATTTCAGGTCATCAGGACTTAAAAATATTGGTTT  
 GATAATATAAAGCAAATGAAGGAAGTACTGGGTATAAGAGGGCTATATCTTTTCCGGCCCTGTGGGGAGTGGTAAAAACACTCTC  
 ATGTATCAATTAGCTTCAGAAGTATTTAAAAATAAGCAAATTATCAGGATTGAAGATCCGGTAGAAATCAAGAATGACAAGATGTTA  
 CAACCTCCAATTGAATGAGGATATTGGAATGACTTATGATGCTTTAATCAAACGTCTTTACGGCATCGTCCAGATATTTTAAATTATC  
 GGAGAGAAATAGAGATCAAGCGACGGCCCGTGTGTTATTCGTGCAAGTTTAAACGGGAGTGATGTTTTTCTACTATTTCATGCTAA  
 AAGTATTTCCGGAGTCTATGATAGGCTTATAGAATTAGGGGTTAACTATCAAGAGTTAGAAAAATAGTCTAAAAATTAATAGCATATCA  
 ACGTTTAAATTGGAGGAGGAAGCCTAATTGACTTTGAGACAGGTAATTTTAAAAAACACTCATCAGACAAGTGAATAGACAAGTGA  
 TATCTTGGCTGAAGAAGGACATATCAGTAAGAAAACAGGCACAAGTCGAAAAAATTATCCCTCAAGAAACAACGGAAAGTAGTCCAAC  
 TTTT

**Table 23: Comparative Sequences relating to SAG0163  
(competence protein Cg1A)**

SEQ ID NO. 2309: SAG0163 FROM THE JM9130013 GBS TYPE VIII STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)  
 GTTCAATCATATAGCAAAGCAAGTCATTATCAGGCAGTAGAAGTAAATGCTCAAGATATTTATATCATTCCCAAAGGTGATTGTTAT  
 GAACCTCTATATGCGTATTGATGATGAAAGGCGGTTTATTGATGTTTTTGTAGTTTAAATAGGATGGCTAGTCTTATTAGTCACTTTAAA  
 TTTGTGGCAGGCATGAACGTTGGAGAAAAAGACGAAGTCAATTAGGTTCTGTGACTATGAACTGTCAGAGGGAAGACTGGTTTCA  
 TTACGACTATCGAGTGTGGGAGATTATCGTGGTCAAGAATCTTTAGTTATTGCTATTTTGTATTTCAGGTCATCAGGACTTAAATAT  
 TGGTTTGATAATATAAAGCAAATGAAGGAAGTACTGGGTATAAGAGGGCTATATCTTTTTCCGGCCCTGTGGGGAGTGGTAAAACA  
 ACTCTCATGTATCAATTAGCTTCAGAAGTATTTAAAAATAAGCAAATTATCAGGATTGAAGATCCGGTAGAAATCAAGAATGACAAG  
 ATGTTACAACCTCCAATTGAATGAGGATATTGGAATGACTTATGATGCTTTAATCAAACCTGCTTTACGGCATCGTCCAGATATTTTA  
 ATTATCGGAGAGATTAGAGATCAAGCGACGGCCCGTGTGTTATTTCGTGCAAGTTTAAACGGGAGTGATGGTTTTTTCTACTATTCTAT  
 GCTAAAAGTATTTCCCGAGTCTATGATAGGCTTATAGAATTAGGGGTTAACTATCAAGAGTTAGAAAAATAGTCTAAAATTAATAGCA  
 TATCAACGTTTAAATTGGAGGAGGAAGCCTAATTGACTTTTGAGACAGGTAAATTTAAAAAACTCATCAGACAAGTGGAAATAGACAA  
 GTGGATATCTTGGCTGAAGAAGGACATATCAGTAAGAAACAGGCACAGTCGAAAAAATTATCCCTCAAGAAACAACGGAAAGTAGT  
 CCAACTTTT

SEQ ID NO. 2310: SAG0163 FROM THE M732 GBS TYPE III STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)  
 TGACTTGTATGAACTCTATATGCGTATTGATGATGAAAGGCGGTTTATTGATGTTTTTGTAGTTTAAATAGGATGGCTAGTCTTA  
 TTAGTCACTTTAAATTTGTGGCAGGCATGAACGTTGGAGAAAAAGACGAAGTCAATTAGGTTCTTGTGACTATGAACTGTCAGAGG  
 GAAGACTGGTTTCATTACGACTATCAAGTGTGGGAGATTATCGTGGTCAAGAATCTTTAGTTATTGCTACTTTGTATTTCAGGTCATC  
 AGGACTTAAATATTTGGTTTGATAATATAAAGTAAATGAAGGAAGTACTGTGTGCAAGAGGGCTATATCTTTTTTCCGGCCCTGTGG  
 GGAGTGGTAAAACAACCTCTCATGTATCAATTAGCTTCAGAAGTATTTAAAAATAAGCAAATTATCAGGATTGAAGATCCGGTAGAAA  
 TCAAGAATGACAAGATGTTACAACCTCCAATTGAATGAGGATATTGGAATGACTTATGATGCTTTAATCAAACCTGCTTTACGGCATC  
 GTCCAGATATTTAATTATCGGAGAGATTAGAGATCAAGCGACGGCCCGTGTGTTATTTCGTGCAAGTTTAAACGGGAGTAAATGGTTT  
 TTTCTACTATTATGCTAAAAGTATTTCCCGAGTCTATGATAGGCTTATAGAATTAGGGGTTAACTATCAAGAGTTAGAAAAATAGTC  
 TAAAATTAATAGCATATCAACGTTTAAATTGGAGGAGGAAGCCTAATTGACTTTGAGACAAGTAACTTTAAAAAACTCATCAGACA  
 AGTGGAAATAGACAAGTGGATATCTTGGCTGAAGAAGGACATATCAGTAAGAAACAGGCACAAGTCGAAAAAATTATCCCTCAAGAAA  
 CAACGGAAAGTAGTCCAACCTTT

SEQ ID NO. 2311: SAG0163 FROM THE M781 GBS TYPE III STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)  
 CAGTAGAAGTAAATGCTCAAGATATTTATATCATTCCCAAAGGTGATTGTTATGAATTCTATATGCGTATTGATGATGAAAGGCGGT  
 TTATTGATGTTTTTGTAGTTTAAATAGGATGGCTAGTCTTATTAGTCACTTTAAATTTGTGGCAGGCATGAACGTTGGAGAAAAAGAC  
 GAAGTCAATTAGGTTCTTGTGACTATGAACTGTCAAGGGGAAGACTGGTTTCATTACGACTATCAAGTGTGGGAGATTATCGTGGTC  
 AAGAACTTTAGTTATTGCTACTTTGTATTTCAGGTATCAGGACTTAAATATTGGTTTGATAATATAAAGCAAATGAAGGAAGTAC  
 TGTGTGCAAGAGGGCTATATCTTTTTTCCGGCCCTGTGGGGAGTGGTAAAACAACCTCTCATGTATCAATTAGCTTCAGAAGTATTTA  
 AAAATAAGCAAATTATCAGGATTGAAGATCCGGTAGAAATCAAGAATGACAAGATGTTACAACCTCCAATTGAATGAGGATATTGGAA  
 TGACTTATGATGCTTTAATCAAACCTGCTTTACGGCATCGTCCAGATATTTAATTATCGGAGAGATTAGAGATCAAGCGACGGCCC  
 GTGCTGTTATTTCGTGCAAGTTTAAACGGGAGTAAATGGTTTTTTCTACTATTATGCTAAAAGTATTTCCCGAGTCTATGATAGGCTTA  
 TAGAATTAGGGGTTAACTATCAAGAGTTAGAAAAATAGTCTAAAATTAATAGCATATCAACGTTTAAATTGGAGGAGGAAGCCTAATTG  
 ACTTTGAGACAAGTAACTTTAAAAAACTCATCAGACAAGTGGAAATAGACAAGTGGATATCTTGGCTGAAGAAGGACATATCAGTA  
 AGAAACAGGCACAAGTCGAAAAAATTATCCCTCAAGAAACAACGGAAAGTAGTCCAACCTTT

**Table 23: Comparative Sequences relating to SAG0163  
(competence protein Cg1A)**

SEQ2301	-----GGCAGTAGAAGTAAATGCTCAAGATATT
SEQ2302	-----
SEQ2303	TTCAATCATTAGCAAAGCAAGTCATTCATCAGGCAGTAGAAGTAAATGCTCAAGATATT
SEQ2304	-----GATATT
SEQ2305	TTCAATCATTAGCAAAGCAAGTCATTCATCAGGCAGTAGAAGTAAATGCTCAAGATATT
SEQ2306	TTCAATCATTAGCAAAGCAAGTCATTCATCAGGCAGTAGAAGTAAATGCTCAAGATATT
SEQ2307	-----
SEQ2308	-----TCATTAGCAAAGCAAGTCATTCATCAGGCAGTAGAAGTAAATGCTCAAGATATT
SEQ2309	TTCAATCATTAGCAAAGCAAGTCATTCATCAGGCAGTAGAAGTAAATGCTCAAGATATT
SEQ2310	-----
SEQ2311	-----CAGTAGAAGTAAATGCTCAAGATATT
SEQ2301	ATATCATTCCCAAAGGTGA-TTGTTATGAA-CTCTATA----TGCGTATT-GATGATGA
SEQ2302	-----GGTGA-TTGTTATGAA-ACCTCTACTATTGCGTATTTGATGATGA
SEQ2303	ATATCATTCCCAAAGGTGA-TTGTTATGAA-CTCTATA----TGCGTATT-GATGATGA
SEQ2304	ATATCATTCCCAAAGGTGA-TTGTTATGAA-CTCTATA----TGCGTATT-GATGATGA
SEQ2305	ATATCATTCCCAAAGGTGA-TTGTTATGAA-CTCTATA----TGCGTATT-GATGATGA
SEQ2306	ATATCATTCCCAAAGGTGA-TTGTTATGAA-CTCTATA----TGCGTATT-GATGATGA
SEQ2307	-----AGGTGA-TTGTTATGAAATCTATA----TGCGTATT-GATGATGA
SEQ2308	ATATCATTCCCAAAGGTGA-TTGTTATGAA-CTCTATA----TGCGTATT-GATGATGA
SEQ2309	ATATCATTCCCAAAGGTGA-TTGTTATGAA-CTCTATA----TGCGTATT-GATGATGA
SEQ2310	-----TGACTTGTTATGAACTCTATA----TGCGTATTTGATGATGA
SEQ2311	ATATCATTCCCAAAGGTGA-TTGTTATGAA-TTCTATA----TGCGTATT-GATGATGA
SEQ2301	AA-GGCGGTTTATTGATGTTTTTGAGTTTAATAGGATGGCTAGTCTTATTAGTCACTTTA
SEQ2302	AA-GGCGGTTTATTGATGTTTTTGAGTTTAATAGGATGGCTAGTCTTATTAGTCACTTTA
SEQ2303	AA-GGCGGTTTATTGATGTTTTTGAGTTTAATAGGATGGCTAGTCTTATTAGTCACTTTA
SEQ2304	AA-GGCGGTTTATTGATGTTTTTGAGTTTAATAGGATGGCTAGTCTTATTAGTCACTTTA
SEQ2305	AA-GGCGGTTTATTGATGTTTTTGAGTTTAATAGGATGGCTAGTCTTATTAGTCACTTTA
SEQ2306	AA-GGCGGTTTATTGATGTTTTTGAGTTTAATAGGATGGCTAGTCTTATTAGTCACTTTA
SEQ2307	AA-GGCGGTTTATTGATGTTTTTGAGTTTAATAGGATGGCTAGTCTTATTAGTCACTTTA
SEQ2308	AA-GGCGGTTTATTGATGTTTTTGAGTTTAATAGGATGGCTAGTCTTATTAGTCACTTTA
SEQ2309	AA-GGCGGTTTATTGATGTTTTTGAGTTTAATAGGATGGCTAGTCTTATTAGTCACTTTA
SEQ2310	AAAGGCGGTTTATTGATGTTTTTGAGTTTAATAGGATGGCTAGTCTTATTAGTCACTTTA
SEQ2311	AA-GGCGGTTTATTGATGTTTTTGAGTTTAATAGGATGGCTAGTCTTATTAGTCACTTTA
SEQ2301	AATTTGTGGCAGGCATGAACGTTGGAGAAAAAGACGAAGTCAATTAGGTTCTTGTGACT
SEQ2302	AATTTGTGGCAGGCATGAACGTTGGAGAAAAAGACGAAGTCAATTAGGTTCTTGTGACT
SEQ2303	AATTTGTGGCAGGCATGAACGTTGGAGAAAAAGACGAAGTCAATTAGGTTCTTGTGACT
SEQ2304	AATTTGTGGCAGGCATGAACGTTGGAGAAAAAGACGAAGTCAATTAGGTTCTTGTGACT
SEQ2305	AATTTGTGGCAGGCATGAACGTTGGAGAAAAAGACGAAGTCAATTAGGTTCTTGTGACT
SEQ2306	AATTTGTGGCAGGCATGAACGTTGGAGAAAAAGACGAAGTCAATTAGGTTCTTGTGACT
SEQ2307	AATTTGTGGCAGGCATGAACGTTGGAGAAAAAGACGAAGTCAATTAGGTTCTTGTGACT
SEQ2308	AATTTGTGGCAGGCATGAACGTTGGAGAAAAAGACGAAGTCAATTAGGTTCTTGTGACT
SEQ2309	AATTTGTGGCAGGCATGAACGTTGGAGAAAAAGACGAAGTCAATTAGGTTCTTGTGACT
SEQ2310	AATTTGTGGCAGGCATGAACGTTGGAGAAAAAGACGAAGTCAATTAGGTTCTTGTGACT
SEQ2311	AATTTGTGGCAGGCATGAACGTTGGAGAAAAAGACGAAGTCAATTAGGTTCTTGTGACT

**Table 23: Comparative Sequences relating to SAG0163  
(competence protein Cg1A)**

SEQ2301	ATGAACGTGT CAGAGGGAAGACTGGTTTCATTACGACTATCGAGTGTGGGAGATTATCGTG
SEQ2302	ATGAACGTGT CAGAGGGAAGACTGGTTTCATTACGACTATCGAGTGTGGGAGATTATCGTG
SEQ2303	ATGAACGTGT CAGAGGGAAGACTGGTTTCATTACGACTATCGAGTGTGGGAGATTATCGTG
SEQ2304	ATGAACGTGT CAGAGGGAAGACTGGTTTCATTACGACTATCGAGTGTGGGAGATTATCGTG
SEQ2305	ATGAACGTGT CAGAGGGAAGACTGGTTTCATTACGACTATCGAGTGTGGGAGATTATCGTG
SEQ2306	ATGAACGTGT CAGAGGGAAGACTGGTTTCATTACGACTATCGAGTGTGGGAGATTATCGTG
SEQ2307	ATGAACGTGT CAGAGGGAAGACTGGTTTCATTACGACTATCAAGTGTGGGAGATTATCGTG
SEQ2308	ATGAACGTGT CAGAGGGAAGACTGGTTTCATTACGACTATCGAGTGTGGGAGATTATCGTG
SEQ2309	ATGAACGTGT CAGAGGGAAGACTGGTTTCATTACGACTATCGAGTGTGGGAGATTATCGTG
SEQ2310	ATGAACGTGT CAGAGGGAAGACTGGTTTCATTACGACTATCAAGTGTGGGAGATTATCGTG
SEQ2311	ATGAACGTGT CAGAGGGAAGACTGGTTTCATTACGACTATCAAGTGTGGGAGATTATCGTG
SEQ2301	GTCAAGAATCTTTAGTTATTCGTATTTTGTATTTCAGGTCATCAGGACTTAAATATTGGT
SEQ2302	GTCAAGAATCTTTAGTTATTCGTATTTTGTATTTCAGGTCATCAGGACTTAAATATTGGT
SEQ2303	GTCAAGAATCTTTAGTTATTCGTATTTTGTATTTCAGGTCATCAGGACTTAAATATTGGT
SEQ2304	GTCAAGAATCTTTAGTTATTCGTATTTTGTATTTCAGGTCATCAGGACTTAAATATTGGT
SEQ2305	GTCAAGAATCTTTAGTTATTCGTATTTTGTATTTCAGGTCATCAGGACTTAAATATTGGT
SEQ2306	GTCAAGAATCTTTAGTTATTCGTATTTTGTATTTCAGGTCATCAGGACTTAAATATTGGT
SEQ2307	GTCAAGAATCTTTAGTTATTCGTATTTTGTATTTCAGGTCATCAGGACTTAAATATTGGT
SEQ2308	GTCAAGAATCTTTAGTTATTCGTATTTTGTATTTCAGGTCATCAGGACTTAAATATTGGT
SEQ2309	GTCAAGAATCTTTAGTTATTCGTATTTTGTATTTCAGGTCATCAGGACTTAAATATTGGT
SEQ2310	GTCAAGAATCTTTAGTTATTCGTATTTTGTATTTCAGGTCATCAGGACTTAAATATTGGT
SEQ2311	GTCAAGAATCTTTAGTTATTCGTATTTTGTATTTCAGGTCATCAGGACTTAAATATTGGT
SEQ2301	TTGATAATATAAAGCAAATGAAGGAAGTACTGGGTACAAGAGGGCTATATCTTTTTTCCG
SEQ2302	TTGATAATATAAAGCAAATGAAGGAAGTACTGGGTACAAGAGGGCTATATCTTTTTTCCG
SEQ2303	TTGATAATATAAAGCAAATGAAGGAAGTACTGGGTACAAGAGGGCTATATCTTTTTTCCG
SEQ2304	TTGATAATATAAAGCAAATGAAGGAAGTACTGGGTACAAGAGGGCTATATCTTTTTTCCG
SEQ2305	TTGATAATATAAAGCAAATGAAGGAAGTACTGGGTACAAGAGGGCTATATCTTTTTTCCG
SEQ2306	TTGATAATATAAAGCAAATGAAGGAAGTACTGGGTACAAGAGGGCTATATCTTTTTTCCG
SEQ2307	TTGATAATATAAAGCAAATGAAGGAAGTACTGGGTACAAGAGGGCTATATCTTTTTTCCG
SEQ2308	TTGATAATATAAAGCAAATGAAGGAAGTACTGGGTACAAGAGGGCTATATCTTTTTTCCG
SEQ2309	TTGATAATATAAAGCAAATGAAGGAAGTACTGGGTACAAGAGGGCTATATCTTTTTTCCG
SEQ2310	TTGATAATATAAAGCAAATGAAGGAAGTACTGGGTACAAGAGGGCTATATCTTTTTTCCG
SEQ2311	TTGATAATATAAAGCAAATGAAGGAAGTACTGGGTACAAGAGGGCTATATCTTTTTTCCG
SEQ2301	GCCCTGTGGGAGTGGTAAAACAACTCTCATGTATCAATTAGCTTCAGAAGTATTTAAAA
SEQ2302	GCCCTGTGGGAGTGGTAAAACAACTCTCATGTATCAATTAGCTTCAGAAGTATTTAAAA
SEQ2303	GCCCTGTGGGAGTGGTAAAACAACTCTCATGTATCAATTAGCTTCAGAAGTATTTAAAA
SEQ2304	GCCCTGTGGGAGTGGTAAAACAACTCTCATGTATCAATTAGCTTCAGAAGTATTTAAAA
SEQ2305	GCCCTGTGGGAGTGGTAAAACAACTCTCATGTATCAATTAGCTTCAGAAGTATTTAAAA
SEQ2306	GCCCTGTGGGAGTGGTAAAACAACTCTCATGTATCAATTAGCTTCAGAAGTATTTAAAA
SEQ2307	GCCCTGTGGGAGTGGTAAAACAACTCTCATGTATCAATTAGCTTCAGAAGTATTTAAAA
SEQ2308	GCCCTGTGGGAGTGGTAAAACAACTCTCATGTATCAATTAGCTTCAGAAGTATTTAAAA
SEQ2309	GCCCTGTGGGAGTGGTAAAACAACTCTCATGTATCAATTAGCTTCAGAAGTATTTAAAA
SEQ2310	GCCCTGTGGGAGTGGTAAAACAACTCTCATGTATCAATTAGCTTCAGAAGTATTTAAAA
SEQ2311	GCCCTGTGGGAGTGGTAAAACAACTCTCATGTATCAATTAGCTTCAGAAGTATTTAAAA

**Table 23: Comparative Sequences relating to SAG0163  
(competence protein Cg1A)**

SEQ2301	ATAAGCAAATTATCAGGATTGAAGATCCGGTAGAAATCAAGAATGACAAGATGTTACAAC
SEQ2302	ATAAGCAAATTATCAGGATTGAAGATCCGGTAGAAATCAAGAATGACAAGATGTTACAAC
SEQ2303	ATAAGCAAATTATCAGGATTGAAGATCCGGTAGAAATCAAGAATGACAAGATGTTACAAC
SEQ2304	ATAAGCAAATTATCAGGATTGAAGATCCGGTAGAAATCAAGAATGACAAGATGTTACAAC
SEQ2305	ATAAGCAAATTATCAGGATTGAAGATCCGGTAGAAATCAAGAATGACAAGATGTTACAAC
SEQ2306	ATAAGCAAATTATCAGGATTGAAGATCCGGTAGAAATCAAGAATGACAAGATGTTACAAC
SEQ2307	ATAAGCAAATTATCAGGATTGAAGATCCGGTAGAAATCAAGAATGACAAGATGTTACAAC
SEQ2308	ATAAGCAAATTATCAGGATTGAAGATCCGGTAGAAATCAAGAATGACAAGATGTTACAAC
SEQ2309	ATAAGCAAATTATCAGGATTGAAGATCCGGTAGAAATCAAGAATGACAAGATGTTACAAC
SEQ2310	ATAAGCAAATTATCAGGATTGAAGATCCGGTAGAAATCAAGAATGACAAGATGTTACAAC
SEQ2311	ATAAGCAAATTATCAGGATTGAAGATCCGGTAGAAATCAAGAATGACAAGATGTTACAAC
SEQ2301	TCCAATTGAATGAGGATATTGGAATGACTTATGATGCTTTAATCAAACGTCTTTACGGC
SEQ2302	TCCAATTGAATGAGGATATTGGAATGACTTATGATGCTTTAATCAAACGTCTTTACGGC
SEQ2303	TCCAATTGAATGAGGATATTGGAATGACTTATGATGCTTTAATCAAACGTCTTTACGGC
SEQ2304	TCCAATTGAATGAGGATATTGGAATGACTTATGATGCTTTAATCAAACGTCTTTACGGC
SEQ2305	TCCAATTGAATGAGGATATTGGAATGACTTATGATGCTTTAATCAAACGTCTTTACGGC
SEQ2306	TCCAATTGAATGAGGATATTGGAATGACTTATGATGCTTTAATCAAACGTCTTTACGGC
SEQ2307	TCCAATTGAATGAGGATATTGGAATGACTTATGATGCTTTAATCAAACGTCTTTACGGC
SEQ2308	TCCAATTGAATGAGGATATTGGAATGACTTATGATGCTTTAATCAAACGTCTTTACGGC
SEQ2309	TCCAATTGAATGAGGATATTGGAATGACTTATGATGCTTTAATCAAACGTCTTTACGGC
SEQ2310	TCCAATTGAATGAGGATATTGGAATGACTTATGATGCTTTAATCAAACGTCTTTACGGC
SEQ2311	TCCAATTGAATGAGGATATTGGAATGACTTATGATGCTTTAATCAAACGTCTTTACGGC
SEQ2301	ATCGTCCAGATATTTTAATTATCGGAGAGAT-TAGAGATCAAGCGACGGCCCGTGTGTT
SEQ2302	ATCGTCCAGATATTTTAATTATCGGAGAGAT-TAGAGATCAAGCGACGGCCCGTGTGTT
SEQ2303	ATCGTCCAGATATTTTAATTATCGGAGAGAT-TAGAGATCAAGCGACGGCCCGTGTGTT
SEQ2304	ATCGTCCAGATATTTTAATTATCGGAGAGAT-TAGAGATCAAGCGACGGCCCGTGTGTT
SEQ2305	ATCGTCCAGATATTTTAATTATCGGAGAGAT-TAGAGATCAAGCGACGGCCCGTGTGTT
SEQ2306	ATCGTCCAGATATTTTAATTATCGGAGAGAT-TAGAGATCAAGCGACGGCCCGTGTGTT
SEQ2307	ATCGTCCAGATATTTTAATTATCGGAGAGAT-TAGAGATCAAGCGACGGCCCGTGTGTT
SEQ2308	ATCGTCCAGATATTTTAATTATCGGAGAGAT-TAGAGATCAAGCGACGGCCCGTGTGTT
SEQ2309	ATCGTCCAGATATTTTAATTATCGGAGAGAT-TAGAGATCAAGCGACGGCCCGTGTGTT
SEQ2310	ATCGTCCAGATATTTTAATTATCGGAGAGAT-TAGAGATCAAGCGACGGCCCGTGTGTT
SEQ2311	ATCGTCCAGATATTTTAATTATCGGAGAGAT-TAGAGATCAAGCGACGGCCCGTGTGTT
SEQ2301	ATTCGTGCAAGTTTAAACGGGAGTGATGGTTTTTTTCTACTATTTCATGCTAAAAGTATTCC
SEQ2302	ATTCGTGCAAGTTTAAACGGGAGTGATGGTTTTTTTCTACTATTTCATGCTAAAAGTATTCC
SEQ2303	ATTCGTGCAAGTTTAAACGGGAGTGATGGTTTTTTTCTACTATTTCATGCTAAAAGTATTCC
SEQ2304	ATTCGTGCAAGTTTAAACGGGAGTGATGGTTTTTTTCTACTATTTCATGCTAAAAGTATTCC
SEQ2305	ATTCGTGCAAGTTTAAACGGGAGTGATGGTTTTTTTCTACTATTTCATGCTAAAAGTATTCC
SEQ2306	ATTCGTGCAAGTTTAAACGGGAGTGATGGTTTTTTTCTACTATTTCATGCTAAAAGTATTCC
SEQ2307	ATTCGTGCAAGTTTAAACGGGAGTGATGGTTTTTTTCTACTATTTCATGCTAAAAGTATTCC
SEQ2308	ATTCGTGCAAGTTTAAACGGGAGTGATGGTTTTTTTCTACTATTTCATGCTAAAAGTATTCC
SEQ2309	ATTCGTGCAAGTTTAAACGGGAGTGATGGTTTTTTTCTACTATTTCATGCTAAAAGTATTCC
SEQ2310	ATTCGTGCAAGTTTAAACGGGAGTGATGGTTTTTTTCTACTATTTCATGCTAAAAGTATTCC
SEQ2311	ATTCGTGCAAGTTTAAACGGGAGTGATGGTTTTTTTCTACTATTTCATGCTAAAAGTATTCC
SEQ2301	GGAGTCTATGATAGGCTTATAGAATTAGGGGTTAACTATCAAGAGTTAGAAAATAGTCTA
SEQ2302	GGAGTCTATGATAGGCTTATAGAATTAGGGGTTAACTATCAAGAGTTAGAAAATAGTCTA
SEQ2303	GGAGTCTATGATAGGCTTATAGAATTAGGGGTTAACTATCAAGAGTTAGAAAATAGTCTA
SEQ2304	GGAGTCTATGATAGGCTTATAGAATTAGGGGTTAACTATCAAGAGTTAGAAAATAGTCTA
SEQ2305	GGAGTCTATGATAGGCTTATAGAATTAGGGGTTAACTATCAAGAGTTAGAAAATAGTCTA
SEQ2306	GGAGTCTATGATAGGCTTATAGAATTAGGGGTTAACTATCAAGAGTTAGAAAATAGTCTA
SEQ2307	GGAGTCTATGATAGGCTTATAGAATTAGGGGTTAACTATCAAGAGTTAGAAAATAGTCTA
SEQ2308	GGAGTCTATGATAGGCTTATAGAATTAGGGGTTAACTATCAAGAGTTAGAAAATAGTCTA
SEQ2309	GGAGTCTATGATAGGCTTATAGAATTAGGGGTTAACTATCAAGAGTTAGAAAATAGTCTA
SEQ2310	GGAGTCTATGATAGGCTTATAGAATTAGGGGTTAACTATCAAGAGTTAGAAAATAGTCTA
SEQ2311	GGAGTCTATGATAGGCTTATAGAATTAGGGGTTAACTATCAAGAGTTAGAAAATAGTCTA
SEQ2301	AAATTAATAGCATATCAACGTTTAAATGGAGGAGGAAGCCTAATTGACTTTGAGACAGGT
SEQ2302	AAATTAATAGCATATCAACGTTTAAATGGAGGAGGAAGCCTAATTGACTTTGAGACAGGT
SEQ2303	AAATTAATAGCATATCAACGTTTAAATGGAGGAGGAAGCCTAATTGACTTTGAGACAGGT
SEQ2304	AAATTAATAGCATATCAACGTTTAAATGGAGGAGGAAGCCTAATTGACTTTGAGACAGGT
SEQ2305	AAATTAATAGCATATCAACGTTTAAATGGAGGAGGAAGCCTAATTGACTTTGAGACAGGT
SEQ2306	AAATTAATAGCATATCAACGTTTAAATGGAGGAGGAAGCCTAATTGACTTTGAGACAGGT
SEQ2307	AAATTAATAGCATATCAACGTTTAAATGGAGGAGGAAGCCTAATTGACTTTGAGACAGGT

**Table 23: Comparative Sequences relating to SAG0163  
(competence protein Cg1A)**

SEQ2308	AAATTAATAGCATATCAACGTTTAATTGGAGGAGGAAGCCTAATTGACTTTGAGACAGGT
SEQ2309	AAATTAATAGCATATCAACGTTTAATTGGAGGAGGAAGCCTAATTGACTTTGAGACAGGT
SEQ2310	AAATTAATAGCATATCAACGTTTAATTGGAGGAGGAAGCCTAATTGACTTTGAGACAAGT
SEQ2311	AAATTAATAGCATATCAACGTTTAATTGGAGGAGGAAGCCTAATTGACTTTGAGACAAGT
SEQ2301	AACTTTAAAAAACA CT CATCAGACAAGTGGAA TAGACAAGTGGATATCTTGGCTGAAGAA
SEQ2302	AACTTTAAAAAACA CT CATCAGACAAGTGGAA TAGACAAGTGGATATCTTGGCTGAAGAA
SEQ2303	AACTTTAAAAAACA CT CATCAGACAAGTGGAA TAGACAAGTGGATATCTTGGCTGAAGAA
SEQ2304	AACTTTAAAAAACA CT CATCAGACAAGTGGAA TAGACAAGTGGATATCTTGGCTGAAGAA
SEQ2305	AACTTTAAAAAACA CT CATCAGACAAGTGGAA TAGACAAGTGGATATCTTGGCTGAAGAA
SEQ2306	AACTTTAAAAAACA CT CATCAGACAAGTGGAA TAGACAAGTGGATATCTTGGCTGAAGAA
SEQ2307	AACTTTAAAAAACA CT CATCAGACAAGTGGAA TAGACAAGTGGATATCTTGGCTGAAGAA
SEQ2308	AACTTTAAAAAACA CT CATCAGACAAGTGGAA TAGACAAGTGGATATCTTGGCTGAAGAA
SEQ2309	AACTTTAAAAAACA CT CATCAGACAAGTGGAA TAGACAAGTGGATATCTTGGCTGAAGAA
SEQ2310	AACTTTAAAAAACA CT CATCAGACAAGTGGAA TAGACAAGTGGATATCTTGGCTGAAGAA
SEQ2311	AACTTTAAAAAACA CT CATCAGACAAGTGGAA TAGACAAGTGGATATCTTGGCTGAAGAA
SEQ2301	GGACATATCAGTAAGAAACAGGCACAAGT - CGAAAAAATTATCCCTCAAGAAACAACCGGA
SEQ2302	GGATATATCAGTAAGAAACAGGCACAAGT - CGAAAAAATTATCCCTCAAGAAACAACCGGA
SEQ2303	GGACATATCAGTAAGAAACAGGCACAAGT - CGAAAAAATTATCCCTCAAGAAACAACCGGA
SEQ2304	GGACATATCAGTAAGAAACAGGCACAAGT - CGAAAAAATTATCCCTCAAGAAACAACCGGA
SEQ2305	GGACATATCAGTAAGAAACAGGCACAAGT - CGAAAAAATTATCCCTCAAGAAACAACCGGA
SEQ2306	GGACATATCAGTAAGAAACAGGCACAAGT - CGAAAAAATTATCCCTCAAGAAACAACCGGA
SEQ2307	GGACATATCAGTAAGAAACAGGCACAAGT - CGAAAAAATTATCCCTCAAGAAACAACCGGA
SEQ2308	GGACATATCAGTAAGAAACAGGCACAAGT - CGAAAAAATTATCCCTCAAGAAACAACCGGA
SEQ2309	GGACATATCAGTAAGAAACAGGCACAAGT - CGAAAAAATTATCCCTCAAGAAACAACCGGA
SEQ2310	GGACATATCAGTAAGAAACAGGCACAAGT - CGAAAAAATTATCCCTCAAGAAACAACCGGA
SEQ2311	GGACATATCAGTAAGAAACAGGCACAAGT - CGAAAAAATTATCCCTCAAGAAACAACCGGA
SEQ2301	AAGTAGTCCAAC TTT-----
SEQ2302	AAGTAGTCCAAC TTT-----
SEQ2303	AAGTAGTCCAAC TTT-----
SEQ2304	AAGTAGTCCAAC TTT-----
SEQ2305	AAGTAGTCCAAC TTT-----
SEQ2306	AAGTAGTCCAAC TTT-----
SEQ2307	AAGTAGTCCAAC TTT-----
SEQ2308	AAGTAGTCCAAC TTT-----
SEQ2309	AAGTAGTCCAAC TTT-----
SEQ2310	AAGTAGTCCAAC TTT-----
SEQ2311	AAGTAGTCCAAC TTT-----

>SEQ ID NO 2350:63\_090 frame: 2

AVEVNAQDIYIIPKGDYELMYRIDDERRFIDVFEFNRMASLISHFKFVAGMNVGEKRRS  
QLGSCDYELSEGRVLSRLSSVGDYRGQESLVIRILYSGHQDLKYWFDNLIKQKQVEVLGTR  
GLYLFSGPVGSGKTTLMYQLASEVFNKQIITIEDPVEIKNDKMLQLQNLNEDIGMTYDAL  
IKLSLRHRPDILIIIGEIRDQATARAVIRASLTGVMVFSTIHAKSISGVYDRLIELGVNYQ  
ELENSLKLIAQRLIGGSLIDFETGNFKHSSDKWNRQVDILAEEGHISKQAQVEKII  
PQETTESPTF

>SEQ ID NO 2351:63\_1169NT frame: 3

.LL.NLYYCVFDDERRFIDVFEFNRMASLISHFKFVAGMNVGEKRRS  
QLGSCDYELSEGRVLSRLSSVGDYRGQESLVIRILYSGHQDLKYWFDNLIKQKQVEVLGTRGLYLFSGPVGSGK  
TTLMYQLASEVFNKQIITIEDPVEIKNDKMLQLQNLNEDIGMTYDALIKLSLRHRPDILII  
IGEIRDQATARAVIRASLTGVMVFSTIHAKSISGVYDRLIELGVNYQ  
ELENSLKLIAQRLIGGSLIDFETSNFKHSSDKWNRQVDILAEEGYISKQAQVEKIIPQETTESPTF

>SEQ ID NO 2352:63\_18RS21 frame: 1

VQSLAKQVIHQAVEVNAQDIYIIPKGDYELMYRIDDERRFIDVFEFNRMASLISHFKFV  
AGMNVGEKRRS  
QLGSCDYELSEGRVLSRLSSVGDYRGQESLVIRILYSGHQDLKYWFDN  
IKQKQVEVLGTRGLYLFSGPVGSGKTTLMYQLASEVFNKQIITIEDPVEIKNDKMLQLQ  
NLNEDIGMTYDALIKLSLRHRPDILIIIGEIRDQATARAVIRASLTGVMVFSTIHAKSIPGVY  
DRLIELGVNYQ  
ELENSLKLIAQRLIGGSLIDFETGNFKHSSDKWNRQVDILAEEGHISKQAQVEKII  
PQETTESPTF

>SEQ ID NO 2353: 63\_2603 frame: 1

DYIIPKGDYELMYRIDDERRFIDVFEFNRMASLISHFKFVAGMNVGEKRRS  
QLGSCDYELSEGRVLSRLSSVGDYRGQESLVIRILYSGHQDLKYWFDNLIKQKQVEVLGTRGLYLFSG

**Table 23: Comparative Sequences relating to SAG0163  
(competence protein Cg1A)**

PVGSCKTTLMYQLASEVFNKQIITIEDPVEIKNDKMLQLQLNEDIGMTYDALIKLSLRH  
RPDILIGEIRDQATARAVIRASLTGVMVFSTIHAKSIPGVYDRLIELGVNYQELENLKL  
LIAYQRLIGGSLIDFETGNFKKHSSDKWNRQVDILAEEGHI SKKQAQVRKNYPSRNNGK  
.SNF

>SEQ ID NO 2354:63\_A909 frame: 1

VQSLAKQVIHQAVEVNAQDIYIIPKGD CYELMYRIDDERRFIDVFEFNRMASLISHFKFV  
AGMNVGEKRRSQLGSCDYELSEGRLVSLRLSSVGDYRGQESLVIRILYSGHQDLKYWFDN  
IKQMKVLTGIRGLYLFSGPVGSGKTTLMYQLASEVFNKQIITIEDPVEIKNDKMLQLQL  
NEDIGMTYDALIKLSLRHRPDILIGEIRDQATARAVIRASLTGVMVFSTIHAKSIPGVY  
DRLIELGVNYQELENLKL LIAYQRLIGGSLIDFETGNFKKHSSDKWNRQVDILAEEGHI  
SKKQAQVEKIIPQETTESPTF

>SEQ ID NO 2355:63\_CJB110 frame: 1

VQSLAKQVIHQAVEVNAQDIYIIPKGD CYELMYRIDDERRFIDVFEFNRMASLISHFKFV  
AGMNVGEKRRSQLGSCDYELSEGRLVSLRLSSVGDYRGQESLVIRILYSGHQDLKYWFDN  
IKQMKVLTGIRGLYLFSGPVGSGKTTLMYQLASEVFNKQIITIEDPVEIKNDKMLQLQL  
NEDIGMTYDALIKLSLRHRPDILIGEIRDQATARAVIRASLTGVMVFSTIHAKSISGVY  
DRLIELGVNYQELENLKL LIAYQRLIGGSLIDFETGNFKKHSSDKWNRQVDILAEEGHI  
SKKQAQVEKIIPQETTESPTF

>SEQ ID NO 2356:63\_CJB110 frame: 1

VQSLAKQVIHQAVEVNAQDIYIIPKGD CYELMYRIDDERRFIDVFEFNRMASLISHFKFV  
AGMNVGEKRRSQLGSCDYELSEGRLVSLRLSSVGDYRGQESLVIRILYSGHQDLKYWFDN  
IKQMKVLTGIRGLYLFSGPVGSGKTTLMYQLASEVFNKQIITIEDPVEIKNDKMLQLQL  
NEDIGMTYDALIKLSLRHRPDILIGEIRDQATARAVIRASLTGVMVFSTIHAKSISGVY  
DRLIELGVNYQELENLKL LIAYQRLIGGSLIDFETGNFKKHSSDKWNRQVDILAEEGHI  
SKKQAQVEKIIPQETTESPTF

>SEQ ID NO 2357: 63\_H36B frame: 1

SLAKQVIHQAVEVNAQDIYIIPKGD CYELMYRIDDERRFIDVFEFNRMASLISHFKFVAG  
MNVGEKRRSQLGSCDYELSEGRLVSLRLSSVGDYRGQESLVIRILYSGHQDLKYWFDNIK  
QMKVLTGIRGLYLFSGPVGSGKTTLMYQLASEVFNKQIITIEDPVEIKNDKMLQLQLNE  
DIGMTYDALIKLSLRHRPDILIGE

>SEQ ID NO 2358:63\_JM9130013 frame: 1

VQSLAKQVIHQAVEVNAQDIYIIPKGD CYELMYRIDDERRFIDVFEFNRMASLISHFKFV  
AGMNVGEKRRSQLGSCDYELSEGRLVSLRLSSVGDYRGQESLVIRILYSGHQDLKYWFDN  
IKQMKVLTGIRGLYLFSGPVGSGKTTLMYQLASEVFNKQIITIEDPVEIKNDKMLQLQL  
NEDIGMTYDALIKLSLRHRPDILIGEIRDQATARAVIRASLTGVMVFSTIHAKSIPGVY  
DRLIELGVNYQELENLKL LIAYQRLIGGSLIDFETGNFKKHSSDKWNRQVDILAEEGHI  
SKKQAQVEKIIPQETTESPTF

>SEQ ID NO 2359:63\_M732 frame: 3

TCYETLYAYLMMKRRFIDVFEFNRMASLISHFKFVAGMNVGEKRRSQLGSCDYELSEGRL  
VSLRLSSVGDYRGQESLVIRILYSGHQDLKYWFDNIK.MKEVLCARGLYLFSGPVGSGKT  
TLMYQLASEVFNKQIITIEDPVEIKNDKMLQLQLNEDIGMTYDALIKLSLRHRPDILII  
GEIRDQATARAVIRASLTGVMVFSTIHAKSIPGVYDRLIELGVNYQELENLKL LIAYQRL  
IGGSLIDFETS NFKKHSSDKWNRQVDILAEEGHI SKKQAQVEKIIPQETTESPTF

>SEQ ID NO 2360:63\_M781 frame: 3

VEVNAQDIYIIPKGD CYEFYMRIDDERRFIDVFEFNRMASLISHFKFVAGMNVGEKRRSQ  
LGSCDYELSEGRLVSLRLSSVGDYRGQESLVIRILYSGHQDLKYWFDNIKQMKVLTGIRGL  
LYLFSGPVGSGKTTLMYQLASEVFNKQIITIEDPVEIKNDKMLQLQLNEDIGMTYDALI  
KLSLRHRPDILIGEIRDQATARAVIRASLTGVMVFSTIHAKSIPGVYDRLIELGVNYQE  
LENSLKL LIAYQRLIGGSLIDFETS NFKKHSSDKWNRQVDILAEEGHI SKKQAQVEKIIP  
QETTESPTF

>SEQ ID NO 2361:63\_COH1 frame: 3

VIVMKFYMRIDDERRFIDVFEFNRMASLISHFKFVAGMNVGEKRRSQLGSCDYELSEGRL  
VSLRLSSVGDYRGQESLVIRILYSGHQDLKYWFDNIK



**Table 23: Comparative Sequences relating to SAG0163  
(competence protein Cg1A)**

SEQ2350	-----AVEVNAQDIYIIIPKGDCELYMRIDDERRFIDVFEFNRMASLISHFKFV
SEQ2351	-----LLNLYYCVFDDERRFIDVFEFNRMASLISHFKFV
SEQ2352	QSLAKQVIHQAVEVNAQDIYIIIPKGDCELYMRIDDERRFIDVFEFNRMASLISHFKFV
SEQ2353	-----DIYIIPKGDCELYMRIDDERRFIDVFEFNRMASLISHFKFV
SEQ2354	QSLAKQVIHQAVEVNAQDIYIIIPKGDCELYMRIDDERRFIDVFEFNRMASLISHFKFV
SEQ2355	QSLAKQVIHQAVEVNAQDIYIIIPKGDCELYMRIDDERRFIDVFEFNRMASLISHFKFV
SEQ2356	QSLAKQVIHQAVEVNAQDIYIIIPKGDCELYMRIDDERRFIDVFEFNRMASLISHFKFV
SEQ2357	-SLAKQVIHQAVEVNAQDIYIIIPKGDCELYMRIDDERRFIDVFEFNRMASLISHFKFV
SEQ2358	QSLAKQVIHQAVEVNAQDIYIIIPKGDCELYMRIDDERRFIDVFEFNRMASLISHFKFV
SEQ2359	-----TCYETLYAYLMMKRRFIDVFEFNRMASLISHFKFV
SEQ2360	-----VEVNAQDIYIIIPKGDCELYMRIDDERRFIDVFEFNRMASLISHFKFV
SEQ2361	-----VIVMKFYMRIDDERRFIDVFEFNRMASLISHFKFV
SEQ2350	AGMNVGEKRRSQLGSCDYELSEGRLVSLRLSSVGDYRGQESLVIRILYSGHQDLKYWFDN
SEQ2351	AGMNVGEKRRSQLGSCDYELSEGRLVSLRLSSVGDYRGQESLVIRILYSGHQDLKYWFDN
SEQ2352	AGMNVGEKRRSQLGSCDYELSEGRLVSLRLSSVGDYRGQESLVIRILYSGHQDLKYWFDN
SEQ2353	AGMNVGEKRRSQLGSCDYELSEGRLVSLRLSSVGDYRGQESLVIRILYSGHQDLKYWFDN
SEQ2354	AGMNVGEKRRSQLGSCDYELSEGRLVSLRLSSVGDYRGQESLVIRILYSGHQDLKYWFDN
SEQ2355	AGMNVGEKRRSQLGSCDYELSEGRLVSLRLSSVGDYRGQESLVIRILYSGHQDLKYWFDN
SEQ2356	AGMNVGEKRRSQLGSCDYELSEGRLVSLRLSSVGDYRGQESLVIRILYSGHQDLKYWFDN
SEQ2357	AGMNVGEKRRSQLGSCDYELSEGRLVSLRLSSVGDYRGQESLVIRILYSGHQDLKYWFDN
SEQ2358	AGMNVGEKRRSQLGSCDYELSEGRLVSLRLSSVGDYRGQESLVIRILYSGHQDLKYWFDN
SEQ2359	AGMNVGEKRRSQLGSCDYELSEGRLVSLRLSSVGDYRGQESLVIRILYSGHQDLKYWFDN
SEQ2360	AGMNVGEKRRSQLGSCDYELSEGRLVSLRLSSVGDYRGQESLVIRILYSGHQDLKYWFDN
SEQ2361	AGMNVGEKRRSQLGSCDYELSEGRLVSLRLSSVGDYRGQESLVIRILYSGHQDLKYWFDN
SEQ2350	IKQMKEVLGTRGLYLFSGPVGSGKTTLMYQLASEVFNKQIITIEDPVEIKNDKMLQLQL
SEQ2351	IKQMKEVLGTRGLYLFSGPVGSGKTTLMYQLASEVFNKQIITIEDPVEIKNDKMLQLQL
SEQ2352	IKQMKEVLGTRGLYLFSGPVGSGKTTLMYQLASEVFNKQIITIEDPVEIKNDKMLQLQL
SEQ2353	IKQMKEVLGTRGLYLFSGPVGSGKTTLMYQLASEVFNKQIITIEDPVEIKNDKMLQLQL
SEQ2354	IKQMKEVLGTRGLYLFSGPVGSGKTTLMYQLASEVFNKQIITIEDPVEIKNDKMLQLQL
SEQ2355	IKQMKEVLGTRGLYLFSGPVGSGKTTLMYQLASEVFNKQIITIEDPVEIKNDKMLQLQL
SEQ2356	IKQMKEVLGTRGLYLFSGPVGSGKTTLMYQLASEVFNKQIITIEDPVEIKNDKMLQLQL
SEQ2357	IKQMKEVLGTRGLYLFSGPVGSGKTTLMYQLASEVFNKQIITIEDPVEIKNDKMLQLQL
SEQ2358	IKQMKEVLGTRGLYLFSGPVGSGKTTLMYQLASEVFNKQIITIEDPVEIKNDKMLQLQL
SEQ2359	IK-MKEVLCARGLYLFSGPVGSGKTTLMYQLASEVFNKQIITIEDPVEIKNDKMLQLQL
SEQ2360	IKQMKEVLCARGLYLFSGPVGSGKTTLMYQLASEVFNKQIITIEDPVEIKNDKMLQLQL
SEQ2361	IK-----
SEQ2350	EDIGMTYDALIKLSLRHRPDILIIIGEIRDQATARAVIRASLTGVMVFSTTHAKSISGVY
SEQ2351	EDIGMTYDALIKLSLRHRPDILIIIGEIRDQATARAVIRASLTGVMVFSTTHAKSIPGVY
SEQ2352	EDIGMTYDALIKLSLRHRPDILIIIGEIRDQATARAVIRASLTGVMVFSTTHAKSIPGVY
SEQ2353	EDIGMTYDALIKLSLRHRPDILIIIGEIRDQATARAVIRASLTGVMVFSTTHAKSIPGVY
SEQ2354	EDIGMTYDALIKLSLRHRPDILIIIGEIRDQATARAVIRASLTGVMVFSTTHAKSIPGVY
SEQ2355	EDIGMTYDALIKLSLRHRPDILIIIGEIRDQATARAVIRASLTGVMVFSTTHAKSISGVY
SEQ2356	EDIGMTYDALIKLSLRHRPDILIIIGEIRDQATARAVIRASLTGVMVFSTTHAKSISGVY
SEQ2357	EDIGMTYDALIKLSLRHRPDILIIIGE-----
SEQ2358	EDIGMTYDALIKLSLRHRPDILIIIGEIRDQATARAVIRASLTGVMVFSTTHAKSIPGVY
SEQ2359	EDIGMTYDALIKLSLRHRPDILIIIGEIRDQATARAVIRASLTGVMVFSTTHAKSIPGVY
SEQ2360	EDIGMTYDALIKLSLRHRPDILIIIGEIRDQATARAVIRASLTGVMVFSTTHAKSIPGVY
SEQ2361	-----
SEQ2350	RLIELGVNYQELENSLKLIAYQRLIGGGSLIDFETGNFKKHSSDKWNRQVDILAEEGHI
SEQ2351	RLIELGVNYQELENSLKLIAYQRLIGGGSLIDFETSNFKKHSSDKWNRQVDILAEEGYI
SEQ2352	RLIELGVNYQELENSLKLIAYQRLIGGGSLIDFETGNFKKHSSDKWNRQVDILAEEGHI
SEQ2353	RLIELGVNYQELENSLKLIAYQRLIGGGSLIDFETGNFKKHSSDKWNRQVDILAEEGHI
SEQ2354	RLIELGVNYQELENSLKLIAYQRLIGGGSLIDFETGNFKKHSSDKWNRQVDILAEEGHI
SEQ2355	RLIELGVNYQELENSLKLIAYQRLIGGGSLIDFETGNFKKHSSDKWNRQVDILAEEGHI
SEQ2356	RLIELGVNYQELENSLKLIAYQRLIGGGSLIDFETGNFKKHSSDKWNRQVDILAEEGHI
SEQ2357	RLIELGVNYQELENSLKLIAYQRLIGGGSLIDFETGNFKKHSSDKWNRQVDILAEEGHI
SEQ2358	RLIELGVNYQELENSLKLIAYQRLIGGGSLIDFETGNFKKHSSDKWNRQVDILAEEGHI
SEQ2359	RLIELGVNYQELENSLKLIAYQRLIGGGSLIDFETSNFKKHSSDKWNRQVDILAEEGHI
SEQ2360	RLIELGVNYQELENSLKLIAYQRLIGGGSLIDFETSNFKKHSSDKWNRQVDILAEEGHI
SEQ2361	-----

**Table 23: Comparative Sequences relating to SAG0163  
(competence protein Cg1A)**

SEQ2350	KKQAQVEKIIPQETTESSPTF
SEQ2351	KKQAQVEKIIPQETTESSPTF
SEQ2352	KKQAQVEKIIPQETTESSPTF
SEQ2353	KKQAQVRKNYPSRNGKSNF-
SEQ2354	KKQAQVEKIIPQETTESSPTF
SEQ2355	KKQAQVEKIIPQETTESSPTF
SEQ2356	KKQAQVEKIIPQETTESSPTF
SEQ2357	-----
SEQ2358	KKQAQVEKIIPQETTESSPTF
SEQ2359	KKQAQVEKIIPQETTESSPTF
SEQ2360	KKQAQVEKIIPQETTESSPTF
SEQ2361	-----

**Figure 24: Comparative Sequences relating to SAG0290  
(ABC transporter, substrate-binding protein)**

SEQ ID NO. 2401: SAG0290 FROM THE 1169NT1 GBS TYPE V STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)

GTATCAGTTCAGGCGTCAGAGAAAGTAGAACTTAAAGTAGCTACAGATTCTGACACGGCACCATTCTACTTA  
TCAAAAAGACGGGAAATTCAAAGGTTATGATGTTGATGTTGTCAAAGCTGTTTTTAAAGGTAGTAAGTACA  
AAGTAACCTTCAAGACAGTTCCTTTTGATACTATTTCAACAGGTATTGATGCAGGGAAATTTGATTTATCA  
GCTAATGATTTTTTCATACAATAAAGAAAGAGCAGAAAAATATCTCTTCTCAGACCCCTATATCCCGTTCAA  
TTATGCCGTAGTAGGGAAGAAGGGGAGCCATTACAAATCATTAAAGTGACCTCTCTGGAAAATCAACAGAAG  
TTTTATCTGGCGTTAACTATGCACAGGTTCTAGAAAATTGGAATAAAAAATCATCCTAATAAAAAACCAATA  
AAAATCAAATATGTTTCTGGGACAACCTGGTGTACTAGCAGATTAAAAAATATTGAGAGTGGGAAAATTGA  
CTTTATCCTATATGATGCCATTTTCATCTGACTATATTGTAAAAGATCAATCATTAAACTTAAGCGTTTCTC  
CTTTGAAAGGTAAAATTGGTAATAAAGGATGGATTAGAATACCTCCTTTTACCAAAGATAAAAAAGGT  
AAAACCTCTACAGAAATTTATAAATAAGCGTATTAAAGTTTTGAAAGAAGATGGTACTTTGGCACGTTTAAG  
TAAACAATATTTCCGGTGGAGATTACGTTTCAAACATTGATAAA

SEQ ID NO. 2402: SAG0290 FROM THE 18RS21 GBS TYPE II STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)

GTATCAGTTCAGGCGTCAGAGAAAGTAGAACTTAAAGTAGCTACAGATTCTGACACGGCACCATTCTACTTA  
TRAAAAAGACGGGAAATTCAAAGGTTATGATGTTGATGTTGTCAAAGCTGTTTTTAAAGGTAGTAAGTACA  
AAGTAACCTTCAAGACAGTTCCTTTTGATACTATTTCAACAGGTATTGATGCAGGGAAATTTGATTTATCA  
GCTAATGATTTTTTCATACAATAAAGAAAGAGCAGAAAAATATCTCTTCTCAGATCCTATATCCCGTTCAA  
TTATGCCGTAGTAGGGAAGAAGGGGAGCCATTACAAATCATTAAAGTGACCTCTCTGGAAAATCAACCGAAG  
TTTTATCTGGCGTTAACTATGCACAGGTTCTAGAAAATTGGAATAAAAAATCATCCTAATAAAAAACCAATA  
AAAATCAAATATGTTTCTGGGACAACCTGGTGTACTAGCAGATTAAAAAATATTGAGAGTGGGAAAATTGA  
CTTTATCCTATATGATGCCATTTTCATCCGACTATATTGTAAAAGACCAATCATTAAACTTAAGCGTTTCTC  
CTTTGAAAGGTAAAATTGGTAATAAAGGATGGACTAGAATACCTCCTTTTACCAAAGATAAAAAAGGT  
AAAACCTCTACAGAAATTTATAAATAAGCGTATTAAAGTTTTGAAAGAAGATGGTACTTTGGCACGTTTAAG  
TAAACAATATTTCCGGTGGAGATTACGTTTCAAACATTGATAAA

SEQ ID NO. 2403: SAG0290 FROM THE 2603 V/R GBS TYPE V STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)

ATTCAAAGGTTATGATGTTGATGTTGTCAAAGCTGTTTTTAAAGGTAGTAAGTACAAAGTAACCTTCAAGA  
CAGTTCCTTTTGATACTATTTCAACAGGTATTGATGCAGGGAAATTTGATTTATCAGCTAATGATTTTTCA  
TACAATAAAGAAAGAGCAGAAAAATATCTCTTCTCAGATCCTATATCCCGTTCAAATTATGCCGTAGTAGG  
GAAGAAGGGGAGCCATTACAAATCATTAAAGTGACCTCTCTGGAAAATCAACCGAAGTTTTATCTGGCGTTA  
ACTATGCACAGGTTCTAGAAAATTGGAATAAAAAATCATCCTAATAAAAAACCAATAAAAAATCAAATATGTT  
TCTGGGACAACCTGGTGTACTAGCAGATTAAAAAATATTGAGAGTGGGAAAATTGACTTTTATCCTATATGA  
TGCCATTTTCATCCGACTATATTGTAAAAGACCAATCATTAAACTTAAGCGTTTCTCCTTTGAAAGGTAAAA  
TTGGTAATAATAAGGATGGACTAGAATACCTCCTTTTACCAAAGATAAAAAAG

SEQ ID NO. 2404: SAG0290 FROM THE 090 GBS TYPE Ia STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)

GTATCAGTTCAGGCGTCAGAGAAAGTAGAACTTAAAGTAGCTACAGATTCTGACACGGCACCATTCTACTTA  
TCAAAAAGACGGGAAATTCAAAGGTTATGATGTTGATGTTGTCAAAGCTGTTTTTAAAGGTAGTAAGTACA  
AAGTAACCTTCAAGACAGTTCCTTTTGATACTATTTCAACAGGTATTGATGCAGGGAAATTTGATTTATCA  
GCTAATGATTTTTTCATACAATAAAGAAAGAGCAGAAAAATATCTCTTCTCAGATCCTATATCCCGTTCAA  
TTATGCCGTAGTAGGGAAGAAGGGGAGCCATTACAAATCATTAAAGTGACCTCTCTGGAAAATCAACCGAAG  
TTTTATCTGGCGTTAACTATGCACAGGTTCTAGAAAATTGGAATAAAAAATCATCCTAATAAAAAACCAATA  
AAAATCAAATATGTTTCTGGGACAACCTGGTGTACTAGCAGATTAAAAAATATTGAGAGTGGGAAAATTGA  
CTTTATCCTATATGATGCCATTTTCATCCGACTATATTGTAAAAGACCAATCATTAAACTTAAGCGTTTCTCCT  
TTGAAAGGTAAAATTGGTAATAAAGGATGGACTAGAATACCTCCTTTTACCAAAGATAAAAAAGGTAAACTCTA  
CAGAAATTTATAAATAAGCGTATTAAAGTTTTGAAAGAAGATGGTACTTTGGCACGTTTAAGTAAACAATATTTCCGGT  
GGAGATTACGTTTCAAACATTGATAAA

**Figure 24: Comparative Sequences relating to SAG0290  
(ABC transporter, substrate-binding protein)**

**SEQ ID NO. 2405: SAG0290 FROM THE A909 GBS TYPE Ia STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)**

GTATCAGTTTCAGGCGTCAGAGAAAGTAGAACTTAAAGTAGCTACAGATTCTGACACGGCACCATTCTTACTTA  
TCAAAAAGACGGGAAATTCAAAGGTTATGATGTTGATGTTGTCAAAGCTGTTTTTAAAGGTAGTAAGTACA  
AAGTAACCTTCAAGACAGTTCCTTTTGATACTATTTCAACAGGTATTGATGCAGGGAAATTTGATTTATCA  
GCTAATGATTTTTTCATACAATAAAGAAAGAGCAGAAAAATATCTCTTCTCAGATCCTATATCCCGTTCAAA  
TTATGCCGTAGTAGGGAAGAAGGGGAGCCATTACAAATCATTAAAGTGACCTCTCTGGAAAATCAACCGAAG  
TTTTATCTGGCGTTAACTATGCACAGGTTCTAGAAAATTGGAATAAAAAATCATNNTAATAAAAAACCANTA  
AAAATNAAATATGTTTCTGGGACAACCTGGTGTACTAGCAGATTAAAAAATATTGAGAGTGGGAAAATTGA  
CTTTATCCTATATGATGCCATTTTCATCCGACTATATTGTAAAAGACCAATCATTAAACTTAAGCGTTTCTC  
CTTTGAAAGGTAAAATTGGTAATAATAAGGATGGACTAGAATACCTCCTTTTACCAAAGATAAAAAAGGT  
AAAACCTACAGAAATTTATAAATAAGCGT

**SEQ ID NO. 2406: SAG0290 FROM THE CJB110 GBS NONTYPEABLE STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)**

GTATCAGTTTCAGGCGTCAGAGAAAGTAGAACTTAAAGTAGCTACAGATTCTGACACGGCACCATTCTTACTTA  
TCAAAAAGACGGGAAATTCAAAGGTTATGATGTTGATGTTGTCAAAGCTGTTTTTAAAGGTAGTAAGTACA  
AAGTAACCTTCAAGACAGTTCCTTTTGATACTATTTCAACAGGTATTGATGCAGGGAAATTTGATTTATCA  
GCTAATGATTTTTTCATACAATAAAGAAAGAGCAGAAAAATATCTCTTCTCAGATCCTATATCCCGTTCAAA  
TTATGCCGTAGTAGGGAAGAAGGGGAGCCATTACAAATCATTAAAGTGACCTCTCTGGAAAATCAACCGAAG  
TTTTATCTGGCGTTAACTATGCACAGGTTCTAGAAAATTGGAATAAAAAATCATCCTAATAAAAAACCAATA  
AAAATCAAATATGTTTCTGGGACAACCTGGTGTACTAGCAGATTAAAAAATATTGAGAGTGGGAAAATTGA  
CTTTATCCTATATGATGCCATTTTCATCCGACTATATTGTAAAAGACCAATCATTAAACTTAAGCGTTTCTC  
CTTTGAAAGGTAAAATTGGTAATAATAAGGATGGACTAGAATACCTCCTTTTACCAAAGATAAAAAAGGT  
AAAACCTACAGAAATTTATAAATAAGCGTATTAAAGTTTGAAGAAAATGGTACTTTGGCACGTTTAAG  
TAAACAATATTTTCGGTGGAGATTACGTTTCAAACATTGATAAA

**SEQ ID NO. 2407: SAG0290 FROM THE COH1 GBS TYPE III STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)**

GTATCAGTTTCAGGCGTCAGAGAAAGTAGAACTTAAAGTAGCTACAGATTCTGACACGGCACCATTCTTACTTA  
TCAAAAAGACGGGAAATTCAAAGGTTATGACGTTGATGTTGTCAAAGCTGTTTTTAAAGGTAGTAAGTACA  
AAGTAACCTTCAAGACAGTTCCTTTTGATACTATTTCAACAGGTATTGATGCAGGGAAATTTGATTTATCA  
GCTAATGATTTTTTCATATAATAAAGAAAGAGCAGAAAAATATCTCTTCTCAGATCCTATATCCCGTTCAAA  
TTATGCCGTAGTAGGGAAGAAGGGGAGCCATTACAAATCATTAAAGTGACCTCTCTGGAAAATCAACAGAAG  
TTTTATCTGGCGTTAACTATGCACAGGTTCTAGAAAATTGGAATAAAAAATCATCCTAATAAAAAACCAATA  
AAAATCAAATATGTTTCTGGGACAACCTGGTGTACTAGCAGATTAAAAAATATTGAGAGTGGGAAAATTGA  
CTTTATCCTATATGATGCCATTTTCATCTGACTATATTGTAAAAGATCAATCATTAAACTTAAGCGTTTCTC  
CTTTGAAAGGTAAAATTGGTAATAATAAGGATGGATTAGAATACCTCCTTTTACCAAAGATAAAAAAGGT  
AAAACCTACAGAAATTTATAAATAAGCGTATTAAAGTTTGAAGAAAGATGGTACTTTGGCACGTTTAAG  
TAAACAATATTTTCGGTGGAGATTACGTTTCAAACATTGATAAA

**SEQ ID NO. 2408: SAG0290 FROM THE H36b GBS TYPE Ib STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)**

GTATCAGTTTCAGGCGTCAGAGAAAGTAGAACTTAAAGTAGCTACAGATTCTGACACGGCACCATTCTTACTTA  
TCAAAAAGACGGGAAATTCAAAGGTTATGATGTTGATGTTGTCAAAGCTGTTTTTAAAGGTAGTAAGTACA  
AAGTAACCTTCAAGACAGTTCCTTTTGATACTATTTCAACAGGTATTGATGCAGGGAAATTTGATTTATCA  
GCTAATGATTTTTTCATACAATAAAGAAAGAGCAGAAAAATATCTCTTCTCAGATCCTATATCCCGTTCAAA  
TTATGCCGTAGTAGGGAAGAAGGGGAGCCATTACAAATCATTAAAGTGACCTCTCTGGAAAATCAACCGAAG  
TTTTATCTGGCGTTAACTATGCACAGGTTCTAGAAAATTGGAATAAAAAATCATCCTAATAAAAAACCAATA  
AAAATCAAATATGTTTCTGGGACAACCTGGTGTACTAGCAGATTAAAAAATATTGAGAGTGGGAAAATTGA  
CTTTATCCTATATGATGCCATTTTCATCCGACTATATTGTAAAAGACCAATCATTAAACTTAAGCGTTTCTC  
CTTTGAAAGGTAAAATTGGTAATAATAAGGATGGACTAGAATACCTCCTTTTACCAAAGATAAAAAAGGT  
AAAACCTACAGAAATTTATAAATAAGCGTATTAAAGTTTGAAGAAAATGGTACTTTGGCACGTTTAAG  
TAAACAATATTTTCGGTGGAGATTACGTTTCAAACATTGATAAA

**Figure 24: Comparative Sequences relating to SAG0290  
(ABC transporter, substrate-binding protein)**

SEQ ID NO. 2409: SAG0290 FROM THE JM9130013 GBS STRAIN VIII (REVERSE COMPLEMENT)

GTATCAGTTCAGGCGTCAGAGAAAGTAGAACTTAAAGTAGCTACAGATTCTGACACGGCACCATTACTTA  
TCAAAAAGACGGGAAATTCAAAGGTTATGATGTTGATGTTGTCAAAGCTGTTTTTAAAGGTAGTAAGTACA  
AAGTAACCTTCAAGACAGTTCCTTTTGATACTATTTCAACAGGTATTGATGCAGGGAAATTTGATTTATCA  
GCTAATGATTTTTTCATACAATAAAGAAAGAGCAGAAAAATATCTCTTCTCAGATCCTATATCCCGTTCAAA  
TTATGCCGTAGTAGGGAAGAAGGGGAGCCATTACAAATCATTAAAGTGACCTCTCTGGAAAATCAACCGAAG  
TTTTATCTGGCGTTAACTATGCAAGGTTCTAGAAAATTGGAATAAAAATCATCCTAATAAAAAACCAATA  
AAAATCAAATATGTTTCTGGGACAACCTGGTGTACTAGCAGATTAAAAAATATTGAGAGTGGGAAAATTGA  
CTTTATCCTATATGATGCCATTTTCATCCGACTATATTGTAAAAGACCAATCATTAACTTAAGCGTTTCTC  
CTTTGAAAGGTAAAATTGGTAATAATAAGGATGGACTAGAATAACCTCCTTTTACCAAAAAGATAAAAAAGGT  
AAAACCTCTACAGAAATTTATAAATAAGCGTAATAAAGTTTTGAAGAAAATGGTA

SEQ ID NO. 2410: SAG0290 FROM THE M732 GBS TYPE III STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)

GTATCAGTTCAGGCGTCAGAGAAAGTAGAACTTAAAGTAGCTACAGATTCTGACACGGCACCATTACTTA  
TCAAAAAGACGGGAAATTCAAAGGTTATGACGTTGATGTTGTCAAAGCTGTTTTTAAAGGTAGTAAGTACA  
AAGTAACCTTCAAGACAGTTCCTTTTGATACTATTTCAACAGGTATTGATGCAGGGAAATTTGATTTATCA  
GCTAATGATTTTTTCATATAATAAAGAAAGAGCAGAAAAATATCTCTTCTCAGATCCTATATCCCGTTCAAA  
TTATGCCGTAGTAGGGAAGAAGGGGAGCCATTACAAATCATTAAAGTGACCTCTCTGGAAAATCAACAGAAG  
TTTTATCTGGCGTTAACTATGCAAGGTTCTAGAAAATTGGAATAAAAATCATCCTAATAAAAAACCAATA  
AAAATCAAATATGTTTCTGGGACAACCTGGTGTACTAGCAGATTAAAAAATATTGAGAGTGGGAAAATTGA  
CTTTATCCTATATGATGCCATTTTCATCTGACTATATTGTAAAAGATCAATCATTAACTTAAGCGTTTCTC  
CTTTGAAAGGTAAAATTGGTAATAATAAGGATGGATTAGAATACCTCCTTTTACCAAAAAGATAAAAAAGGT  
AAAACCTCTACAGAAATTTATAAATAAGCGTATTAAAGTTTTGAAAGAAGATGGTACTTTGGCACGTTTAAG  
TAAACAATATTTCCGTTGGAGATTACGTTTCAAACATTGATAAA

SEQ ID NO. 2411: SAG0290 FROM THE M781 GBS TYPE III STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)

GTATCAGTTCAGGCGTCAGAGAAAGTAGAACTTAAAGTAGCTACAGATTCTGACACGGCACCATTACTTA  
TCAAAAAGACGGGAAATTCAAAGGTTATGACGTTGATGTTGTCAAAGCTGTTTTTAAAGGTAGTAAGTACA  
AAGTAACCTTCAAGACAGTTCCTTTTGATACTATTTCAACAGGTATTGATGCAGGGAAATTTGATTTATCA  
GCTAATGATTTTTTCATATAATAAAGAAAGAGCAGAAAAATATCTCTTCTCAGATCCTATATCCCGTTCAAA  
TTATGCCGTAGTAGGGAAGAAGGGGAGCCATTACAAATCATTAAAGTGACCTCTCTGGAAAATCAACAGAAG  
TTTTATCTGGCGTTAACTATGCAAGGTTCTAGAAAATTGGAATAAAAATCATCCTAATAAAAAACCAATA  
AAAATCAAATATGTTTCTGGGACAACCTGGTGTACTAGCAGATTAAAAAATATTGAGAGTGGGAAAATTGA  
CTTTATCCTATATGATGCCATTTTCATCTGACTATATTGTAAAAGATCAATCATTAACTTAAGCGTTTCTC  
CTTTGAAAGGTAAAATTGGTAATAATAAGGATGGATTAGAATACCTCCTTTTACCAAAAAGATAAAAAAGGT  
AAAACCTCTACAGAAATTTATAAATAAGCGTATTAAAGTTTTGAAAGAAGATGGTACTTTGGCACGTTTAAG  
TAAACAATATTTCCGTTGGAGATTACGTTTCAAACATTGATAAA

SEQ2401	TATCAGTTCAGGCGTCAGAGAAAGTAGAACTTAAAGTAGCTACAGATTCTGACACGGCA
SEQ2402	TATCAGTTCAGGCGTCAGAGAAAGTAGAACTTAAAGTAGCTACAGATTCTGACACGGCA
SEQ2403	-----
SEQ2404	TATCAGTTCAGGCGTCAGAGAAAGTAGAACTTAAAGTAGCTACAGATTCTGACACGGCA
SEQ2405	TATCAGTTCAGGCGTCAGAGAAAGTAGAACTTAAAGTAGCTACAGATTCTGACACGGCA
SEQ2406	TATCAGTTCAGGCGTCAGAGAAAGTAGAACTTAAAGTAGCTACAGATTCTGACACGGCA
SEQ2407	TATCAGTTCAGGCGTCAGAGAAAGTAGAACTTAAAGTAGCTACAGATTCTGACACGGCA
SEQ2408	TATCAGTTCAGGCGTCAGAGAAAGTAGAACTTAAAGTAGCTACAGATTCTGACACGGCA
SEQ2409	TATCAGTTCAGGCGTCAGAGAAAGTAGAACTTAAAGTAGCTACAGATTCTGACACGGCA
SEQ2410	TATCAGTTCAGGCGTCAGAGAAAGTAGAACTTAAAGTAGCTACAGATTCTGACACGGCA
SEQ2411	TATCAGTTCAGGCGTCAGAGAAAGTAGAACTTAAAGTAGCTACAGATTCTGACACGGCA

SEQ2401	CATTTACTTATCAAAAAGACGGGAAATTCAAAGGTTATGATGTTGATGTTGTCAAAGCT
SEQ2402	CATTTACTTATRAAAAAGACGGGAAATTCAAAGGTTATGATGTTGATGTTGTCAAAGCT
SEQ2403	-----ATTCAAAGGTTATGATGTTGATGTTGTCAAAGCT
SEQ2404	CATTTACTTATCAAAAAGACGGGAAATTCAAAGGTTATGATGTTGATGTTGTCAAAGCT
SEQ2405	CATTTACTTATCAAAAAGACGGGAAATTCAAAGGTTATGATGTTGATGTTGTCAAAGCT
SEQ2406	CATTTACTTATCAAAAAGACGGGAAATTCAAAGGTTATGATGTTGATGTTGTCAAAGCT
SEQ2407	CATTTACTTATCAAAAAGACGGGAAATTCAAAGGTTATGATGTTGATGTTGTCAAAGCT
SEQ2408	CATTTACTTATCAAAAAGACGGGAAATTCAAAGGTTATGATGTTGATGTTGTCAAAGCT
SEQ2409	CATTTACTTATCAAAAAGACGGGAAATTCAAAGGTTATGATGTTGATGTTGTCAAAGCT

**Figure 24: Comparative Sequences relating to SAG0290  
(ABC transporter, substrate-binding protein)**

SEQ2410	CATTTACTTATCAAAAAGACGGGAAATTCAAAGGTTATGACGTTGATGTTGTCAAAGCT
SEQ2411	CATTTACTTATCAAAAAGACGGGAAATTCAAAGGTTATGACGTTGATGTTGTCAAAGCT
SEQ2401	GTTTTTAAAGGTAGTAAGTACAAAGTAACCTTCAAGACAGTTCCTTTTGATACTATTTC
SEQ2402	GTTTTTAAAGGTAGTAAGTACAAAGTAACCTTCAAGACAGTTCCTTTTGATACTATTTC
SEQ2403	GTTTTTAAAGGTAGTAAGTACAAAGTAACCTTCAAGACAGTTCCTTTTGATACTATTTC
SEQ2404	GTTTTTAAAGGTAGTAAGTACAAAGTAACCTTCAAGACAGTTCCTTTTGATACTATTTC
SEQ2405	GTTTTTAAAGGTAGTAAGTACAAAGTAACCTTCAAGACAGTTCCTTTTGATACTATTTC
SEQ2406	GTTTTTAAAGGTAGTAAGTACAAAGTAACCTTCAAGACAGTTCCTTTTGATACTATTTC
SEQ2407	GTTTTTAAAGGTAGTAAGTACAAAGTAACCTTCAAGACAGTTCCTTTTGATACTATTTC
SEQ2408	GTTTTTAAAGGTAGTAAGTACAAAGTAACCTTCAAGACAGTTCCTTTTGATACTATTTC
SEQ2409	GTTTTTAAAGGTAGTAAGTACAAAGTAACCTTCAAGACAGTTCCTTTTGATACTATTTC
SEQ2410	GTTTTTAAAGGTAGTAAGTACAAAGTAACCTTCAAGACAGTTCCTTTTGATACTATTTC
SEQ2411	GTTTTTAAAGGTAGTAAGTACAAAGTAACCTTCAAGACAGTTCCTTTTGATACTATTTC
SEQ2401	ACAGGTATTGATGCAGGGAAATTTGATTATCAGCTAATGATTTTCATACAATAAAGAA
SEQ2402	ACAGGTATTGATGCAGGGAAATTTGATTATCAGCTAATGATTTTCATACAATAAAGAA
SEQ2403	ACAGGTATTGATGCAGGGAAATTTGATTATCAGCTAATGATTTTCATACAATAAAGAA
SEQ2404	ACAGGTATTGATGCAGGGAAATTTGATTATCAGCTAATGATTTTCATACAATAAAGAA
SEQ2405	ACAGGTATTGATGCAGGGAAATTTGATTATCAGCTAATGATTTTCATACAATAAAGAA
SEQ2406	ACAGGTATTGATGCAGGGAAATTTGATTATCAGCTAATGATTTTCATACAATAAAGAA
SEQ2407	ACAGGTATTGATGCAGGGAAATTTGATTATCAGCTAATGATTTTCATACAATAAAGAA
SEQ2408	ACAGGTATTGATGCAGGGAAATTTGATTATCAGCTAATGATTTTCATACAATAAAGAA
SEQ2409	ACAGGTATTGATGCAGGGAAATTTGATTATCAGCTAATGATTTTCATACAATAAAGAA
SEQ2410	ACAGGTATTGATGCAGGGAAATTTGATTATCAGCTAATGATTTTCATACAATAAAGAA
SEQ2411	ACAGGTATTGATGCAGGGAAATTTGATTATCAGCTAATGATTTTCATACAATAAAGAA
SEQ2401	AGAGCAGAAAAATATCTCTTCTCAGACCTATATCCCGTTCAAATTATGCCGTAGTAGGG
SEQ2402	AGAGCAGAAAAATATCTCTTCTCAGATCCTATATCCCGTTCAAATTATGCCGTAGTAGGG
SEQ2403	AGAGCAGAAAAATATCTCTTCTCAGATCCTATATCCCGTTCAAATTATGCCGTAGTAGGG
SEQ2404	AGAGCAGAAAAATATCTCTTCTCAGATCCTATATCCCGTTCAAATTATGCCGTAGTAGGG
SEQ2405	AGAGCAGAAAAATATCTCTTCTCAGATCCTATATCCCGTTCAAATTATGCCGTAGTAGGG
SEQ2406	AGAGCAGAAAAATATCTCTTCTCAGATCCTATATCCCGTTCAAATTATGCCGTAGTAGGG
SEQ2407	AGAGCAGAAAAATATCTCTTCTCAGATCCTATATCCCGTTCAAATTATGCCGTAGTAGGG
SEQ2408	AGAGCAGAAAAATATCTCTTCTCAGATCCTATATCCCGTTCAAATTATGCCGTAGTAGGG
SEQ2409	AGAGCAGAAAAATATCTCTTCTCAGATCCTATATCCCGTTCAAATTATGCCGTAGTAGGG
SEQ2410	AGAGCAGAAAAATATCTCTTCTCAGATCCTATATCCCGTTCAAATTATGCCGTAGTAGGG
SEQ2411	AGAGCAGAAAAATATCTCTTCTCAGATCCTATATCCCGTTCAAATTATGCCGTAGTAGGG
SEQ2401	AAGAAGGGGAGCCATTACAAATCATTAAAGTGACCTCTCTGGAAAATCAACAGAAGTTTTA
SEQ2402	AAGAAGGGGAGCCATTACAAATCATTAAAGTGACCTCTCTGGAAAATCAACAGAAGTTTTA
SEQ2403	AAGAAGGGGAGCCATTACAAATCATTAAAGTGACCTCTCTGGAAAATCAACAGAAGTTTTA
SEQ2404	AAGAAGGGGAGCCATTACAAATCATTAAAGTGACCTCTCTGGAAAATCAACAGAAGTTTTA
SEQ2405	AAGAAGGGGAGCCATTACAAATCATTAAAGTGACCTCTCTGGAAAATCAACAGAAGTTTTA
SEQ2406	AAGAAGGGGAGCCATTACAAATCATTAAAGTGACCTCTCTGGAAAATCAACAGAAGTTTTA
SEQ2407	AAGAAGGGGAGCCATTACAAATCATTAAAGTGACCTCTCTGGAAAATCAACAGAAGTTTTA
SEQ2408	AAGAAGGGGAGCCATTACAAATCATTAAAGTGACCTCTCTGGAAAATCAACAGAAGTTTTA
SEQ2409	AAGAAGGGGAGCCATTACAAATCATTAAAGTGACCTCTCTGGAAAATCAACAGAAGTTTTA
SEQ2410	AAGAAGGGGAGCCATTACAAATCATTAAAGTGACCTCTCTGGAAAATCAACAGAAGTTTTA
SEQ2411	AAGAAGGGGAGCCATTACAAATCATTAAAGTGACCTCTCTGGAAAATCAACAGAAGTTTTA
SEQ2401	TCTGGCGTTAACTATGCACAGGTTCTAGAAAATTGGAATAAAAAATCATCCTAATAAAAAA
SEQ2402	TCTGGCGTTAACTATGCACAGGTTCTAGAAAATTGGAATAAAAAATCATCCTAATAAAAAA
SEQ2403	TCTGGCGTTAACTATGCACAGGTTCTAGAAAATTGGAATAAAAAATCATCCTAATAAAAAA
SEQ2404	TCTGGCGTTAACTATGCACAGGTTCTAGAAAATTGGAATAAAAAATCATCCTAATAAAAAA
SEQ2405	TCTGGCGTTAACTATGCACAGGTTCTAGAAAATTGGAATAAAAAATCATCCTAATAAAAAA
SEQ2406	TCTGGCGTTAACTATGCACAGGTTCTAGAAAATTGGAATAAAAAATCATCCTAATAAAAAA
SEQ2407	TCTGGCGTTAACTATGCACAGGTTCTAGAAAATTGGAATAAAAAATCATCCTAATAAAAAA
SEQ2408	TCTGGCGTTAACTATGCACAGGTTCTAGAAAATTGGAATAAAAAATCATCCTAATAAAAAA
SEQ2409	TCTGGCGTTAACTATGCACAGGTTCTAGAAAATTGGAATAAAAAATCATCCTAATAAAAAA
SEQ2410	TCTGGCGTTAACTATGCACAGGTTCTAGAAAATTGGAATAAAAAATCATCCTAATAAAAAA
SEQ2411	TCTGGCGTTAACTATGCACAGGTTCTAGAAAATTGGAATAAAAAATCATCCTAATAAAAAA
SEQ2401	CCAATAAAAAATCAAATATGTTTCTGGGACAACCTGGTGTACTAGCAGATTAAAAATATT
SEQ2402	CCAATAAAAAATCAAATATGTTTCTGGGACAACCTGGTGTACTAGCAGATTAAAAATATT
SEQ2403	CCAATAAAAAATCAAATATGTTTCTGGGACAACCTGGTGTACTAGCAGATTAAAAATATT
SEQ2404	CCAATAAAAAATCAAATATGTTTCTGGGACAACCTGGTGTACTAGCAGATTAAAAATATT
SEQ2405	CCAATAAAAAATCAAATATGTTTCTGGGACAACCTGGTGTACTAGCAGATTAAAAATATT
SEQ2406	CCAATAAAAAATCAAATATGTTTCTGGGACAACCTGGTGTACTAGCAGATTAAAAATATT
SEQ2407	CCAATAAAAAATCAAATATGTTTCTGGGACAACCTGGTGTACTAGCAGATTAAAAATATT
SEQ2408	CCAATAAAAAATCAAATATGTTTCTGGGACAACCTGGTGTACTAGCAGATTAAAAATATT
SEQ2409	CCAATAAAAAATCAAATATGTTTCTGGGACAACCTGGTGTACTAGCAGATTAAAAATATT

**Figure 24: Comparative Sequences relating to SAG0290  
(ABC transporter, substrate-binding protein)**

```

SEQ2410      CCAATAAAAAATCAAATATGTTTCTGGGACAACTGGTGTACTAGCAGATTAAAAAATATT
SEQ2411      CCAATAAAAAATCAAATATGTTTCTGGGACAACTGGTGTACTAGCAGATTAAAAAATATT

SEQ2401      GAGAGTGGGAAAATTGACTTTATCCTATATGATGCCATTTTCATCTGACTATATTGTAAAA
SEQ2402      GAGAGTGGGAAAATTGACTTTATCCTATATGATGCCATTTTCATCCGACTATATTGTAAAA
SEQ2403      GAGAGTGGGAAAATTGACTTTATCCTATATGATGCCATTTTCATCCGACTATATTGTAAAA
SEQ2404      GAGAGTGGGAAAATTGACTTTATCCTATATGATGCCATTTTCATCCGACTATATTGTAAAA
SEQ2405      GAGAGTGGGAAAATTGACTTTATCCTATATGATGCCATTTTCATCCGACTATATTGTAAAA
SEQ2406      GAGAGTGGGAAAATTGACTTTATCCTATATGATGCCATTTTCATCCGACTATATTGTAAAA
SEQ2407      GAGAGTGGGAAAATTGACTTTATCCTATATGATGCCATTTTCATCTGACTATATTGTAAAA
SEQ2408      GAGAGTGGGAAAATTGACTTTATCCTATATGATGCCATTTTCATCCGACTATATTGTAAAA
SEQ2409      GAGAGTGGGAAAATTGACTTTATCCTATATGATGCCATTTTCATCCGACTATATTGTAAAA
SEQ2410      GAGAGTGGGAAAATTGACTTTATCCTATATGATGCCATTTTCATCTGACTATATTGTAAAA
SEQ2411      GAGAGTGGGAAAATTGACTTTATCCTATATGATGCCATTTTCATCTGACTATATTGTAAAA

SEQ2401      GATCAATCATTAAACTTAAGCGTTTCTCCTTTGAAAGGTAAAAATTGGTAATAATAAGGAT
SEQ2402      GACCAATCATTAAACTTAAGCGTTTCTCCTTTGAAAGGTAAAAATTGGTAATAATAAGGAT
SEQ2403      GACCAATCATTAAACTTAAGCGTTTCTCCTTTGAAAGGTAAAAATTGGTAATAATAAGGAT
SEQ2404      GACCAATCATTAAACTTAAGCGTTTCTCCTTTGAAAGGTAAAAATTGGTAATAATAAGGAT
SEQ2405      GACCAATCATTAAACTTAAGCGTTTCTCCTTTGAAAGGTAAAAATTGGTAATAATAAGGAT
SEQ2406      GACCAATCATTAAACTTAAGCGTTTCTCCTTTGAAAGGTAAAAATTGGTAATAATAAGGAT
SEQ2407      GATCAATCATTAAACTTAAGCGTTTCTCCTTTGAAAGGTAAAAATTGGTAATAATAAGGAT
SEQ2408      GACCAATCATTAAACTTAAGCGTTTCTCCTTTGAAAGGTAAAAATTGGTAATAATAAGGAT
SEQ2409      GACCAATCATTAAACTTAAGCGTTTCTCCTTTGAAAGGTAAAAATTGGTAATAATAAGGAT
SEQ2410      GATCAATCATTAAACTTAAGCGTTTCTCCTTTGAAAGGTAAAAATTGGTAATAATAAGGAT
SEQ2411      GATCAATCATTAAACTTAAGCGTTTCTCCTTTGAAAGGTAAAAATTGGTAATAATAAGGAT

SEQ2401      GGATTAGAATACCTCCTTTTACCAAAAAGATAAAAAAGGTAAAACTCTACAGAAATTTATA
SEQ2402      GGACTAGAATACCTCCTTTTACCAAAAAGATAAAAAAGGTAAAACTCTACAGAAATTTATA
SEQ2403      GGACTAGAATACCTCCTTTTACCAAAAAGATAAAAAAGGTAAAACTCTACAGAAATTTATA
SEQ2404      GGACTAGAATACCTCCTTTTACCAAAAAGATAAAAAAGGTAAAACTCTACAGAAATTTATA
SEQ2405      GGACTAGAATACCTCCTTTTACCAAAAAGATAAAAAAGGTAAAACTCTACAGAAATTTATA
SEQ2406      GGACTAGAATACCTCCTTTTACCAAAAAGATAAAAAAGGTAAAACTCTACAGAAATTTATA
SEQ2407      GGATTAGAATACCTCCTTTTACCAAAAAGATAAAAAAGGTAAAACTCTACAGAAATTTATA
SEQ2408      GGACTAGAATACCTCCTTTTACCAAAAAGATAAAAAAGGTAAAACTCTACAGAAATTTATA
SEQ2409      GGACTAGAATACCTCCTTTTACCAAAAAGATAAAAAAGGTAAAACTCTACAGAAATTTATA
SEQ2410      GGATTAGAATACCTCCTTTTACCAAAAAGATAAAAAAGGTAAAACTCTACAGAAATTTATA
SEQ2411      GGATTAGAATACCTCCTTTTACCAAAAAGATAAAAAAGGTAAAACTCTACAGAAATTTATA

SEQ2401      ATAAGCGTATTAAAGTTTTGAAAGAAGATGGTACTTTGGCACGTTTAAGTAAACAATAT
SEQ2402      ATAAGCGTATTAAAGTTTTGAAAGAAGATGGTACTTTGGCACGTTTAAGTAAACAATAT
SEQ2403      -----
SEQ2404      ATAAGCGTATTAAAGTTTTGAAAGAAGATGGTACTTTGGCACGTTTAAGTAAACAATAT
SEQ2405      ATAAGCGT-----
SEQ2406      ATAAGCGTATTAAAGTTTTGAAAGAAGATGGTACTTTGGCACGTTTAAGTAAACAATAT
SEQ2407      ATAAGCGTATTAAAGTTTTGAAAGAAGATGGTACTTTGGCACGTTTAAGTAAACAATAT
SEQ2408      ATAAGCGTATTAAAGTTTTGAAAGAAGATGGTACTTTGGCACGTTTAAGTAAACAATAT
SEQ2409      ATAAGCGTAATAAAGTTTTGAAAGAAGATGGTA-----
SEQ2410      ATAAGCGTATTAAAGTTTTGAAAGAAGATGGTACTTTGGCACGTTTAAGTAAACAATAT
SEQ2411      ATAAGCGTATTAAAGTTTTGAAAGAAGATGGTACTTTGGCACGTTTAAGTAAACAATAT

SEQ2401      TCGGTGGAGATTACGTTTCAAACATTGATAAA-----
SEQ2402      TCGGTGGAGATTACGTTTCAAACATTGATAAA-----
SEQ2403      -----
SEQ2404      TCGGTGGAGATTACGTTTCAAACATTGATAAA-----
SEQ2405      -----
SEQ2406      TCGGTGGAGATTACGTTTCAAACATTGATAAA-----
SEQ2407      TCGGTGGAGATTACGTTTCAAACATTGATAAA-----
SEQ2408      TCGGTGGAGATTACGTTTCAAACATTGATAAA-----
SEQ2409      -----
SEQ2410      TCGGTGGAGATTACGTTTCAAACATTGATAAA-----
SEQ2411      TCGGTGGAGATTACGTTTCAAACATTGATAAAGTRCMARATVSTNCSRATNGTSAGABC

```

**Figure 24: Comparative Sequences relating to SAG0290  
(ABC transporter, substrate-binding protein)**

```
SEQ2401 -----
SEQ2402 -----
SEQ2403 -----
SEQ2404 -----
SEQ2405 -----
SEQ2406 -----
SEQ2407 -----
SEQ2408 -----
SEQ2409 -----
SEQ2410 -----
SEQ2411 RANSRTRSTBSTRATBNDNGRTN
```

>SEQ ID NO 2450: 8\_1169NT frame: 1

VSVQASEKVELKVATDSDTAPFTYQKDGKFGYDQVAVFKGSKYKVTFTVPFDTIS  
TGIDAGKFDLSANDFSYNKERAEEKYLFSDPISRSNYAVVGKKGSHYKSLSDLSGKSTEV  
SGVNYAQVLENWNNKHPNKKPIKIKYVSGTTGVTSLKNIESGKIDFILYDAISSDYIVK  
DQSLNLSVSPKKGKIGNNKDGLEYLLLPKDKKGKTLQKPFINKRIKVLKEDGTLARLSKQY  
FGGDYVSNIDK

>SEQ ID NO 2451: 8\_18RS21 frame: 1

VSVQASEKVELKVATDSDTAPFTYQKDGKFGYDQVAVFKGSKYKVTFTVPFDTIS  
TGIDAGKFDLSANDFSYNKERAEEKYLFSDPISRSNYAVVGKKGSHYKSLSDLSGKSTEV  
SGVNYAQVLENWNNKHPNKKPIKIKYVSGTTGVTSLKNIESGKIDFILYDAISSDYIVK  
DQSLNLSVSPKKGKIGNNKDGLEYLLLPKDKKGKTLQKPFINKRIKVLKENGTLARLSKQY  
FGGDYVSNIDK

>SEQ ID NO 2452: 8\_2603 frame: 2

FKGYDQVAVFKGSKYKVTFTVPFDTISTGIDAGKFDLSANDFSYNKERAEEKYLFSD  
PISRSNYAVVGKKGSHYKSLSDLSGKSTEVLSGVNYAQVLENWNNKHPNKKPIKIKYVSG  
TTGVTSLKNIESGKIDFILYDAISSDYIVKDQSLNLSVSPKKGKIGNNKDGLEYLLLPK  
DKK

>SEQ ID NO 2453: 8\_090 frame: 1

VSVQASEKVELKVATDSDTAPFTYQKDGKFGYDQVAVFKGSKYKVTFTVPFDTIS  
TGIDAGKFDLSANDFSYNKERAEEKYLFSDPISRSNYAVVGKKGSHYKSLSDLSGKSTEV  
SGVNYAQVLENWNNKHPNKKPIKIKYVSGTTGVTSLKNIESGKIDFILYDAISSDYIVK  
DQSLNLSVSPKKGKIGNNKDGLEYLLLPKDKKGKTLQKPFINKRIKVLKENGTLARLSKQY  
FGGDYVSNIDK

>SEQ ID NO 2454: 8\_A909 frame: 1

VSVQASEKVELKVATDSDTAPFTYQKDGKFGYDQVAVFKGSKYKVTFTVPFDTIS  
TGIDAGKFDLSANDFSYNKERAEEKYLFSDPISRSNYAVVGKKGSHYKSLSDLSGKSTEV  
SGVNYAQVLENWNNKHPNKKPIKIKYVSGTTGVTSLKNIESGKIDFILYDAISSDYIVK  
DQSLNLSVSPKKGKIGNNKDGLEYLLLPKDKKGKTLQKPFINKR

>SEQ ID NO 2455: 8\_CJB110 frame: 1

VSVQASEKVELKVATDSDTAPFTYQKDGKFGYDQVAVFKGSKYKVTFTVPFDTIS  
TGIDAGKFDLSANDFSYNKERAEEKYLFSDPISRSNYAVVGKKGSHYKSLSDLSGKSTEV  
SGVNYAQVLENWNNKHPNKKPIKIKYVSGTTGVTSLKNIESGKIDFILYDAISSDYIVK  
DQSLNLSVSPKKGKIGNNKDGLEYLLLPKDKKGKTLQKPFINKRIKVLKENGTLARLSKQY  
FGGDYVSNIDK

>SEQ ID NO 2456: 8\_COH1 frame: 1

VSVQASEKVELKVATDSDTAPFTYQKDGKFGYDQVAVFKGSKYKVTFTVPFDTIS  
TGIDAGKFDLSANDFSYNKERAEEKYLFSDPISRSNYAVVGKKGSHYKSLSDLSGKSTEV  
SGVNYAQVLENWNNKHPNKKPIKIKYVSGTTGVTSLKNIESGKIDFILYDAISSDYIVK  
DQSLNLSVSPKKGKIGNNKDGLEYLLLPKDKKGKTLQKPFINKRIKVLKEDGTLARLSKQY  
FGGDYVSNIDK

>SEQ ID NO 2457: 8\_H36B frame: 1

VSVQASEKVELKVATDSDTAPFTYQKDGKFGYDQVAVFKGSKYKVTFTVPFDTIS  
TGIDAGKFDLSANDFSYNKERAEEKYLFSDPISRSNYAVVGKKGSHYKSLSDLSGKSTEV  
SGVNYAQVLENWNNKHPNKKPIKIKYVSGTTGVTSLKNIESGKIDFILYDAISSDYIVK  
DQSLNLSVSPKKGKIGNNKDGLEYLLLPKDKKGKTLQKPFINKRIKVLKENGTLARLSKQY  
FGGDYVSNIDK



**Figure 24: Comparative Sequences relating to SAG0290  
(ABC transporter, substrate-binding protein)**

```

>SEQ ID NO 2458:8 JM9130013 frame: 1
VSVQASEKVELKVATDSDTAPFTYQKDGKFKGYDVDVVKAVFKGSKYKVTFTKVPFDTIS
TGIDAGKFDLSANDFSYNKERAEEKYLFSDPISRSNYAVVGKKGSHYKSLSDLSGKSTEV
SGVNYAQVLENWNNKHPNKKPIKIKYVSGTTGVT SRLKNIESGKIDFILYDAISSDYIVK
DQSLNLSVSPKGGKIGNNKDGLEYLLLPKDKKGGKTLQKFINKRIKVLKEDGTLARLSKQY

>SEQ ID NO 2459:8 M732 frame: 1
VSVQASEKVELKVATDSDTAPFTYQKDGKFKGYDVDVVKAVFKGSKYKVTFTKVPFDTIS
TGIDAGKFDLSANDFSYNKERAEEKYLFSDPISRSNYAVVGKKGSHYKSLSDLSGKSTEV
SGVNYAQVLENWNNKHPNKKPIKIKYVSGTTGVT SRLKNIESGKIDFILYDAISSDYIVK
DQSLNLSVSPKGGKIGNNKDGLEYLLLPKDKKGGKTLQKFINKRIKVLKEDGTLARLSKQY
FGGDYVSNIDK

>SEQ ID NO 2460:8 M781 frame: 1
VSVQASEKVELKVATDSDTAPFTYQKDGKFKGYDVDVVKAVFKGSKYKVTFTKVPFDTIS
TGIDAGKFDLSANDFSYNKERAEEKYLFSDPISRSNYAVVGKKGSHYKSLSDLSGKSTEV
SGVNYAQVLENWNNKHPNKKPIKIKYVSGTTGVT SRLKNIESGKIDFILYDAISSDYIVK
DQSLNLSVSPKGGKIGNNKDGLEYLLLPKDKKGGKTLQKFINKRIKVLKEDGTLARLSKQY
FGGDYVSNIDK

SEQ2450 SVQASEKVELKVATDSDTAPFTYQKDGKFKGYDVDVVKAVFKGSKYKVTFTKVPFDTIS
SEQ2451 SVQASEKVELKVATDSDTAPFTYQKDGKFKGYDVDVVKAVFKGSKYKVTFTKVPFDTIS
SEQ2452 -----FKGYDVDVVKAVFKGSKYKVTFTKVPFDTIS
SEQ2453 SVQASEKVELKVATDSDTAPFTYQKDGKFKGYDVDVVKAVFKGSKYKVTFTKVPFDTIS
SEQ2454 SVQASEKVELKVATDSDTAPFTYQKDGKFKGYDVDVVKAVFKGSKYKVTFTKVPFDTIS
SEQ2455 SVQASEKVELKVATDSDTAPFTYQKDGKFKGYDVDVVKAVFKGSKYKVTFTKVPFDTIS
SEQ2456 SVQASEKVELKVATDSDTAPFTYQKDGKFKGYDVDVVKAVFKGSKYKVTFTKVPFDTIS
SEQ2457 SVQASEKVELKVATDSDTAPFTYQKDGKFKGYDVDVVKAVFKGSKYKVTFTKVPFDTIS
SEQ2458 SVQASEKVELKVATDSDTAPFTYQKDGKFKGYDVDVVKAVFKGSKYKVTFTKVPFDTIS
SEQ2459 SVQASEKVELKVATDSDTAPFTYQKDGKFKGYDVDVVKAVFKGSKYKVTFTKVPFDTIS
SEQ2460 SVQASEKVELKVATDSDTAPFTYQKDGKFKGYDVDVVKAVFKGSKYKVTFTKVPFDTIS

SEQ2450 TGIDAGKFDLSANDFSYNKERAEEKYLFSDPISRSNYAVVGKKGSHYKSLSDLSGKSTEV
SEQ2451 TGIDAGKFDLSANDFSYNKERAEEKYLFSDPISRSNYAVVGKKGSHYKSLSDLSGKSTEV
SEQ2452 TGIDAGKFDLSANDFSYNKERAEEKYLFSDPISRSNYAVVGKKGSHYKSLSDLSGKSTEV
SEQ2453 TGIDAGKFDLSANDFSYNKERAEEKYLFSDPISRSNYAVVGKKGSHYKSLSDLSGKSTEV
SEQ2454 TGIDAGKFDLSANDFSYNKERAEEKYLFSDPISRSNYAVVGKKGSHYKSLSDLSGKSTEV
SEQ2455 TGIDAGKFDLSANDFSYNKERAEEKYLFSDPISRSNYAVVGKKGSHYKSLSDLSGKSTEV
SEQ2456 TGIDAGKFDLSANDFSYNKERAEEKYLFSDPISRSNYAVVGKKGSHYKSLSDLSGKSTEV
SEQ2457 TGIDAGKFDLSANDFSYNKERAEEKYLFSDPISRSNYAVVGKKGSHYKSLSDLSGKSTEV
SEQ2458 TGIDAGKFDLSANDFSYNKERAEEKYLFSDPISRSNYAVVGKKGSHYKSLSDLSGKSTEV
SEQ2459 TGIDAGKFDLSANDFSYNKERAEEKYLFSDPISRSNYAVVGKKGSHYKSLSDLSGKSTEV
SEQ2460 TGIDAGKFDLSANDFSYNKERAEEKYLFSDPISRSNYAVVGKKGSHYKSLSDLSGKSTEV

SEQ2450 SGVNYAQVLENWNNKHPNKKPIKIKYVSGTTGVT SRLKNIESGKIDFILYDAISSDYIVK
SEQ2451 SGVNYAQVLENWNNKHPNKKPIKIKYVSGTTGVT SRLKNIESGKIDFILYDAISSDYIVK
SEQ2452 SGVNYAQVLENWNNKHPNKKPIKIKYVSGTTGVT SRLKNIESGKIDFILYDAISSDYIVK
SEQ2453 SGVNYAQVLENWNNKHPNKKPIKIKYVSGTTGVT SRLKNIESGKIDFILYDAISSDYIVK
SEQ2454 SGVNYAQVLENWNNKHPNKKPIKIKYVSGTTGVT SRLKNIESGKIDFILYDAISSDYIVK
SEQ2455 SGVNYAQVLENWNNKHPNKKPIKIKYVSGTTGVT SRLKNIESGKIDFILYDAISSDYIVK
SEQ2456 SGVNYAQVLENWNNKHPNKKPIKIKYVSGTTGVT SRLKNIESGKIDFILYDAISSDYIVK
SEQ2457 SGVNYAQVLENWNNKHPNKKPIKIKYVSGTTGVT SRLKNIESGKIDFILYDAISSDYIVK
SEQ2458 SGVNYAQVLENWNNKHPNKKPIKIKYVSGTTGVT SRLKNIESGKIDFILYDAISSDYIVK
SEQ2459 SGVNYAQVLENWNNKHPNKKPIKIKYVSGTTGVT SRLKNIESGKIDFILYDAISSDYIVK
SEQ2460 SGVNYAQVLENWNNKHPNKKPIKIKYVSGTTGVT SRLKNIESGKIDFILYDAISSDYIVK

SEQ2450 DQSLNLSVSPKGGKIGNNKDGLEYLLLPKDKKGGKTLQKFINKRIKVLKEDGTLARLSKQY
SEQ2451 DQSLNLSVSPKGGKIGNNKDGLEYLLLPKDKKGGKTLQKFINKRIKVLKEDGTLARLSKQY
SEQ2452 DQSLNLSVSPKGGKIGNNKDGLEYLLLPKDKKGGKTLQKFINKRIKVLKEDGTLARLSKQY
SEQ2453 DQSLNLSVSPKGGKIGNNKDGLEYLLLPKDKKGGKTLQKFINKRIKVLKEDGTLARLSKQY
SEQ2454 DQSLNLSVSPKGGKIGNNKDGLEYLLLPKDKKGGKTLQKFINKRIKVLKEDGTLARLSKQY
SEQ2455 DQSLNLSVSPKGGKIGNNKDGLEYLLLPKDKKGGKTLQKFINKRIKVLKEDGTLARLSKQY
SEQ2456 DQSLNLSVSPKGGKIGNNKDGLEYLLLPKDKKGGKTLQKFINKRIKVLKEDGTLARLSKQY
SEQ2457 DQSLNLSVSPKGGKIGNNKDGLEYLLLPKDKKGGKTLQKFINKRIKVLKEDGTLARLSKQY
SEQ2458 DQSLNLSVSPKGGKIGNNKDGLEYLLLPKDKKGGKTLQKFINKRIKVLKEDGTLARLSKQY
SEQ2459 DQSLNLSVSPKGGKIGNNKDGLEYLLLPKDKKGGKTLQKFINKRIKVLKEDGTLARLSKQY
SEQ2460 DQSLNLSVSPKGGKIGNNKDGLEYLLLPKDKKGGKTLQKFINKRIKVLKEDGTLARLSKQY

```

**Figure 24: Comparative Sequences relating to SAG0290  
(ABC transporter, substrate-binding protein)**

SEQ2450	GGDYVSNIDK
SEQ2451	GGDYVSNIDK
SEQ2452	-----
SEQ2453	GGDYVSNIDK
SEQ2454	-----
SEQ2455	GGDYVSNIDK
SEQ2456	GGDYVSNIDK
SEQ2457	GGDYVSNIDK
SEQ2458	-----
SEQ2459	GGDYVSNIDK
SEQ2460	GGDYVSNIDK

**Table 25: Comparative Sequences relating to SAG0368  
(protein of unknown function)**

**SEQ ID NO. 2501: SAG0368 FROM THE 090 GBS TYPE Ia STRAIN**

TATAATTTTTTCGACTAATGAATTGTCTAAGACTTTTAAAGATTTTAAAGCTAGCTAAATCAAAAAGTCATGCTATTGAA  
GAAACAAAGCCGTTTTCAATACTATTAATGGGGGTGGACACAGGTTTCAGAGCATCGAAAATCTAAGTGGTCAGGAAAT  
AGCGATTCTATGATCTTAGTCACTATAAATCCTAAAACTAATAAAACAACGATGACAAGCTTAGAACGTGACGTATTG  
ATTAAATTGAGTGGTCCCAAAAATAATGGACAGACTGGAGTAGAAGCAAAGCTAAATGCAGCCTATGCTTCTGGTGGT  
GCGGAAATGGCATTGATGACTGTTCAAGACTTATTAGATATTAAATGTTGATTACTTTATGCAAATTAATATGCAAGGA  
TTAGTTGATTTAGTCAATGCTGTTGGTGGTATAACAGTAACATAAATTTGACTTTCCAATATCAATTGCTGCCAAT  
GAACCAGAGTACAAGGCTGTTGTTGAACACAGGACACATAAAATAAATGGAGAACAAGCACTTGTATTCTCGTATG  
CGCTATGATGATCCAGAGGGAGATTATGGGCGTCAAAAAAGACAACGTGAAGTAATTCAAAAAGTCCTTAAAAAATA  
TTGGCGTTAAATAGTATTAGTTCATACAAAAAATCTTTCCGCAGTAAGTAATAACATGCAAATAATATTGAGATA  
TCATCAAAAACGATTCTTAATTTGTTAGCTTATAAAGATTCAATGGAACATATTAAATCTTATCAGTTGAAGGGTGAA  
GACGCTACTTTATCAGATGGTGGCTCTTATCAAATTTAACTAAGAAACATCTACTTGCAGTTCAAAATAGAATTAAG  
AAAGAACTGGATAAAAAGCGTAGTAAACTCTGAAGACAAGCGCGATTCTATATGAAGATTACTATGGTACTGCT  
AGTAATGATTCTTCTACTTATTATCATCAACACAAGAGAATAATTATAATACAACACCTTATTTCAGAAGCACCACCAAGT  
TACAGTGGTAATACTACTTATAGTTCTGAGACTAATCAAACAACCTCATCAAAATTAATAATAGTAGCACTCCTGCT  
AGTAATAATAGCAGTAACACTAACACAGGTCAGGCTGATTCAAGTGAAGTGTCAATAATCATAACGGGGCTGCAACG  
CCTAATCCA

**SEQ ID NO. 2502: SAG0368 FROM THE 1169NT1 GBS TYPE V STRAIN**

TATAATTTTTTCGACTAATGAATTGTCTAAGACTTTTAAAGATTTTAAAGCTAGCTAAATCAAAAAGTCATGCTATTGAA  
GAAACAAAGCCGTTTTCAATACTATTAATGGGGGTGGACACAGGTTTCAGAGCATCGAAAATCTAAGTGGTCAGGAAAT  
TAGCGATTCTATGATCTTAGTCACTATAAATCCTAAAACTAATAAAACAACGATGACAAGCTTAGAACGTGACGTATT  
GATTAAATTGAGTGGTCCCAAAAATAATGGACAGACTGGCGTAGAAGCAAAGCTAAATGCAGCCTATGCTTCTGGTGG  
TGCGGAAATGGCATTGATGACTGTTCAAGACTTATTAGATATTAAATGTTGATTACTTTATGCAAATTAATATGCAAGG  
ATTAGTTGATTTAGTCAATGCTGTTGGTGGTATAACAGTAACATAAATTTGACTTTCCAATATCAATTGCTGCCAA  
TGAACCAGAGTACAAGGCTGTTGTTGAACACAGGACACATAAAATAAATGGAGAACAAGCACTTGTATTCTCGTATG  
GCGCTATGATGATCCAGAGGGAGATTATGGGCGTCAAAAAAGACAACGTGAAGTAATTCAAAAAGTCCTTAAAAAAT  
ATTGGCGTTAAATAGTATTAGTTCATACAAAAAATCTTTCCGCAGTAAGTAATAACATGCAAATAATATTGAGAT  
ATCATCAAAAACGATTCTTAATTTGTTAGCTTATAAAGATTCAATGGAACATATTAAATCTTATCAGTTGAAAGGTGA  
AGACGCTACTTTATCAGATGGTGGCTCTTATCAAATTTAACTAAGAAACATCTACTTGCAGTTCAAAATAGAATTAAG  
GAAAGAACTAGATAAAAAGCGTAGTAAACTCTGAAGACAAGCGCGATTCTATATGAAGATTACTATGGTACTGCT  
TAGTAATGATTCTTCTACTTATTATCATCAACACAAGAGAATAATTATAATACAACACCTTATTTCAGAAGCACCACCAAG  
TTACAGTGGTAATACTACTTATAGTTCTGAGACTAATCAAACAACCTCATCAAAGTTACTATAATAGTAGCACTCCTGCT  
TAATAACTATAGCAGTAACACTAACACAGGTCAGGCTGATTCAAGTGAAGTGTCAATAATCATAATGGGGCTGCAAC  
GCCTAATCCA

**SEQ ID NO. 2503 SAG0368 FROM THE 18RS21 GBS TYPE II STRAIN**

TATAATTTTTTCGACTAATGAATTGTCTAAGACTTTTAAAGATTTTAAAGCTAGCTAAATCAAAAAGTCATGCTATTGAA  
GAAACAAAGCCGTTTTCAATACTATTAATGGGGGTGGACACAGGTTTCAGAGCATCGAAAATCTAAGTGGTCAGGAAAT  
AGCGATTCTATGATCTTAGTCACTATAAATCCTAAAACTAATAAAACAACGATGACAAGCTTAGAACGTGACGTATTG  
ATTAAATTGAGTGGTCCCAAAAATAATGGACAGACTGGAGTAGAAGCAAAGCTAAATGCAGCCTATGCTTCTGGTGGT  
GCGGAAATGGCATTGATGACTGTTCAAGACTTATTAGATATTAAATGTTGATTACTTTATGCAAATTAATATGCAAGGA  
TTAGTTGATTTAGTCAATGCTGTTGGTGGTATAACAGTAACATAAATTTGACTTTCCAATATCAATTGCTGCCAAT  
GAACCAGAGTACAAGGCTGTTGTTGAACACAGGACACATAAAATAAATGGAGAACAAGCACTTGTATTCTCGTATG  
CGCTATGATGATCCAGAGGGAGATTATGGGCGTCAAAAAAGACAACGTGAAGTAATTCAAAAAGTCCTTAAAAAATA  
TTGGCGTTAAATAGTATTAGTTCATACAAAAAATCTTTCCGCAGTAAGTAATAACATGCAAATAATATTGAGATA  
TCATCAAAAACGATTCTTAATTTGTTAGCTTATAAAGATTCAATGGAACATATTAAATCTTATCAGTTGAAGGGTGAA  
GACGCTACTTTATCAGATGGTGGCTCTTATCAAATTTAACTAAGAAACATCTACTTGCAGTTCAAAATAGAATTAAG  
AAAGAACTGGATAAAAAGCGTAGTAAACTCTGAAGACAAGCGCGATTCTATATGAAGATTACTATGGTACTGCT  
AGTAATGATTCTTCTACTTATTATCATCAACACAAGAGAATAATTATAATACAACACCTTATTTCAGAAGCACCACCAAGT  
TACAGTGGTAATACTACTTATAGTTCTGAGACTAATCAAACAACCTCATCAAATTAATAATAGTAGCACTCCTGCT  
AGTAATAATAGCAGTAACACTAACACAGGTCAGGCTGATTCAAGTGAAGTGTCAATAATCATAACGGGGCTGCAACG  
CCTAATCCA

**Table 25: Comparative Sequences relating to SAG0368  
(protein of unknown function)**

**SEQ ID NO. 2504: SAG0368 FROM THE 2603 V/R GBS TYPE V STRAIN**

TATAATTTTTCGACTAATGAATTGTCTAAGACTTTTAAAGATTTTAAAGCTAGCTAAATCAAAAAGTCATGCTATTGAA  
GAAACAAAGCCGTTTTCAATACTATTAAATGGGGGTGGACACAGGTTTCAGAGCATCGAAAATCTAAGTGGTCAGGAAAT  
AGCGATTCTATGATCTTAGTCACTATAAATCCTAAACTAATAAAACAACGATGACAAGCTTAGAACGTGACGTATTG  
ATTAAATTGAGTGGTCCCAAAAATAATGGACAGACTGGAGTAGAAGCAAAGCTAAATGCAGCCTATGCTTCTGGTGGT  
GCGGAAATGGCATTGATGACTGTTCAAGACTTATTAGATATTAATGTTGATTACTTTATGCAAATTAATATGCAAGGA  
TTAGTTGATTTAGTCAATGCTGTTGGTGGTATAACAGTAACATAAAATTTGACTTTCCAATATCAATTGCTGCCAAT  
GAACCAGAGTACAAGGCTGTTGTTGAACCAGGGACACATAAAATAAATGGAGAACAAGCACTTGTATTCTCGTATG  
CGCTATGATGATCCAGAGGGAGATTATGGGCGTCAAAAAGACAACGTAAGTAATTCAAAAGTCCTTAAAAAATA  
TTGGCGTTAAATAGTATTAGTTTCATACAAAAAATTCTTCCGCGAGTAAGTAATAACATGCAAACTAATATTGAGATA  
TCATCAAAAACGATTCTTAATTTGTTAGCTTATAAAGATTCATTGGAACATATTAAATCTTATCAGTTGAAGGGTGAA  
GACGCTACTTTATCAGATGGTGGCTCTTATCAAATTTTAACTAAGAAACATCTACTTGCAGTTCAAAATAGAATTAAG  
AAAGAACTGGATAAAAAGCGTAGTAAACTCTGAAGACAAGCGCGATTCTATATGAAGATTACTATGGTACTACTGCT  
AGTAATGATTCTTCTACTTATTTCATCAACACAAGAGAATAATTATAATACAACACCTTATTTCAGAAGCACCACCAAGT  
TACAGTGGTAATACTACTTATAGTTCTGAGACTAATCAAACAACCTCATCAAATTACTATAATAGTAGCACTCCTGCT  
AGTAATATAGCAGTAACACTAACACAGGTCAGGCTGATTCAAGTGAAGTGTCAATAATCATAACGGGGCTGCAACG  
CCTAATCCA

**SEQ ID NO. 2505: SAG0368 FROM THE A909 GBS TYPE Ia STRAIN**

TATAATTTTTCGACTAATGAATTGTCTAAGACTTTTAAAGATTTTAAAGCTAGCTAAATCAAAAAGTCATGCTATTGAA  
GAAACAAAGCCGTTTTCAATACTATTAAATGGGGGTGGACACAGGTTTCAGAGCATCGAAAATCTAAGTGGTCAGGAAAT  
AGCGATTCTATGATCTTAGTCACTATAAATCCTAAACTAATAAAACAACGATGACAAGCTTAGAACGTGACGTATTG  
ATTAAATTGAGTGGTCCCAAAAATAATGGACAGACTGGAGTAGAAGCAAAGCTAAATGCAGCCTATGCTTCTGGTGGT  
GCGGAAATGGCATTGATGACTGTTCAAGACTTATTAGATATTAATGTTGATTACTTTATGCAAATTAATATGCAAGGA  
TTAGTTGATTTAGTCAATGCTGTTGGTGGTATAACAGTAACATAAAATTTGACTTTCCAATATCAATTGCTGCCAAT  
GAACCAGAGTACAAGGCTGTTGTTGAACCAGGGACACATAAAATAAATGGAGAACAAGCACTTGTATTCTCGTATG  
CGCTATGATGATCCAGAGGGAGATTATGGGCGTCAAAAAGACAACGTAAGTAATTCAAAAGTCCTTAAAAAATA  
TTGGCGTTAAATAGTATTAGTTTCATACAAAAAATTCTTCCGCGAGTAAGTAATAACATGCAAACTAATATTGAGATA  
TCATCAAAAACGATTCTTAATTTGTTAGCTTATAAAGATTCATTGGAACATATTAAATCTTATCAGTTGAAGGGTGAA  
GACGCTACTTTATCAGATGGTGGCTCTTATCAAATTTTAACTAAGAAACATCTACTTGCAGTTCAAAATAGAATTAAG  
AAAGAACTGGATAAAAAGCGTAGTAAACTCTGAAGACAAGCGCGATTCTATATGAAGATTACTATGGTACTACTGCT  
AGTAATGATTCTTCTACTTATTTCATCAACACAAGAGAATAATTATAATACAACACCTTATTTCAGAAGCACCACCAAGT  
TACAGTGGTAATACTACTTATAGTTCTGAGACTAATCAAACAACCTCATCAAATTACTATAATAGTAGCACTCCTGCT  
AGTAATATAGCAGTAACACTAACACAGGTCAGGCTGATTCAAGTGAAGTGTCAATAATCATAACGGGGCTGCAACG  
CCTAATCCA

**SEQ ID NO. 2506: SAG0368 FROM THE CJB110 GBS NONTYPEABLE STRAIN (REVERSE  
COMPLEMENT)**

TATAATTTTTCGACTAATGAATTGTCTAAGACTTTTAAAGATTTTAAAGCTAGCTAAATCAAAAAGTCATGCTATTGAA  
GAAACAAAGCCGTTTTCAATACTATTAAATGGGGGTGGACACAGGTTTCAGAGCATCGAAAATCTAAGTGGTCAGGAAAT  
AGCGATTCTATGATCTTAGTCACTATAAATCCTAAACTAATAAAACAACGATGACAAGCTTAGAACGTGACGTATTG  
ATTAAATTGAGTGGTCCCAAAAATAATGGACAGACTGGAGTAGAAGCAAAGCTAAATGCAGCCTATGCTTCTGGTGGT  
GCGGAAATGGCATTGATGACTGTTCAAGACTTATTAGATATTAATGTTGATTACTTTATGCAAATTAATATGCAAGGA  
TTAGTTGATTTAGTCAATGCTGTTGGTGGTATAACAGTAACATAAAATTTGACTTTCCAATATCAATTGCTGCCAAT  
GAACCAGAGTACAAGGCTGTTGTTGAACCAGGGACACATAAAATAAATGGAGAACAAGCACTTGTATTCTCGTATG  
CGCTATGATGATCCAGAGGGAGATTATGGGCGTCAAAAAGACAACGTAAGTAATTCAAAAGTCCTTAAAAAATA  
TTGGCGTTAAATAGTATTAGTTTCATACAAAAAATTCTTCCGCGAGTAAGTAATAACATGCAAACTAATATTGAGATA  
TCATCAAAAACGATTCTTAATTTGTTAGCTTATAAAGATTCATTGGAACATATTAAATCTTATCAGTTGAAGGGTGAA  
GACGCTACTTTATCAGATGGTGGCTCTTATCAAATTTTAACTAAGAAACATCTACTTGCAGTTCAAAATAGAATTAAG  
AAAGAACTGGATAAAAAGCGTAGTAAACTCTGAAGACAAGCGCGATTCTATATGAAGATTACTATGGTACTACTGCT  
AGTAATGATTCTTCTACTTATTTCATCAACACAAGAGAATAATTATAATACAACACCTTATTTCAGAAGCACCACCAAGT  
TACAGTGGTAATACTACTTATAGTTCTGAGACTAATCAAACAACCTCATCAAATTACTATAATAGTAGCACTCCTGCT  
TAGTAATATAGCAGTAACACTAACACAGGTCAGGCTGATTCAAGTGAAGTGTCAATAATCATAACGGGGCTGCAAC  
GCCTAATCCA

**Table 25: Comparative Sequences relating to SAG0368  
(protein of unknown function)**

**SEQ ID NO. 2507: SAG0368 FROM THE COH1 GBS TYPE III STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)**

GATTTTAAAGCTAGATAAAATCAAAAAGTCATGCTATTGAAGAAACAAAGCCGTTTTCAATACTATTAAATGGGTGTGGAC  
ACAGGTTTCAGAGCATCGAAAATCTAAGTGGTCAGGAAATAGCGATTCTATGATCTTAGTCACTATAAAATCCTAAAACT  
AATAAAACAACGATGACAAGCTTAGAACGTGACGTATTGATTAAATTGAGTGGTCCCAAAAATAATGGACAGACTGGC  
GTAGAAGCAAAGCTAAATGCAGCCTATGCTTCTGGTGGTGCGAAAATGGCATTGATGACTGTTCAAGACTTATTAGAT  
ATTAATGTTGATTACTTTATGCAAATTAATATGCAAGGATTAGTTGATTGGTCAATGCTGTTGGTGGTATAACAGTA  
ACTAATAAATTTGACTTTTCAATATCAATTGCTGCCAATGAACAGAGTACAAGGCTGTTGTTGAACAGGGACACAT  
AAAATAAATGGAGAACAAGCACTTGTTTATTCTCGTATGCGCTATGATGATCCAGAGGGAGATTATGGGCGTCAAAAA  
AGACAACGTGAAGTAATCAAAAAGTCCTTAAAAAATATTGGCGTTAAATAGTATTAGTTTATACAAAAAATTTCTT  
TCCGCAGTAAGTAATAACATGCAAACTAATATTGAGATATCATCAAAAACGATTCTTAATTTGTTAGCTTATAAAGAT  
TCATTGGAACATATTAAATCTTATCAGTTGAAGGGTGAAGACGCTACTCTATCAGATGGTGGCTCTTATCAAATTTTA  
ACTAAGAAAACATCTACTTGCAGTTCAAAATAGAATTAAGAAAGAGCTGGATAAAAAGCGTAGTAAAACTCTGAGACA  
AGCGCGATTCTATATGAAGATTACTATGGTACTACTGCTAGTAATGATTCTTCTACTTATTATCAACACAAGAGAAT  
TATTATTATACAAACCCCTTATTGAGAAGCACCACCAAGTTACAGTGGTAATACTACTTATAGTTCTGAGACTAATCA  
AACAACTCATCAAAGTTACTATAATAGTAGCACTCTGCTAGTAAGTATAGCAGTAACACTAACACAGGTCAGGCTGA  
TTCAAGTGAAGTGTAATAATTATAACGGGGCTGCAACGCCTAATCCAAACACAGGAACGCAACCAGTACCAGGTCA  
AACTAATCCA

**SEQ ID NO. 2508: SAG0368 FROM THE H36b GBS TYPE Ib STRAIN**

TATAATTTTTCGACTAATGAATTGTCTAAGACTTTTAAAGATTTTAAGCTAGCTAAATCAAAAAGTCATGCTATTGAA  
GAAACAAAGCCGTTTTCAATACTATTAAATGGGGGTGGACACAGGTTTCAGAGCATCGAAAATCTAAGTGGTCAGGAAAT  
AGCGATTCTATGATCTTAGTCACTATAAATCCTAAAACTAATAAAACAACGATGACAAGCTTAGAACGTGACGTATTG  
ATTAAATTGAGTGGTCCCAAAAATAATGGACAGACTGGAGTAGAAGCAAAGCTAAATGCAGCCTATGCTTCTGGTGGT  
GCGGAAATGGCATTGATGACTGTTCAAGACTTATTAGATATTAATGTTGATTACTTTATGCAAATTAATATGCAAGGA  
TTAGTTGATTAGTCAATGCTGTTGGTGGTATAACAGTAACATAAAATTTGACTTTTCAATATCAATTGCTGCCAAT  
GAACAGAGTACAAGGCTGTTGTTGAACAGGGACACATAAAATAAATGGAGAACAAGCACTTGTTTATTCTCGTATG  
CGCTATGATGATCCAGAGGGAGATTATGGGCGTCAAAAAGACAACGTGAAGTAATTCAAAAAGTCCTTAAAAAATA  
TTGGCGTTAAATAGTA

**SEQ ID NO. 2509: SAG0368 FROM THE \_\_\_\_\_**

TTAGTTCATACAAAAAATTTCTTTCCGCAGTAAGTAATAACATGCAAACTAATATTGAGATATCATCAAAAACGATTTC  
CTAATTTGTTAGCTTATAAAGATTCAATGGAAACATATTAAATCTTATCAGTTGAAGGGTGAAGACGCTACTTTATCAG  
ATGGTGGCTCTTATCAAATTTTAACTAAGAAACATCTACTTGCAGTTCAAAATAGAATTAAGAAAGAACTGGATAAAA  
AGCGTAGTAAAACTCTGAAGACAAGCGGATTCTATATGAAGATTACTATGGTACTACTGCTAGTAAATGATTCTTCTA  
CTTATTATCATCAACACAAGAGAATAATTATAATACACACCTTATTGAGAAGCACCACCAAGTTACAGTGGTAATACTA  
CTTATAGTTCTGAGACTAATCAACAACCTCATCAAATTAATAGTAGCACTCTGCTAGTAAGTATAGCAGTA  
ACACTAACACAGGTCAGGCTGATTCAAGTGAAGTGTAATAATCATAACGGGGCTGCAACGCCTAATCCA

**SEQ ID NO. 2510: SAG0368 FROM THE JM9130013 GBS TYPE VIII STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)**

TATAATTTTTCGACTAATGAATTGFTCTAAGACTTTTAAAGATTTTAAGCTAGCTAAATCAAAAAGTCATGCTATTGAA  
GAAACAAAGCCGTTTTCAATACTATTAAATGGGGGTGGACACAGGTTTCAGAGCATCGAAAATCTAAGTGGTCAGGAAAT  
AGCGATTCTATGATCTTAGTCACTATAAATCCTAAAACTAATAAAACAACGATGACAAGCTTAGAACGTGACGTATTG  
ATTAAATTGAGTGGTCCCAAAAATAATGGACAGACTGGAGTAGAAGCAAAGCTAAATGCAGCCTATGCTTCTGGTGGT  
GCGGAAATGGCATTGATGACTGTTCAAGACTTATTAGATATTAATGTTGATTACTTTATGCAAATTAATATGCAAGGA  
TTAGTTGATTAGTCAATGCTGTTGGTGGTATAACAGTAACATAAAATTTGACTTTTCAATATCAATTGCTGCCAAT  
GAACAGAGTACAAGGCTGTTGTTGAACAGGGACACATAAAATAAATGGAGAACAAGCACTTGTTTATTCTCGTATG  
CGCTATGATGATCCAGAGGGAGATTATGGGCGTCAAAAAGACAACGTGAAGTAATTCAAAAAGTCCTTAAAAAATA  
TTGGCGTTAAATAGTATTAGTTCATACAAAAAATTTCTTTCCGCAGTAAGTAATAACATGCAAACTAATATTGAGATA  
TCATCAAAAACGATTCTTAATTTGTTAGCTTATAAAGATTCAATGGAAACATATTAAATCTTATCAGTTGAAGGGTGAA  
GACGCTACTTTATCAGATGGTGGCTCTTATCAAATTTTAACTAAGAAACATCTACTTGCAGTTCAAAATAGAATTAAG  
AAGAAGCTGGATAAAAAGCGTAGTAAAACTCTGAAGACAAGCGGATTCTATATGAAGATTACTATGGTACTACTGCT  
AGTAATGATTCTTCTACTTATTATCATCAACACAAGAGAATAATTATAATACACCTTATTGAGAAGCACCACCAAGT  
TACAGTGGTAATACTACTTATAGTTCTGAGACTAATCAACAACCTCATCAAATTAATAGTAGCACTCTGCT  
AGTAAGTATAGCAGTAACACTAACACAGGTCAGGCTGATTCAAGTGAAGTGTAATAATCATAACGGGGCTGCAACG  
CCTAATCCA

**Table 25: Comparative Sequences relating to SAG0368  
(protein of unknown function)**

SEQ ID NO. 2511: SAG0368 FROM THE M781 GBS TYPE III STRAIN (REVERSE  
COMPLEMENT)

TTCAATACTATTAATGGGTGTGGACACAGGTTTCAGAGCATCGAAAATCTAAGTGGTCAGGAAATAGCGATTCTATGAT  
CTTAGTCACTATAAATCCTAAAACTAATAAAACAACGATGACAAGCTTAGAACGTGACGTATTGATTAAATTGAGTGG  
TCCCAAAAATAATGGACAGACTGGCGTAGAAGCAAAGCTAAATGCAGCCTATGCTTCTGGTGGTGCAGGAAATGGCATT  
GATGACTGTTCAAGACTTATTAGATATTAATGTTGATTACTTTATGCAAATTAATATGCAAGGATTAGTTGATTGGT  
CAATGCTGTTGGTGGTATAACAGTAACATAAATTTGACTTTCCAATATCAATTGCTGCAATGAACCAGAGTACAA  
GGCTGTTGTTGAACCAGGGACACATAAAATAAATGGAGAACAAGCACTTGTATTCTCGTATGCGCTATGATGATCC  
AGAGGGAGATTATGGGCGTCAAAAAGACAACGTGAAGTAATTCAAAAGTCCTTAAAAAATATTGGCGTTAAATAG  
TATTAGTTCATACAAAAAATTCTTTCCGCAGTAAGTAATAACATGCAAACTAATATTGAGATATCATCAAAAACGAT  
TCCTAATTTGTTAGCTTATAAGATTCAATGGAAACATATTAATCTTATCAGTTGAAGGGTGAAGACGCTACTCTATC  
AGATGGTGGCTCTTATCAAAATTTAACTAAGAAACATCTACTTGCAGTTCAAAATAGAATTAAGAAAGAGCTGGATAA  
AAGCGTAGTAAAACTCTGAAGACAAGCGCGATTCTATATGAAGATTACTATGGTACTACTGCTAGTAATGATTCTTC  
TACTTATTCATCAACACAAGAGAATAATTATAATACAACACCTTATTCAGAAGCACCACCAAGTTACAGTGGTAATAC  
TACTTATAGTTCTGAGACTAATCAAACTCATCAAAAGTTACTATAATAGTAGCACTCCTGCTAGTAAGTATAGCAG  
TAACACTAACACAGGTCAGGCTGATTCAAGTGAAGTGTTAATAATTATAACGGGGCTGCAACGCCTAATCCAAACAC  
AGGAACGCAACCAGTACCAGGTCAAACATAATCCA

SEQ2501 -----  
SEQ2502 -----  
SEQ2503 -----  
SEQ2504 -----  
SEQ2505 -----  
SEQ2506 -----  
SEQ2507 ATTTTAAGCTAGATAAAATCAAAAAGTCATGCTATTGAAGAAACAAAGCCGTTTTCATA  
SEQ2508 -----  
SEQ2509 -----  
SEQ2510 -----  
SEQ2511 -----TTCAATA

SEQ2501 -----  
SEQ2502 -----  
SEQ2503 -----  
SEQ2504 -----  
SEQ2505 -----  
SEQ2506 -----  
SEQ2507 TATTAATGGGTGTGGACACAGGTTTCAGAGCATCGAAAATCTAAGTGGTCAGGAAATAGC  
SEQ2508 -----  
SEQ2509 -----  
SEQ2510 -----  
SEQ2511 TATTAATGGGTGTGGACACAGGTTTCAGAGCATCGAAAATCTAAGTGGTCAGGAAATAGC

SEQ2501 -----  
SEQ2502 -----  
SEQ2503 -----  
SEQ2504 -----  
SEQ2505 -----  
SEQ2506 -----  
SEQ2507 ATTCTATGATCTTAGTCACTATAAATCCTAAAACTAATAAAACAACGATGACAAGCTTA  
SEQ2508 -----  
SEQ2509 -----  
SEQ2510 -----  
SEQ2511 ATTCTATGATCTTAGTCACTATAAATCCTAAAACTAATAAAACAACGATGACAAGCTTA

**Table 25: Comparative Sequences relating to SAG0368  
(protein of unknown function)**

SEQ2501	-----
SEQ2502	-----
SEQ2503	-----
SEQ2504	-----
SEQ2505	-----
SEQ2506	-----
SEQ2507	AACGTGACGTATTGATTAAATTGAGTGGTCCCAAAAATAATGGACAGACTGGCGTAGAA
SEQ2508	-----
SEQ2509	-----
SEQ2510	-----
SEQ2511	AACGTGACGTATTGATTAAATTGAGTGGTCCCAAAAATAATGGACAGACTGGCGTAGAA
SEQ2501	-----
SEQ2502	-----
SEQ2503	-----
SEQ2504	-----
SEQ2505	-----
SEQ2506	-----
SEQ2507	CAAAGCTAAATGCAGCCTATGCTTCTGGTGGTGC GGAAATGGCATTGATGACTGTTCAA
SEQ2508	-----
SEQ2509	-----
SEQ2510	-----
SEQ2511	CAAAGCTAAATGCAGCCTATGCTTCTGGTGGTGC GGAAATGGCATTGATGACTGTTCAA
SEQ2501	-----
SEQ2502	-----
SEQ2503	-----
SEQ2504	-----
SEQ2505	-----
SEQ2506	-----
SEQ2507	ACTTATTAGATATTAATGTTGATTACTTTATGCAAATTAATATGCAAGGATTAGTTGAT
SEQ2508	-----
SEQ2509	-----
SEQ2510	-----
SEQ2511	ACTTATTAGATATTAATGTTGATTACTTTATGCAAATTAATATGCAAGGATTAGTTGAT
SEQ2501	-----
SEQ2502	-----
SEQ2503	-----
SEQ2504	-----
SEQ2505	-----
SEQ2506	-----
SEQ2507	TGGTCAATGCTGTTGGTGGTATAACAGTAACTAATAAATTGACTTTCCAATATCAATT
SEQ2508	-----
SEQ2509	-----
SEQ2510	-----
SEQ2511	TGGTCAATGCTGTTGGTGGTATAACAGTAACTAATAAATTGACTTTCCAATATCAATT
SEQ2501	-----
SEQ2502	-----
SEQ2503	-----
SEQ2504	-----
SEQ2505	-----
SEQ2506	-----
SEQ2507	CTGCCAATGAACCAGAGTACAAGGCTGTTGTTGAACCAGGGACACATAAAATAAATGGA
SEQ2508	-----
SEQ2509	-----
SEQ2510	-----
SEQ2511	CTGCCAATGAACCAGAGTACAAGGCTGTTGTTGAACCAGGGACACATAAAATAAATGGA

**Table 25: Comparative Sequences relating to SAG0368  
(protein of unknown function)**

SEQ2501	-----
SEQ2502	-----
SEQ2503	-----
SEQ2504	-----
SEQ2505	-----
SEQ2506	-----
SEQ2507	AACAAGCACTTGTTTATTCTCGTATGCGCTATGATGATCCAGAGGGAGATTATGGGCGT
SEQ2508	-----
SEQ2509	-----
SEQ2510	-----
SEQ2511	AACAAGCACTTGTTTATTCTCGTATGCGCTATGATGATCCAGAGGGAGATTATGGGCGT
SEQ2501	-----TATAATTTTTCG
SEQ2502	-----TATAATTTTTCG
SEQ2503	-----TATAATTTTTCG
SEQ2504	-----TATAATTTTTCG
SEQ2505	-----TATAATTTTTCG
SEQ2506	-----TATAATTTTTCG
SEQ2507	AAAAAAGACAACGTGAAGTAATTCAAAAAGTCCTTAAAAAATATTGGCGTTAAATAGT
SEQ2508	-----TATAATTTTTCG
SEQ2509	-----
SEQ2510	-----TATAATTTTTCG
SEQ2511	AAAAAAGACAACGTGAAGTAATTCAAAAAGTCCTTAAAAAATATTGGCGTTAAATAGT
SEQ2501	CTAATGAATTGTCTAAGACTTTTAAAGATTTTAAGCTAGCTAAATCAAAAAGTCATGCT
SEQ2502	CTAATGAATTGTCTAAGACTTTTAAAGATTTTAAGCTAGCTAAATCAAAAAGTCATGCT
SEQ2503	CTAATGAATTGTCTAAGACTTTTAAAGATTTTAAGCTAGCTAAATCAAAAAGTCATGCT
SEQ2504	CTAATGAATTGTCTAAGACTTTTAAAGATTTTAAGCTAGCTAAATCAAAAAGTCATGCT
SEQ2505	CTAATGAATTGTCTAAGACTTTTAAAGATTTTAAGCTAGCTAAATCAAAAAGTCATGCT
SEQ2506	CTAATGAATTGTCTAAGACTTTTAAAGATTTTAAGCTAGCTAAATCAAAAAGTCATGCT
SEQ2507	TTAGTTCAT-ACAAAAAAATCTTTCCGCAGTAAGTAA--TAACATGCAAACTAATATT
SEQ2508	CTAATGAATTGTCTAAGACTTTTAAAGATTTTAAGCTAGCTAAATCAAAAAGTCATGCT
SEQ2509	TTAGTTCAT-ACAAAAAAATCTTTCCGCAGTAAGTAA--TAACATGCAAACTAATATT
SEQ2510	CTAATGAATTGTCTAAGACTTTTAAAGATTTTAAGCTAGCTAAATCAAAAAGTCATGCT
SEQ2511	TTAGTTCAT-ACAAAAAAATCTTTCCGCAGTAAGTAA--TAACATGCAAACTAATATT
SEQ2501	TTGAAGAAACAAAGCCGTTTTCAATACTATTAATGGGGGTGGACACAGGTTTCAGAGCAT
SEQ2502	TTGAAGAAACAAAGCCGTTTTCAATACTATTAATGGGGGTGGACACAGGTTTCAGAGCAT
SEQ2503	TTGAAGAAACAAAGCCGTTTTCAATACTATTAATGGGGGTGGACACAGGTTTCAGAGCAT
SEQ2504	TTGAAGAAACAAAGCCGTTTTCAATACTATTAATGGGGGTGGACACAGGTTTCAGAGCAT
SEQ2505	TTGAAGAAACAAAGCCGTTTTCAATACTATTAATGGGGGTGGACACAGGTTTCAGAGCAT
SEQ2506	TTGAAGAAACAAAGCCGTTTTCAATACTATTAATGGGGGTGGACACAGGTTTCAGAGCAT
SEQ2507	AGATATCATCAAAAACGATTCTAATTTGTTAGCTTATAAAGATTCA---TTGGAACAT
SEQ2508	TTGAAGAAACAAAGCCGTTTTCAATACTATTAATGGGGGTGGACACAGGTTTCAGAGCAT
SEQ2509	AGATATCATCAAAAACGATTCTAATTTGTTAGCTTATAAAGATTCA---TTGGAACAT
SEQ2510	TTGAAGAAACAAAGCCGTTTTCAATACTATTAATGGGGGTGGACACAGGTTTCAGAGCAT
SEQ2511	AGATATCATCAAAAACGATTCTAATTTGTTAGCTTATAAAGATTCA---TTGGAACAT
SEQ2501	GAAAATCTAAGT-GGTCAGGAAATAGCGATTCTATGATCTTAGTCACTATAAATCCTAA
SEQ2502	GAAAATCTAAGTTGGTCAGGAAATAGCGATTCTATGATCTTAGTCACTATAAATCCTAA
SEQ2503	GAAAATCTAAGT-GGTCAGGAAATAGCGATTCTATGATCTTAGTCACTATAAATCCTAA
SEQ2504	GAAAATCTAAGT-GGTCAGGAAATAGCGATTCTATGATCTTAGTCACTATAAATCCTAA
SEQ2505	GAAAATCTAAGT-GGTCAGGAAATAGCGATTCTATGATCTTAGTCACTATAAATCCTAA
SEQ2506	GAAAATCTAAGT-GGTCAGGAAATAGCGATTCTATGATCTTAGTCACTATAAATCCTAA
SEQ2507	TTAAATCTTATC-AGTTGAAGGGTGAAGACGCTACTCTATCAG--ATGGTGGCTCTTAT
SEQ2508	GAAAATCTAAGT-GGTCAGGAAATAGCGATTCTATGATCTTAGTCACTATAAATCCTAA
SEQ2509	TTAAATCTTATC-AGTTGAAGGGTGAAGACGCTACTTTATCAG--ATGGTGGCTCTTAT
SEQ2510	GAAAATCTAAGT-GGTCAGGAAATAGCGATTCTATGATCTTAGTCACTATAAATCCTAA
SEQ2511	TTAAATCTTATC-AGTTGAAGGGTGAAGACGCTACTCTATCAG--ATGGTGGCTCTTAT
SEQ2501	ACTAATAAAACAACGATGACAAGCTTAGAACGTGACGTATTGATTAAATTGAGTGGTCC



**Table 25: Comparative Sequences relating to SAG0368  
(protein of unknown function)**

SEQ2502	ACTAATAAAAACAACGATGACAAGCTTAGAACGTGACGTATTGATTAAATTGAGTGGTCC
SEQ2503	ACTAATAAAAACAACGATGACAAGCTTAGAACGTGACGTATTGATTAAATTGAGTGGTCC
SEQ2504	ACTAATAAAAACAACGATGACAAGCTTAGAACGTGACGTATTGATTAAATTGAGTGGTCC
SEQ2505	ACTAATAAAAACAACGATGACAAGCTTAGAACGTGACGTATTGATTAAATTGAGTGGTCC
SEQ2506	AAATTTTAACTAAGAAACATCTACTTGCAGTTCAAAATAGAATTAAGAAAGAGCTGGAT
SEQ2507	ACTAATAAAAACAACGATGACAAGCTTAGAACGTGACGTATTGATTAAATTGAGTGGTCC
SEQ2508	AAATTTTAACTAAGAAACATCTACTTGCAGTTCAAAATAGAATTAAGAAAGAGCTGGAT
SEQ2509	ACTAATAAAAACAACGATGACAAGCTTAGAACGTGACGTATTGATTAAATTGAGTGGTCC
SEQ2510	AAATTTTAACTAAGAAACATCTACTTGCAGTTCAAAATAGAATTAAGAAAGAGCTGGAT
SEQ2511	AAAAATAATGGACAGACTGGAGTAGAAGCAAAG--CTAAATGCAGCCTATGCTTCTGGT
SEQ2501	AAAAATAATGGACAGACTGGCGTAGAAGCAAAG--CTAAATGCAGCCTATGCTTCTGGT
SEQ2502	AAAAATAATGGACAGACTGGAGTAGAAGCAAAG--CTAAATGCAGCCTATGCTTCTGGT
SEQ2503	AAAAATAATGGACAGACTGGAGTAGAAGCAAAG--CTAAATGCAGCCTATGCTTCTGGT
SEQ2504	AAAAATAATGGACAGACTGGAGTAGAAGCAAAG--CTAAATGCAGCCTATGCTTCTGGT
SEQ2505	AAAAATAATGGACAGACTGGAGTAGAAGCAAAG--CTAAATGCAGCCTATGCTTCTGGT
SEQ2506	AAAAGCGTAGTAAAACCTCTGAAGACAAGCGCGATTCTATATGAAGATTACTATGGTACT
SEQ2507	AAAAATAATGGACAGACTGGAGTAGAAGCAAAG--CTAAATGCAGCCTATGCTTCTGGT
SEQ2508	AAAAGCGTAGTAAAACCTCTGAAGACAAGCGCGATTCTATATGAAGATTACTATGGTACT
SEQ2509	AAAAATAATGGACAGACTGGAGTAGAAGCAAAG--CTAAATGCAGCCTATGCTTCTGGT
SEQ2510	AAAAGCGTAGTAAAACCTCTGAAGACAAGCGCGATTCTATATGAAGATTACTATGGTACT
SEQ2511	GTGC-GGAAATGGCATTGATGACTGTTCAAGACTTATTAGATATTAATGTTGATTACTT
SEQ2501	GTGC-GGAAATGGCATTGATGACTGTTCAAGACTTATTAGATATTAATGTTGATTACTT
SEQ2502	GTGC-GGAAATGGCATTGATGACTGTTCAAGACTTATTAGATATTAATGTTGATTACTT
SEQ2503	GTGC-GGAAATGGCATTGATGACTGTTCAAGACTTATTAGATATTAATGTTGATTACTT
SEQ2504	GTGC-GGAAATGGCATTGATGACTGTTCAAGACTTATTAGATATTAATGTTGATTACTT
SEQ2505	CTGCTAGTAATGATTCTTCTACTTATTTCATCAAC-ACAAGAGAATTATTATTAT-ACAA
SEQ2506	GTGC-GGAAATGGCATTGATGACTGTTCAAGACTTATTAGATATTAATGTTGATTACTT
SEQ2507	CTGCTAGTAATGATTCTTCTACTTATTTCATCAAC-ACAAGAGAATAATTATAAT-ACAA
SEQ2508	GTGC-GGAAATGGCATTGATGACTGTTCAAGACTTATTAGATATTAATGTTGATTACTT
SEQ2509	CTGCTAGTAATGATTCTTCTACTTATTTCATCAAC-ACAAGAGAATAATTATAAT-ACAA
SEQ2510	GTGC-GGAAATGGCATTGATGACTGTTCAAGACTTATTAGATATTAATGTTGATTACTT
SEQ2511	CTGCTAGTAATGATTCTTCTACTTATTTCATCAAC-ACAAGAGAATAATTATAAT-ACAA
SEQ2501	ATGCAAATTAATATGCAAGGATTAGTTGATTTAGTCAATGCTGTTGGTGGTATAACAGT
SEQ2502	ATGCAAATTAATATGCAAGGATTAGTTGATTTAGTCAATGCTGTTGGTGGTATAACAGT
SEQ2503	ATGCAAATTAATATGCAAGGATTAGTTGATTTAGTCAATGCTGTTGGTGGTATAACAGT
SEQ2504	ATGCAAATTAATATGCAAGGATTAGTTGATTTAGTCAATGCTGTTGGTGGTATAACAGT
SEQ2505	ATGCAAATTAATATGCAAGGATTAGTTGATTTAGTCAATGCTGTTGGTGGTATAACAGT
SEQ2506	ATGCAAATTAATATGCAAGGATTAGTTGATTTAGTCAATGCTGTTGGTGGTATAACAGT
SEQ2507	ACCCTTATTCAGAAGCACCACCAAGTTACAGTGGT-AATACTACTTATAGTT---CTGA
SEQ2508	ATGCAAATTAATATGCAAGGATTAGTTGATTTAGTCAATGCTGTTGGTGGTATAACAGT
SEQ2509	ACC-TTATTCAGAAGCACCACCAAGTTACAGTGGT-AATACTACTTATAGTT---CTGA
SEQ2510	ATGCAAATTAATATGCAAGGATTAGTTGATTTAGTCAATGCTGTTGGTGGTATAACAGT
SEQ2511	ACC-TTATTCAGAAGCACCACCAAGTTACAGTGGT-AATACTACTTATAGTT---CTGA
SEQ2501	ACTAATAAAATTTGACTTTCCAATATCAATTGCTGCCAATGAACCAGAGTACAAGGCTGT
SEQ2502	ACTAATAAAATTTGACTTTCCAATATCAATTGCTGCCAATGAACCAGAGTACAAGGCTGT
SEQ2503	ACTAATAAAATTTGACTTTCCAATATCAATTGCTGCCAATGAACCAGAGTACAAGGCTGT
SEQ2504	ACTAATAAAATTTGACTTTCCAATATCAATTGCTGCCAATGAACCAGAGTACAAGGCTGT
SEQ2505	ACTAATAAAATTTGACTTTCCAATATCAATTGCTGCCAATGAACCAGAGTACAAGGCTGT
SEQ2506	ACTAATCAAAC-AACTCATCAA---AGTTACTAT-AATAG--TAGCACTCCTGCTAGT
SEQ2507	ACTAATAAAATTTGACTTTCCAATATCAATTGCTGCCAATGAACCAGAGTACAAGGCTGT
SEQ2508	ACTAATCAAAC-AACTCATCAA---AGTTACTAT-AATAG--TAGCACTCCTGCTAGT
SEQ2509	ACTAATAAAATTTGACTTTCCAATATCAATTGCTGCCAATGAACCAGAGTACAAGGCTGT
SEQ2510	ACTAATAAAATTTGACTTTCCAATATCAATTGCTGCCAATGAACCAGAGTACAAGGCTGT
SEQ2511	ACTAATCAAAC-AACTCATCAA---AGTTACTAT-AATAG--TAGCACTCCTGCTAGT

**Table 25: Comparative Sequences relating to SAG0368  
(protein of unknown function)**

SEQ2501	GTTGAACCAGGGACACATAAAATAAATGGAGAACAAAGCACTTGTTTATTCTCGTATGCG
SEQ2502	GTTGAACCAGGGACACATAAAATAAATGGAGAACAAAGCACTTGTTTATTCTCGTATGCG
SEQ2503	GTTGAACCAGGGACACATAAAATAAATGGAGAACAAAGCACTTGTTTATTCTCGTATGCG
SEQ2504	GTTGAACCAGGGACACATAAAATAAATGGAGAACAAAGCACTTGTTTATTCTCGTATGCG
SEQ2505	GTTGAACCAGGGACACATAAAATAAATGGAGAACAAAGCACTTGTTTATTCTCGTATGCG
SEQ2506	GTTGAACCAGGGACACATAAAATAAATGGAGAACAAAGCACTTGTTTATTCTCGTATGCG
SEQ2507	ACTATAGCAGTAACAC - TAACACAGGTCAGGCTGATTCAAGTGGAAGTGTTAATAATTA
SEQ2508	GTTGAACCAGGGACACATAAAATAAATGGAGAACAAAGCACTTGTTTATTCTCGTATGCG
SEQ2509	ACTATAGCAGTAACAC - TAACACAGGTCAGGCTGATTCAAGTGGAAGTGTTAATAATCA
SEQ2510	GTTGAACCAGGGACACATAAAATAAATGGAGAACAAAGCACTTGTTTATTCTCGTATGCG
SEQ2511	ACTATAGCAGTAACAC - TAACACAGGTCAGGCTGATTCAAGTGGAAGTGTTAATAATTA
SEQ2501	TATGATGATCCAGAGGGAGATTATGGGCGTCAAAAAAGACAACGTGAAGTAATTCAAAA
SEQ2502	TATGATGATCCAGAGGGAGATTATGGGCGTCAAAAAAGACAACGTGAAGTAATTCAAAA
SEQ2503	TATGATGATCCAGAGGGAGATTATGGGCGTCAAAAAAGACAACGTGAAGTAATTCAAAA
SEQ2504	TATGATGATCCAGAGGGAGATTATGGGCGTCAAAAAAGACAACGTGAAGTAATTCAAAA
SEQ2505	TATGATGATCCAGAGGGAGATTATGGGCGTCAAAAAAGACAACGTGAAGTAATTCAAAA
SEQ2506	TATGATGATCCAGAGGGAGATTATGGGCGTCAAAAAAGACAACGTGAAGTAATTCAAAA
SEQ2507	AACGGGGCTGCAACGCCTAATCCAAACACAGGAACGCAACCAGTACCAGGTCAAATAA
SEQ2508	TATGATGATCCAGAGGGAGATTATGGGCGTCAAAAAAGACAACGTGAAGTAATTCAAAA
SEQ2509	AACGGGGCTGCAACGCCTAATCCA-----
SEQ2510	TATGATGATCCAGAGGGAGATTATGGGCGTCAAAAAAGACAACGTGAAGTAATTCAAAA
SEQ2511	AACGGGGCTGCAACGCCTAATCCAAACACAGGAACGCAACCAGTACCAGGTCAAATAA
SEQ2501	GTCTTAAAAAAATATTGGCGTTAAATAGTATTAGTTCATACAAAAAAATCTTTCCGC
SEQ2502	GTCTTAAAAAAATATTGGCGTTAAATAGTATTAGTTCATACAAAAAAATCTTTCCGC
SEQ2503	GTCTTAAAAAAATATTGGCGTTAAATAGTATTAGTTCATACAAAAAAATCTTTCCGC
SEQ2504	GTCTTAAAAAAATATTGGCGTTAAATAGTATTAGTTCATACAAAAAAATCTTTCCGC
SEQ2505	GTCTTAAAAAAATATTGGCGTTAAATAGTATTAGTTCATACAAAAAAATCTTTCCGC
SEQ2506	GTCTTAAAAAAATATTGGCGTTAAATAGTATTAGTTCATACAAAAAAATCTTTCCGC
SEQ2507	CCA-----
SEQ2508	GTCTTAAAAAAATATTGGCGTTAAATAGTA-----
SEQ2509	-----
SEQ2510	GTCTTAAAAAAATATTGGCGTTAAATAGTATTAGTTCATACAAAAAAATCTTTCCGC
SEQ2511	CCA-----
SEQ2501	GTAAGTAATAACATGCAAACTAATATTGAGATATCATCAAAAACGATTCTTAATTTGTT
SEQ2502	GTAAGTAATAACATGCAAACTAATATTGAGATATCATCAAAAACGATTCTTAATTTGTT
SEQ2503	GTAAGTAATAACATGCAAACTAATATTGAGATATCATCAAAAACGATTCTTAATTTGTT
SEQ2504	GTAAGTAATAACATGCAAACTAATATTGAGATATCATCAAAAACGATTCTTAATTTGTT
SEQ2505	GTAAGTAATAACATGCAAACTAATATTGAGATATCATCAAAAACGATTCTTAATTTGTT
SEQ2506	GTAAGTAATAACATGCAAACTAATATTGAGATATCATCAAAAACGATTCTTAATTTGTT
SEQ2507	-----
SEQ2508	-----
SEQ2509	-----
SEQ2510	GTAAGTAATAACATGCAAACTAATATTGAGATATCATCAAAAACGATTCTTAATTTGTT
SEQ2511	-----
SEQ2501	GCTTATAAAGATTCATTGGAACATATTAAATCTTATCAGTTGAAGGGTGAAGACGCTAC
SEQ2502	GCTTATAAAGATTCATTGGAACATATTAAATCTTATCAGTTGAAGGGTGAAGACGCTAC
SEQ2503	GCTTATAAAGATTCATTGGAACATATTAAATCTTATCAGTTGAAGGGTGAAGACGCTAC
SEQ2504	GCTTATAAAGATTCATTGGAACATATTAAATCTTATCAGTTGAAGGGTGAAGACGCTAC
SEQ2505	GCTTATAAAGATTCATTGGAACATATTAAATCTTATCAGTTGAAGGGTGAAGACGCTAC
SEQ2506	GCTTATAAAGATTCATTGGAACATATTAAATCTTATCAGTTGAAGGGTGAAGACGCTAC
SEQ2507	-----
SEQ2508	-----
SEQ2509	-----
SEQ2510	GCTTATAAAGATTCATTGGAACATATTAAATCTTATCAGTTGAAGGGTGAAGACGCTAC
SEQ2511	-----

**Table 25: Comparative Sequences relating to SAG0368  
(protein of unknown function)**

SEQ2501	TTATCAGATGGTGGCTCTTATCAAATTTTAACTAAGAAACATCTACTTGCAGTTCAAAA
SEQ2502	TTATCAGATGGTGGCTCTTATCAAATTTTAACTAAGAAACATCTACTTGCAGTTCAAAA
SEQ2503	TTATCAGATGGTGGCTCTTATCAAATTTTAACTAAGAAACATCTACTTGCAGTTCAAAA
SEQ2504	TTATCAGATGGTGGCTCTTATCAAATTTTAACTAAGAAACATCTACTTGCAGTTCAAAA
SEQ2505	TTATCAGATGGTGGCTCTTATCAAATTTTAACTAAGAAACATCTACTTGCAGTTCAAAA
SEQ2506	TTATCAGATGGTGGCTCTTATCAAATTTTAACTAAGAAACATCTACTTGCAGTTCAAAA
SEQ2507	-----
SEQ2508	-----
SEQ2509	-----
SEQ2510	TTATCAGATGGTGGCTCTTATCAAATTTTAACTAAGAAACATCTACTTGCAGTTCAAAA
SEQ2511	-----
SEQ2501	AGAATTAAGAAAGAACTGGATAAAAAGCGTAGTAAACTCTGAAGACAAGCGCGATTCT
SEQ2502	AGAATTAAGAAAGAACTAGATAAAAAGCGTAGTAAACTCTGAAGACAAGCGCGATTCT
SEQ2503	AGAATTAAGAAAGAACTGGATAAAAAGCGTAGTAAACTCTGAAGACAAGCGCGATTCT
SEQ2504	AGAATTAAGAAAGAACTGGATAAAAAGCGTAGTAAACTCTGAAGACAAGCGCGATTCT
SEQ2505	AGAATTAAGAAAGAACTGGATAAAAAGCGTAGTAAACTCTGAAGACAAGCGCGATTCT
SEQ2506	AGAATTAAGAAAGAACTGGATAAAAAGCGTAGTAAACTCTGAAGACAAGCGCGATTCT
SEQ2507	-----
SEQ2508	-----
SEQ2509	-----
SEQ2510	AGAATTAAGAAAGAACTGGATAAAAAGCGTAGTAAACTCTGAAGACAAGCGCGATTCT
SEQ2511	-----
SEQ2501	TATGAAGATTACTATGGTACTACTGCTAGTAATGATTCTTCTACTTATTCATCAACACA
SEQ2502	TATGAAGATTACTATGGTACTACTGCTAGTAATGATTCTTCTACTTATTCATCAACACA
SEQ2503	TATGAAGATTACTATGGTACTACTGCTAGTAATGATTCTTCTACTTATTCATCAACACA
SEQ2504	TATGAAGATTACTATGGTACTACTGCTAGTAATGATTCTTCTACTTATTCATCAACACA
SEQ2505	TATGAAGATTACTATGGTACTACTGCTAGTAATGATTCTTCTACTTATTCATCAACACA
SEQ2506	TATGAAGATTACTATGGTACTACTGCTAGTAATGATTCTTCTACTTATTCATCAACACA
SEQ2507	-----
SEQ2508	-----
SEQ2509	-----
SEQ2510	TATGAAGATTACTATGGTACTACTGCTAGTAATGATTCTTCTACTTATTCATCAACACA
SEQ2511	-----
SEQ2501	GAGAATAATTATAATACAACACCTTATTCAGAAGCACCACCAAGTTACAGTGGTAATAC
SEQ2502	GAGAATAATTATAATACAACACCTTATTCAGAAGCACCACCAAGTTACAGTGGTAATAC
SEQ2503	GAGAATAATTATAATACAACACCTTATTCAGAAGCACCACCAAGTTACAGTGGTAATAC
SEQ2504	GAGAATAATTATAATACAACACCTTATTCAGAAGCACCACCAAGTTACAGTGGTAATAC
SEQ2505	GAGAATAATTATAATACAACACCTTATTCAGAAGCACCACCAAGTTACAGTGGTAATAC
SEQ2506	GAGAATAATTATAATACAACACCTTATTCAGAAGCACCACCAAGTTACAGTGGTAATAC
SEQ2507	-----
SEQ2508	-----
SEQ2509	-----
SEQ2510	GAGAATAATTATAATACAACACCTTATTCAGAAGCACCACCAAGTTACAGTGGTAATAC
SEQ2511	-----
SEQ2501	ACTTAT-AGTTCTGAGACTAATCAAACAACCTCATCAAATTACTATAATAGTAGCACTC
SEQ2502	ACTTAT-AGTTCTGAGACTAATCAAACAACCTCATCAAAGTTACTATAATAGTAGCACTC
SEQ2503	ACTTAT-AGTTCTGAGACTAATCAAACAACCTCATCAAATTACTATAATAGTAGCACTC
SEQ2504	ACTTAT-AGTTCTGAGACTAATCAAACAACCTCATCAAATTACTATAATAGTAGCACTC
SEQ2505	ACTTAT-AGTTCTGAGACTAATCAAACAACCTCATCAAATTACTATAATAGTAGCACTC
SEQ2506	ACTTATAGTTCTGAGACTAATCAAACAACCTCATCAAATTACTATAATAGTAGCACTC
SEQ2507	-----
SEQ2508	-----
SEQ2509	-----
SEQ2510	ACTTAT-AGTTCTGAGACTAATCAAACAACCTCATCAAATTACTATAATAGTAGCACTC
SEQ2511	-----

**Table 25: Comparative Sequences relating to SAG0368  
(protein of unknown function)**

SEQ2501	TGCTAGTAAGTATAGCAGTAACACTAACACAGGTCAGGCTGATTCAAGTGAAGTGTCA
SEQ2502	TGCTAATAACTATAGCAGTAACACTAACACAGGTCAGGCTGATTCAAGTGAAGTGTCA
SEQ2503	TGCTAGTAAGTATAGCAGTAACACTAACACAGGTCAGGCTGATTCAAGTGAAGTGTCA
SEQ2504	TGCTAGTAAGTATAGCAGTAACACTAACACAGGTCAGGCTGATTCAAGTGAAGTGTCA
SEQ2505	TGCTAGTAAGTATAGCAGTAACACTAACACAGGTCAGGCTGATTCAAGTGAAGTGTCA
SEQ2506	TGCTAGTAAGTATAGCAGTAACACTAACACAGGTCAGGCTGATTCAAGTGAAGTGTCA
SEQ2507	-----
SEQ2508	-----
SEQ2509	-----
SEQ2510	TGCTAGTAAGTATAGCAGTAACACTAACACAGGTCAGGCTGATTCAAGTGAAGTGTCA
SEQ2511	-----
SEQ2501	TAATCATAACGGGGCTGCAACGCCTAATCCA
SEQ2502	TAATCATAATGGGGCTGCAACGCCTAATCCA
SEQ2503	TAATCATAACGGGGCTGCAACGCCTAATCCA
SEQ2504	TAATCATAACGGGGCTGCAACGCCTAATCCA
SEQ2505	TAATCATAACGGGGCTGCAACGCCTAATCCA
SEQ2506	TAATCATAACGGGGCTGCAACGCCTAATCCA
SEQ2507	-----
SEQ2508	-----
SEQ2509	-----
SEQ2510	TAATCATAACGGGGCTGCAACGCCTAATCCA
SEQ2511	-----

>SEQ ID NO 2550: 54\_090 frame: 1

YNFSTNELSKTFKDFKLAKSKSHAIETKPFSSILLMGVDTGSEHRKSKWNSGNSDSMILVT  
INPKTKTMTSLERDVLKLSGPKNNGQTGVEAKLNAAAYASGGAEMALMTVQDILLDINV  
DYFMQINMQGLVDLVNAVGGITVTNKFDFPISIAANEPEYKAVVEPGTHKINGEQALVYS  
RMRYDDPEGDYGRQKRQREVIQVLKKILALNSISSYKKILSAVSNMQTNIEISSKTIP  
NLLAYKDSLEHIKSYQLKGEDATLSDGGSYQILTCKHLLAVQNRIKKELDKKRSKTLKTS  
AILYEDYYGTTASNDSSSTYSSTQENNYNTTPYSEAPPSYSGNTTYSSETNQTTQNYNS  
STPASNYSSNTNTGQADSSGSVNNHNGAATPNP

>SEQ ID NO 2551: 54\_1169NT frame: 1

YNFSTNELSKTFKDFKLAKSKSHAIETKPFSSILLMGVDTGSEHRKSKLVRK.RFYDLSH  
YKS.N.NMDDKLRT.RID.IEWSQK.WTDWRRSKAKCSLCPFWWCGNGIDDCSRLIRY.C  
.LLYAN.YARIS.FSQCCWWYNSN..I.LSNINCCQ.TRVQGCC.TRDT.NKWTSTCLP  
SYAL..SRGRLWASKKIT.SNSKSP.KNIGVK.Y.FIQKNSFRSK..HAN.Y.DIIKND  
.FVSL.RFIGTY.ILSVER.RRYFIRWLLSNFN.ETSTCSSK.N.ERTR.KA..NSEDK  
RDSI.RLLWYYC...FFYLFINTRE.L.YNTLFRSTTKLQW.YYL.F.D.SNNSSKLL..  
.HSC..L.Q.H.HRSG.FKWKCC.S.WGCNA.S

>SEQ ID NO 2552: 54\_18RS21 frame: 1

YNFSTNELSKTFKDFKLAKSKSHAIETKPFSSILLMGVDTGSEHRKSKWNSGNSDSMILVT  
INPKTKTMTSLERDVLKLSGPKNNGQTGVEAKLNAAAYASGGAEMALMTVQDILLDINV  
DYFMQINMQGLVDLVNAVGGITVTNKFDFPISIAANEPEYKAVVEPGTHKINGEQALVYS  
RMRYDDPEGDYGRQKRQREVIQVLKKILALNSISSYKKILSAVSNMQTNIEISSKTIP  
NLLAYKDSLEHIKSYQLKGEDATLSDGGSYQILTCKHLLAVQNRIKKELDKKRSKTLKTS  
AILYEDYYGTTASNDSSSTYSSTQENNYNTTPYSEAPPSYSGNTTYSSETNQTTQNYNS  
STPASNYSSNTNTGQADSSGSVNNHNGAATPNP

>SEQ ID NO 2553: 54\_2603 frame: 1

YNFSTNELSKTFKDFKLAKSKSHAIETKPFSSILLMGVDTGSEHRKSKWNSGNSDSMILVT  
INPKTKTMTSLERDVLKLSGPKNNGQTGVEAKLNAAAYASGGAEMALMTVQDILLDINV  
DYFMQINMQGLVDLVNAVGGITVTNKFDFPISIAANEPEYKAVVEPGTHKINGEQALVYS  
RMRYDDPEGDYGRQKRQREVIQVLKKILALNSISSYKKILSAVSNMQTNIEISSKTIP  
NLLAYKDSLEHIKSYQLKGEDATLSDGGSYQILTCKHLLAVQNRIKKELDKKRSKTLKTS  
AILYEDYYGTTASNDSSSTYSSTQENNYNTTPYSEAPPSYSGNTTYSSETNQTTQNYNS  
STPASNYSSNTNTGQADSSGSVNNHNGAATPNP

>SEQ ID NO 2554: 54\_A909 frame: 1

YNFSTNELSKTFKDFKLAKSKSHAIETKPFSSILLMGVDTGSEHRKSKWNSGNSDSMILVT  
INPKTKTMTSLERDVLKLSGPKNNGQTGVEAKLNAAAYASGGAEMALMTVQDILLDINV  
DYFMQINMQGLVDLVNAVGGITVTNKFDFPISIAANEPEYKAVVEPGTHKINGEQALVYS  
RMRYDDPEGDYGRQKRQREVIQVLKKILALNSISSYKKILSAVSNMQTNIEISSKTIP  
NLLAYKDSLEHIKSYQLKGEDATLSDGGSYQILTCKHLLAVQNRIKKELDKKRSKTLKTS

**Table 25: Comparative Sequences relating to SAG0368  
(protein of unknown function)**

AIIYEDYGGTTASNDSSSTYSSTQENNYNTTPYSEAPPSYSGNTTYSSETNQTHQNYNS  
STPASNYSSNTNTGQADSSGSVNNHNGAATPNP

**>SEQ ID NO 2555:54\_CJB110 frame: 1**

YNFSTNELSKTFKDFKLAKSKSHAI EETKPF SILLMGVDTGSEHRKSKWSGNSDSMILVT  
INPKTNKTTMTSLERDVLIKLSGPKNNGQTGVEAKLNAA YASGGAEMALMTVQDLLDINV  
DYFMQINMQGLVDLVNAVGGITVTNKFDFPISIAANEPEYKAVVEPGTHKINGEQALVYS  
RMRYDDPEGDYGRQKRQREVIQKVLKKILALNSISSYKKILSAVSNMOTNIEISSKTIP  
NLLAYKDSLEHIKSYQLKGEDATLSDGGSYQILTKHLLAVQNRIKKELDKKRSKTLKTS  
AIIYEDYGGTTASNDSSSTYSSTQENNYNTTPYSEAPPSYSGNTTYSSETNQTHQNYNS

**>SEQ ID NO 2556:54\_COH1 frame: 1**

DFKLDKSKSHAI EETKPF SILLMGVDTGSEHRKSKWSGNSDSMILVTINPKTNKTTMTSL  
ERDVLIKLSGPKNNGQTGVEAKLNAA YASGGAEMALMTVQDLLDINV DYFMQINMQGLVD  
LVNAVGGITVTNKFDFPISIAANEPEYKAVVEPGTHKINGEQALVYSRMRYDDPEGDYGR  
QKRQREVIQKVLKKILALNSISSYKKILSAVSNMOTNIEISSKTIPNLLAYKDSLEHIK  
SYQLKGEDATLSDGGSYQILTKHLLAVQNRIKKELDKKRSKTLKTS AIIYEDYGGTTAS  
NDSSSTYSSTQENNYNTTPYSEAPPSYSGNTTYSSETNQTHQNYNS .YL. F.D.SNNSSKLL...HSC..L.Q.H.H  
RSG.FKWC..L.RGCA.SKHNATSTRN.S

**>SEQ ID NO 2557:54\_H36B frame: 1**

YNFSTNELSKTFKDFKLAKSKSHAI EETKPF SILLMGVDTGSEHRKSKWSGNSDSMILVT  
INPKTNKTTMTSLERDVLIKLSGPKNNGQTGVEAKLNAA YASGGAEMALMTVQDLLDINV  
DYFMQINMQGLVDLVNAVGGITVTNKFDFPISIAANEPEYKAVVEPGTHKINGEQALVYS  
RMRYDDPEGDYGRQKRQREVIQKVLKKILALNSISSYKKILSAVSNMOTNIEISSKTIP  
NLLAYKDSLEHIKSYQLKGEDATLSDGGSYQILTKHLLAVQNRIKKELDKKRSKTLKTS  
AIIYEDYGGTTASNDSSSTYSSTQENNYNTTPYSEAPPSYSGNTTYSSETNQTHQNYNS  
STPASNYSSNTNTGQADSSGSVNNHNGAATPNP

**>SEQ ID NO 2558:54\_JM9130013 frame: 1**

YNFSTNELSKTFKDFKLAKSKSHAI EETKPF SILLMGVDTGSEHRKSKWSGNSDSMILVT  
INPKTNKTTMTSLERDVLIKLSGPKNNGQTGVEAKLNAA YASGGAEMALMTVQDLLDINV  
DYFMQINMQGLVDLVNAVGGITVTNKFDFPISIAANEPEYKAVVEPGTHKINGEQALVYS  
RMRYDDPEGDYGRQKRQREVIQKVLKKILALNSISSYKKILSAVSNMOTNIEISSKTIP  
NLLAYKDSLEHIKSYQLKGEDATLSDGGSYQILTKHLLAVQNRIKKELDKKRSKTLKTS  
AIIYEDYGGTTASNDSSSTYSSTQENNYNTTPYSEAPPSYSGNTTYSSETNQTHQNYNS  
STPASNYSSNTNTGQADSSGSVNNHNGAATPNP

**>SEQ ID NO 2559:54\_M781 frame: 2**

SILLMGVDTGSEHRKSKWSGNSDSMILVTINPKTNKTTMTSLERDVLIKLSGPKNNGQTG  
VEAKLNAA YASGGAEMALMTVQDLLDINV DYFMQINMQGLVDLVNAVGGITVTNKFDFPIS  
IAANEPEYKAVVEPGTHKINGEQALVYSRMRYDDPEGDYGRQKRQREVIQKVLKKILAL  
NSISSYKKILSAVSNMOTNIEISSKTIPNLLAYKDSLEHIKSYQLKGEDATLSDGGSYQ  
ILTKHLLAVQNRIKKELDKKRSKTLKTS AIIYEDYGGTTASNDSSSTYSSTQENNYNTTP  
YSEAPPSYSGNTTYSSETNQTHQSYNSSTPASNYSSNTNTGQADSSGSVNNYNGAATP  
NPNTGTQVPVPGQTNP

SEQ2550	NFSTNELSKTFKDFKLAKSKSHAI EETKPF SILLMGVDTGSEHRKSKWSGNSDSMILVT
SEQ2551	NFSTNELSKTFKDFKLAKSKSHAI EETKPF SILLMGVDTGSEHRKSKLVRKRYDLSHY
SEQ2552	NFSTNELSKTFKDFKLAKSKSHAI EETKPF SILLMGVDTGSEHRKSKWSGNSDSMILVT
SEQ2553	NFSTNELSKTFKDFKLAKSKSHAI EETKPF SILLMGVDTGSEHRKSKWSGNSDSMILVT
SEQ2554	NFSTNELSKTFKDFKLAKSKSHAI EETKPF SILLMGVDTGSEHRKSKWSGNSDSMILVT
SEQ2555	NFSTNELSKTFKDFKLAKSKSHAI EETKPF SILLMGVDTGSEHRKSKWSGNSDSMILVT
SEQ2556	-----DFKLDKSKSHAI EETKPF SILLMGVDTGSEHRKSKWSGNSDSMILVT
SEQ2557	NFSTNELSKTFKDFKLAKSKSHAI EETKPF SILLMGVDTGSEHRKSKWSGNSDSMILVT
SEQ2558	NFSTNELSKTFKDFKLAKSKSHAI EETKPF SILLMGVDTGSEHRKSKWSGNSDSMILVT
SEQ2559	-----SILLMGVDTGSEHRKSKWSGNSDSMILVT
SEQ2550	NPKNKTTMTSLERDVLIKLSGPKNNGQTGVEAKLNAA YASGGAEMALMTVQDLLDINV
SEQ2551	SNNDDKLRTRIDIEWSQKWDWRRS-----KAKCSLCFWWCNGIDDCSRLIRYCLLY
SEQ2552	NPKNKTTMTSLERDVLIKLSGPKNNGQTGVEAKLNAA YASGGAEMALMTVQDLLDINV
SEQ2553	NPKNKTTMTSLERDVLIKLSGPKNNGQTGVEAKLNAA YASGGAEMALMTVQDLLDINV
SEQ2554	NPKNKTTMTSLERDVLIKLSGPKNNGQTGVEAKLNAA YASGGAEMALMTVQDLLDINV
SEQ2555	NPKNKTTMTSLERDVLIKLSGPKNNGQTGVEAKLNAA YASGGAEMALMTVQDLLDINV
SEQ2556	NPKNKTTMTSLERDVLIKLSGPKNNGQTGVEAKLNAA YASGGAEMALMTVQDLLDINV
SEQ2557	NPKNKTTMTSLERDVLIKLSGPKNNGQTGVEAKLNAA YASGGAEMALMTVQDLLDINV

**Table 25: Comparative Sequences relating to SAG0368  
(protein of unknown function)**

SEQ2558	NPKTNKTTMTSLERDVLIKLSGPKNNGQTGVEAKLNAAVASGGAEMALMTVQDLLDINV
SEQ2559	NPKTNKTTMTSLERDVLIKLSGPKNNGQTGVEAKLNAAVASGGAEMALMTVQDLLDINV
SEQ2550	YFMQINMQGLVDLVNAVGGITVTNKFDFFISIAANEPEYKAVVEPGTHKINGEQALVYS
SEQ2551	NYARISFSQCCWWYNS-----NILSNINCCQTRVQGCCTRDNTNKWRTSTCLFSY
SEQ2552	YFMQINMQGLVDLVNAVGGITVTNKFDFFISIAANEPEYKAVVEPGTHKINGEQALVYS
SEQ2553	YFMQINMQGLVDLVNAVGGITVTNKFDFFISIAANEPEYKAVVEPGTHKINGEQALVYS
SEQ2554	YFMQINMQGLVDLVNAVGGITVTNKFDFFISIAANEPEYKAVVEPGTHKINGEQALVYS
SEQ2555	YFMQINMQGLVDLVNAVGGITVTNKFDFFISIAANEPEYKAVVEPGTHKINGEQALVYS
SEQ2556	YFMQINMQGLVDLVNAVGGITVTNKFDFFISIAANEPEYKAVVEPGTHKINGEQALVYS
SEQ2557	YFMQINMQGLVDLVNAVGGITVTNKFDFFISIAANEPEYKAVVEPGTHKINGEQALVYS
SEQ2558	YFMQINMQGLVDLVNAVGGITVTNKFDFFISIAANEPEYKAVVEPGTHKINGEQALVYS
SEQ2559	YFMQINMQGLVDLVNAVGGITVTNKFDFFISIAANEPEYKAVVEPGTHKINGEQALVYS
SEQ2550	MRYDDPEGDYGRQKRQREVIQKVLKKILALNSISSYKKILSAVSNMQTNIIEISSKTIP
SEQ2551	LSRGLWASKKTTSSNSKSPKNIGVKYFIQKNSFRSKHANYDIIKNDSEFVSLRFIGTYI-
SEQ2552	MRYDDPEGDYGRQKRQREVIQKVLKKILALNSISSYKKILSAVSNMQTNIIEISSKTIP
SEQ2553	MRYDDPEGDYGRQKRQREVIQKVLKKILALNSISSYKKILSAVSNMQTNIIEISSKTIP
SEQ2554	MRYDDPEGDYGRQKRQREVIQKVLKKILALNSISSYKKILSAVSNMQTNIIEISSKTIP
SEQ2555	MRYDDPEGDYGRQKRQREVIQKVLKKILALNSISSYKKILSAVSNMQTNIIEISSKTIP
SEQ2556	MRYDDPEGDYGRQKRQREVIQKVLKKILALNSISSYKKILSAVSNMQTNIIEISSKTIP
SEQ2557	MRYDDPEGDYGRQKRQREVIQKVLKKILALNSISSYKKILSAVSNMQTNIIEISSKTIP
SEQ2558	MRYDDPEGDYGRQKRQREVIQKVLKKILALNSISSYKKILSAVSNMQTNIIEISSKTIP
SEQ2559	MRYDDPEGDYGRQKRQREVIQKVLKKILALNSISSYKKILSAVSNMQTNIIEISSKTIP
SEQ2550	LLAYKDSLEHIKSYQLKGEDATLSDGGSYQILTKKHLLAVQNRIKKELDKRSKTLKTS
SEQ2551	L-SVERRRYFIRWLLSNFNETSTCSSKNERTRKANSEDKRDSIRLLWYYCFFYLFINT
SEQ2552	LLAYKDSLEHIKSYQLKGEDATLSDGGSYQILTKKHLLAVQNRIKKELDKRSKTLKTS
SEQ2553	LLAYKDSLEHIKSYQLKGEDATLSDGGSYQILTKKHLLAVQNRIKKELDKRSKTLKTS
SEQ2554	LLAYKDSLEHIKSYQLKGEDATLSDGGSYQILTKKHLLAVQNRIKKELDKRSKTLKTS
SEQ2555	LLAYKDSLEHIKSYQLKGEDATLSDGGSYQILTKKHLLAVQNRIKKELDKRSKTLKTS
SEQ2556	LLAYKDSLEHIKSYQLKGEDATLSDGGSYQILTKKHLLAVQNRIKKELDKRSKTLKTS
SEQ2557	LLAYKDSLEHIKSYQLKGEDATLSDGGSYQILTKKHLLAVQNRIKKELDKRSKTLKTS
SEQ2558	LLAYKDSLEHIKSYQLKGEDATLSDGGSYQILTKKHLLAVQNRIKKELDKRSKTLKTS
SEQ2559	LLAYKDSLEHIKSYQLKGEDATLSDGGSYQILTKKHLLAVQNRIKKELDKRSKTLKTS
SEQ2550	ILYEDYYGTTASNDSSSTYSSTQENNYNTTPYSEAPPSYSGNTTYSSETNQTHQNYNS
SEQ2551	ELY-----NTLFRST-----TKLQWYLFDSNNSSKLLHSCLOH
SEQ2552	ILYEDYYGTTASNDSSSTYSSTQENNYNTTPYSEAPPSYSGNTTYSSETNQTHQNYNS
SEQ2553	ILYEDYYGTTASNDSSSTYSSTQENNYNTTPYSEAPPSYSGNTTYSSETNQTHQNYNS
SEQ2554	ILYEDYYGTTASNDSSSTYSSTQENNYNTTPYSEAPPSYSGNTTYSSETNQTHQNYNS
SEQ2555	ILYEDYYGTTASNDSSSTYSSTQENNYNTTPYSEAPPSYSGNTTYSSETNQTHQNYNS
SEQ2556	ILYEDYYGTTASNDSSSTYSSTQENNYNTTPYSEAPPSYSGNTTYSSETNQTHQNYNS
SEQ2557	ILYEDYYGTTASNDSSSTYSSTQENNYNTTPYSEAPPSYSGNTTYSSETNQTHQNYNS
SEQ2558	ILYEDYYGTTASNDSSSTYSSTQENNYNTTPYSEAPPSYSGNTTYSSETNQTHQNYNS
SEQ2559	ILYEDYYGTTASNDSSSTYSSTQENNYNTTPYSEAPPSYSGNTTYSSETNQTHQNYNS
SEQ2550	TPASNYSSNTNTGQADSSGSVNNHNGAATPNP-----
SEQ2551	RSGFKWKQCSWGCNAS-----
SEQ2552	TPASNYSSNTNTGQADSSGSVNNHNGAATPNP-----
SEQ2553	TPASNYSSNTNTGQADSSGSVNNHNGAATPNP-----
SEQ2554	TPASNYSSNTNTGQADSSGSVNNHNGAATPNP-----
SEQ2555	-----
SEQ2556	RSGFKWKCLRGCNASKHRNATSTRSNS-----
SEQ2557	TPASNYSSNTNTGQADSSGSVNNHNGAATPNP-----
SEQ2558	TPASNYSSNTNTGQADSSGSVNNHNGAATPNP-----
SEQ2559	TPASNYSSNTNTGQADSSGSVNNHNGAATPNPNTGTQPVPGQTNP

**Table 26: Comparative Sequences relating to SAG0503 (lipase/acylhydrolase)**

**SEQ ID NO. 2601: SAG0503 FROM THE 090 GBS TYPE Ia STRAIN  
(REVERSE COMPLEMENT)**

GGGCACAAGTTTGTACAAAAAGCAGGCTCTATTTTTTCCTTGATCATTCCAAAATCAAATCCTAAATTAACAAAAA  
AGACTTCCTAACAAAGAAAGTTATCCCACTTAACATATGTTGCTCTTGGAGATTCTCTGACCGAAGGTGTGGGCGATAC  
AACCTCTCAAGGTGGTTTTGTCCCACTGCTATCAGAATCACTCCATAATCGATACTCTTACCAAGTGACTTCTGTTAA  
TTATGGTGTGCTCTGGGAATACTAGTCAACAAATTTTAAACGTATGACGACAGATCCTCAAATCGAAAAAGATTTAGA  
GAAAGCTGATTTATTGACGCTAACTGTTGGTGGTAATGATGTCTTGGCTGTTATTTCGTAAAGAGCTCAGTCATTTATC  
ACTAAATTCCTTTGAGAAACCAGCAGAAGCATATAAGGAACGTTTGAAAGAAATACTTGCAAAAGCAAGACAAGATAA  
TCCTAAATTGCCTATTTATGTTTATAGGCATTATAATCCTTTTACCTAACTTTCCACAATTAATAAAATGCAAAC  
CGTTATTGATAATTGGAATAAAGCTACAAAAGAAGTAGTTGATGCTTCAGAAAATGTTTATTTTGTCCCAATTAATGA  
CCGCTTTATAAGGAATAAATGGTAAAGAGGGTATTACAGAGTCATCAAATAGTCAGGCAAGTATCACTAATGATGC  
TCTCTTACTGGAGACCATTTTCATCCCAATAATATTGGCTATCAAATCATGTCTAACGCCGTTATGGAGAAAATAAA  
TGAAACAAGAAAAAAGCTGGCCGAACCCAGCTTTCTTGTAACAAAG

**SEQ ID NO. 2602: SAG0503 FROM THE H36b GBS TYPE Ib STRAIN  
(REVERSE COMPLEMENT)**

TTTGTACAAAAAGCAGGCTCTATTTTTTCCTTGATCATTCCAAAATCAAATCCTAAATTAACAAAAAAGACTTCCT  
AACAAAGAAAGTTATCCCACTTAACATATGTTGCTCTTGGAGATTCTCTGACCGAAGGTGTGGGCGATACAACTCTCA  
AGGTGGTTTTGTTCCCACTGCTATCAGAATCACTCCATAATCGATACTCTTACCAAGTGACTTCTGTTAATTATGGTGT  
GTCTGGGAATACTAGTCAACAAATTTTAAACGTATGACGACAGATCCTCAAATCGAAAAAGATTTAGAGAAAGCTGA  
TTTATTGACGCTAACTGTTGGTGGTAATGATGTCTTGGCTGTTATTTCGTAAAGAGCTCAGTCATTTATCACTAAATTC  
CTTTGAGAAACCAGCAGAAGCATATAAGGAACGTTTGAAAGAAATCCTTGCAAAAGCAAGACAAGATAATCCTAAAT  
GCCTATTTATGTTTATAGGCATTATAATCCTTTTACCTAACTTTCCACAATTAATAAAATGCAAACCGTTATTGA  
TAATTGGAATAAAGCTACAAAAGAAGTAGTTGATGCTTCAGAAAATGTTTATTTTGTCCCAATTAATGACCGCCTTTA  
TAAGGGAATAAATGGTAAAGAGGGTATTATAGAGTCATCAAATAGTCAGGCAAGTATCACTAATGATGCTCTCTTTAC  
TGGAGACCATTTTCATCCCAATAATATTGGCTATCAAATCATGTCTAACGCCGTTATGGAGAAAATAAATGAAACAAG  
AAAAAAGCTGGCCGAACCCAGCTTTCTTGTAACAAAGTGGTCC

**SEQ ID NO. 2603: SAG0503 FROM THE 18RS21 GBS TYPE II STRAIN (REVERSE  
COMPLEMENT)**

GTTTGTACAAAAAGCAGGCTCTATTTTTTCCTTGATCATTCCAAAATCAAATCCTAAATTAACAAAAAAGACTTCC  
TAACAAAGAAAGTTATCCCACTTAACATATGTTGCTCTTGGAGATTCTCTGACCGAAGGTGTGGGCGATACAACTCTC  
AAGGTGGTTTTGTTCCCACTGCTATCAGAATCACTCCATAATCGATACTCTTACCAAGTGACTTCTGTTAATTATGGTGT  
TGTCTGGGAATACTAGTCAACAAATTTTAAACGTATGACGACAGATCCTCAAATCGAAAAAGATTTAGAGAAAGCTG  
ATTTATTGACGCTAACTGTTGGTGGTAATGATGTCTTGGCTGTTATTTCGTAAAGAGCTCAGTCATTTATCACTAAAT  
CCTTTGAGAAACCAGCAGAAGCATATAAGGAACGTTTGAAAGAAATCCTTGCAAAAGCAAGACAAGATAATCCTAAAT  
TGCCTATTTATGTTTATAGGCATTATAATCCTTTTACCTAACTTTCCACAATTAATAAAATGCAAACCGTTATTG  
ATAATTGGAATAAAGCTACAAAAGAAGTAGTTGATGCTTCAGAAAATGTTTATTTTGTCCCAATTAATGACCGCCTTT  
ATAAGGGAATAAATGGTAAAGAGGGTATTACAGAGTCATCAAATAGTCAGGCAAGTATCACTAATGATGCTCTCTTTA  
CTGGAGACCATTTTCATCCCAATAATATTGGCTATCAAATCATGTCTAACGCCGTTATGGAGAAAATAAATGAAACAAG  
GAAAAAAGCTGGCCGAACCCAGCTTTCTTGTAACAA

**SEQ ID NO. 2604: SAG0503 FROM THE COH1 GBS TYPE III STRAIN (REVERSE  
COMPLEMENT)**

GGACAAGTTTGTACAAAAAGCAGGCTCTATTTTTTCCTTGATCATTCCAAAATCAAATCCTAAATTAACAAAAAAG  
ACTTCCTAACAAAGAAAGTTATCCCACTTAACATATGTTGCTCTTGGAGATTCTCTGACCGAAGGTGTGGGCGATACAA  
CCTCTCAAGGTGGTTTTGTCCCACTGCTATCAGAATCACTCCATAATCGATACTCTTACCAAGTGACTTCTGTTAATT  
ATGGTGTGCTCTGGGAATACTAGTCAACAAATTTTAAACGTATGACGACAGATCCTCAAATCGAAAAAGATTTAGAGA  
AAGCTGATTTATTGACGCTAACTGTTGGTGGTAATGATGTCTTGGCTGTTATTTCGTAAAGAGCTCAGTCATTTATCAC  
TAAATTCCTTTGAGAAACCAGCAGAAGCATATAAGGAACGTTTGAAAGAAATTCCTTGCAAAAGCAAGACAAGATAATC  
CTAAATTGCCTATTTATGTTTATAGGCATTATAATCCTTTTACCTAACTTTCCACAATTAATAAAATGCAAACCG  
TTATTGATAAATTGGAATAAAGCTACAAAAGAAGTAGTTGATGCTTCAGAAAATGTTTATTTTGTCCCAATTAATGACC  
GCCTTTATAAGGAATAAATGGTAAAGAGGGTATTACAGAGTCATCAAATAGTCAGGCAAGTATCACTAATGATGCTC  
TCTTTACTGGAGACCATTTTCATCCCAATAATATTGGCTATCAAATCATGTCTAACGCCGTTATGGAGAAAATAAATG  
AAACAAGAAAAAAGCTGGCCGAACCCAGCTTTCTTGTAACAA

**Table 26: Comparative Sequences relating to SAG0503 (lipase/acylhydrolase)**

**SEQ ID NO. 2605: SAG0503 FROM THE CJB110 GBS NONTYPEABLE STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)**

GTTTGTACAAAAAGCAGGCTCTATTTTTTTCCTTGATCATTCCAAAATCAAATCCTAAATTAACAAAAAAGACTTCC  
TAACAAAGAAAGTTATCCCACTTAACATATGTTGCTCTTGAGATTCTCTGACCGAAGGTGTGGGCGATACAACCTCTC  
AAGGTGGTTTTGTCCCACCTGCTATCAGAATCACTCCATAATCGATACCTTACCAAGTGACTTCTGTTAATTATGGTG  
TGTCTGGGAATACTAGTCAACAAATTTTAAAACGTATGACGACAGATCCTCAAATCGAAAAAGATTTAGAGAAAGCTG  
ATTTATTGACGCTAACTGTTGGTGGTAATGATGTCCTGGCTGTTATTTCGTAAAGAGCTCAGTCATTTATCACTAAAT  
CCTTTGAGAAACCAGCAGAACATATAAGGAACGTTTGAAAGAAATACTTGCAAAAGCAAGACAAGATAATCCTAAAT  
TGCCTATTTATGTTTTAGGCATTTATAATCCTTTTTTACCTAAACTTTCCACAATTAACATAAAATGCAAAACCGTTATTG  
ATAATTGGAATAAAGCTACAAAAGAAGTAGTTGATGCTTCAGAAAATGTTTATTTTGTCCCAATTAATGACCGCCTTT  
ATAAGGGAATAAATGGTAAAGAGGGTATTACAGAGTCATCAAATAGTCAGGCAAGTATCACTAATGATGCTCTCTTTA  
CTGGAGACCATTTTCATCCCAATAATATTGGCTATCAAATCATGTCTAACGCCGTTATGGAGAAAATAAATGAAACAA  
GAAAAAAGCTGGCCGAACCCAGCTTTCTTGTACAA

**SEQ ID NO. 2606: SAG0503 FROM THE 1169NT1 GBS TYPE V STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)**

GTTTGTACAAAAAGCAGGCTCTATTTTTTTCCTTGATCATTCCAAAATCAAATCCTAAATTAACAAAAAAGACTTCC  
TAACAAAGAAAGTTATCCCACTTAACATATGTTGCTCTTGAGATTCTCTGACCGAAGGTGTGGGCGATACAACCTCTC  
AAGGTGGTTTTGTCCCACCTGCTATCAGAATCACTCCATAATCGATACCTTACCAAGTGACTTCTGTTAATTATGGTG  
TGTCTGGGAATACTAGTCAACAAATTTTAAAACGTATGACGACAGATCCTCAAATCGAAAAAGATTTAGAGAAAGCTG  
ATTTATTGACGCTAACTGTTGGTGGTAATGATGTCCTGGCTGTTATTTCGTAAAGAGCTCAGTCATTTATCACTAAAT  
CCTTTGAGAAACCAGCAGAACATATAAGGAACGTTTGAAAGAAATCCTTGCAAAAGCAAGACAAGATAATCCTAAAT  
TGCCTATTTATGTTTTAGGCATTTATAATCCTTTTTTACCTAAACTTTCCACAATTAACATAAAATGCAAAACCGTTATTG  
ATAATTGGAATAAAGCTACAAAAGAAGTAGTTGATGCTTCAGAAAATGTTTATTTTGTCCCAATTAATGACCGCCTTT  
ATAAGGGAATAAATGGTAAAGAGGGTATTACAGAGTCATCAAATAGTCAGGCAAGTATCACTAATGATGCTCTCTTTA  
CTGGAGACCATTTTCATCCCAATAATATTGGCTATCAAATCATGTCTAACGCCGTTATGGAGAAAATAAATGAAACAA  
GAAAAAAGCTGGCCGAACCCAGCTTTCTTGTACAA

**SEQ ID NO. 2607: SAG0503 FROM THE JM9130013 GBS TYPE VIII STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)**

GTTTGTACAAAAAGCAGGCTCTATTTTTTTCCTTGATCATTCCAAAATCAAATCCTAAATTAACAAAAAAGACTTCC  
TAACAAAGAAAGTTATCCCACTTAACATATGTTGCTCTTGAGATTCTCTGACCGAAGGTGTGGGCGATACAACCTCTC  
AAGGTGGTTTTGTCCCACTGCTATCAGAATCACTCCATAATCGATACCTTACCAAGTGACTTCTGTTAATTATGGTG  
TGTCTGGGAATACTAGTCAACAAATTTTAAAACGTATGACGACAGATCCTCAAATCGAAAAAGATTTAGAGAAAGCTG  
ATTTATTGACGCTAACTGTTGGTGGTAATGATGTCCTGGCTGTTATTTCGTAAAGAGCTCAGTCATTTATCACTAAAT  
CCTTTGAGAAACCAGCAGAACATATAAGGAACGTTTGAAAGAAATCCTTGCAAAAGCAAGACAAGATAATCCTAAAT  
TGCCTATTTATGTTTTAGGCATTTATAATCCTTTTTTACCTAAACTTTCCACAATTAACATAAAATGCAAAACCGTTATTG  
ATAATTGGAATAAAGCTACAAAAGAAGTAGTTGATGCTTCAGAAAATGTTTATTTTGTCCCAATTAATGACCGCCTTT  
ATAAGGGAATAAATGGTAAAGAGGGTATTACAGAGTCATCAAATAGTCAGGCAAGTATCACTAATGATGCTCTCTTTA  
CTGGAGACCATTTTCATCCCAATAATATTGGCTATCAAATCATGTCTAACGCCGTTATGGAGAAAATAAATGAAACAA  
GAAAAAAGCTGGCCGAACCCAGCTTTCTTGTACAA

**SEQ ID NO. 2608: SAG0503 FROM THE 2603 V/R GBS TYPE V STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)**

AGTTTGTACAAAAAGCAGGCTCTATTTTTTTCCTTGATCATTCCAAAATCAAATCCTAAATTAACAAAAAAGACTTCC  
CTAACAAAGAAAGTTATCCCACTTAACATATGTTGCTCTTGAGATTCTCTGACCGAAGGTGTGGGCGATACAACCTCTC  
CAAGGTGGTTTTGTCCCACTGCTATCAGAATCACTCCATAATCGATACCTTACCAAGTGACTTCTGTTAATTATGGTG  
GTGCTGCGGAATACTAGTCAACAAATTTTAAAACGTATGACGACAGATCCTCAAATCGAAAAAGATTTAGAGAAAGCT  
GATTTATTGACGCTAACTGTTGGTGGTAATGATGTCCTGGCTGTTATTTCGTAAAGAGCTCAGTCATTTATCACTAAAT  
TCCTTTGAGAAACCAGCAGAACATATAAGGAACGTTTGAAAGAAATCCTTGCAAAAGCAAGACAAGATAATCCTAAA  
TTGCCTATTTATGTTTTAGGCATTTATAATCCTTTTTTACCTAAACTTTCCACAATTAACATAAAATGCAAAACCGTTATT  
GATAATTGGAATAAAGCTACAAAAGAAGTAGTTGATGCTTCAGAAAATGTTTATTTTGTCCCAATTAATGACCGCCTTT  
TATAAGGGAATAAATGGTAAAGAGGGTATTACAGAGTCATCAAATAGTCAGGCAAGTATCACTAATGATGCTCTCTTT  
ACTGGAGACCATTTTCATCCCAATAATATTGGCTATCAAATCATGTCTAACGCCGTTATGGAGAAAATAAATGAAACA  
AGAAAAAAGCTGGCCGAACCCAGCTTTCTTGTACAAAGTG



Table 26: Comparative Sequences relating to SAG0503 (lipase/acylhydrolase)

SEQ ID NO. 2609: SAG0503 FROM THE M781 GBS TYPE III STRAIN  
(REVERSE COMPLEMENT)

GGACAAGTTTGTACAAAAAAGCAGGCTCTATTTTTTTCCTTGATCATTCCAAAATCAAATCCTAAATTAACAAAAAAG  
ACTTCCTAACAAAGAAAGTTATCCCACTTAAGTATGTTGCTCTTGGAGATTCTCTGACCGAAGGTGTGGGGATACAA  
CCTCTCAAGGTGGTTTTGTCCCACTGCTATCAGAATCACTCCATAATCGATACTCTTACCAAGTGACTTCTGTTAATT  
ATGGTGTGCTCTGGGAATACTAGTCAACAAATTTTAAACGTATGACGACAGATCCTCAAATCGAAAAAGATTTAGAGA  
AAGCTGATTTATTGACGCTAACTGTTGGTGGTAATGATGTCTTGGCTGTTATTTCGTAAAGAGCTCAGTCATTTATC  
TAAATTCCTTTGAGAAACCAGCAGAGCATATAAGGAACGTTTGAAGAAATTCCTTGCAAAAGCAAGACAAGATAATC  
CTAAATTGCCTATTTATGTTTTAGGCATTTATAATCCTTTTTTACCTAACTTTCCACAATTAAGTAAATGCAACCG  
TTATTGATAATTGGAATAAGCTACAAAGAAAGTAGTTGATGCTTCAGAAAATGTTTATTTTGTCCCAATTAATGACC  
GCCTTTATAAGGGAATAAATGGTAAAGAGGGTATTACAGAGTCATCAAATAGTCAGGCAAGTATCACTAATGATGCTC  
TCTTTACTGGAGACCAATTTTCATCCCAATAATATTGGCTATCAAATCATGTCTAACGCCGTTATGGAGAAAAATAATG  
AAACAAGAAAAAAGTGGCCGAACCCAGCTTTCTTGACAAA

SEQ2601 GGCACAAGTTTGTACAAAAAAGCAGGCTCTATTTTTTTCCTTGATCATTCCAAAATCAA  
SEQ2602 -----TTTGTACAAAAAAGCAGGCTCTATTTTTTTCCTTGATCATTCCAAAATCAA  
SEQ2603 -----GTTTGTACAAAAAAGCAGGCTCTATTTTTTTCCTTGATCATTCCAAAATCAA  
SEQ2604 GGCACAAGTTTGTACAAAAAAGCAGGCTCTATTTTTTTCCTTGATCATTCCAAAATCAA  
SEQ2605 -----GTTTGTACAAAAAAGCAGGCTCTATTTTTTTCCTTGATCATTCCAAAATCAA  
SEQ2606 -----GTTTGTACAAAAAAGCAGGCTCTATTTTTTTCCTTGATCATTCCAAAATCAA  
SEQ2607 -----GTTTGTACAAAAAAGCAGGCTCTATTTTTTTCCTTGATCATTCCAAAATCAA  
SEQ2608 -----AGTTTGTACAAAAAAGCAGGCTCTATTTTTTTCCTTGATCATTCCAAAATCAA  
SEQ2609 GGCACAAGTTTGTACAAAAAAGCAGGCTCTATTTTTTTCCTTGATCATTCCAAAATCAA

SEQ2601 TCCTAAATTAACAAAAAAGACTTCCTAACAAAGAAAGTTATCCCACTTAAGTATGTTGC  
SEQ2602 TCCTAAATTAACAAAAAAGACTTCCTAACAAAGAAAGTTATCCCACTTAAGTATGTTGC  
SEQ2603 TCCTAAATTAACAAAAAAGACTTCCTAACAAAGAAAGTTATCCCACTTAAGTATGTTGC  
SEQ2604 TCCTAAATTAACAAAAAAGACTTCCTAACAAAGAAAGTTATCCCACTTAAGTATGTTGC  
SEQ2605 TCCTAAATTAACAAAAAAGACTTCCTAACAAAGAAAGTTATCCCACTTAAGTATGTTGC  
SEQ2606 TCCTAAATTAACAAAAAAGACTTCCTAACAAAGAAAGTTATCCCACTTAAGTATGTTGC  
SEQ2607 TCCTAAATTAACAAAAAAGACTTCCTAACAAAGAAAGTTATCCCACTTAAGTATGTTGC  
SEQ2608 TCCTAAATTAACAAAAAAGACTTCCTAACAAAGAAAGTTATCCCACTTAAGTATGTTGC  
SEQ2609 TCCTAAATTAACAAAAAAGACTTCCTAACAAAGAAAGTTATCCCACTTAAGTATGTTGC

SEQ2601 TCTTGGAGATTCTCTGACCGAAGGTGTGGGCGATACAACTCTCAAGGTGGTTTTGTCCC  
SEQ2602 TCTTGGAGATTCTCTGACCGAAGGTGTGGGCGATACAACTCTCAAGGTGGTTTTGTCCC  
SEQ2603 TCTTGGAGATTCTCTGACCGAAGGTGTGGGCGATACAACTCTCAAGGTGGTTTTGTCCC  
SEQ2604 TCTTGGAGATTCTCTGACCGAAGGTGTGGGCGATACAACTCTCAAGGTGGTTTTGTCCC  
SEQ2605 TCTTGGAGATTCTCTGACCGAAGGTGTGGGCGATACAACTCTCAAGGTGGTTTTGTCCC  
SEQ2606 TCTTGGAGATTCTCTGACCGAAGGTGTGGGCGATACAACTCTCAAGGTGGTTTTGTCCC  
SEQ2607 TCTTGGAGATTCTCTGACCGAAGGTGTGGGCGATACAACTCTCAAGGTGGTTTTGTCCC  
SEQ2608 TCTTGGAGATTCTCTGACCGAAGGTGTGGGCGATACAACTCTCAAGGTGGTTTTGTCCC  
SEQ2609 TCTTGGAGATTCTCTGACCGAAGGTGTGGGCGATACAACTCTCAAGGTGGTTTTGTCCC

SEQ2601 ACTGCTATCAGAATCACTCCATAATCGATACTCTTACCAAGTGACTTCTGTTAATTATGG  
SEQ2602 ACTGCTATCAGAATCACTCCATAATCGATACTCTTACCAAGTGACTTCTGTTAATTATGG  
SEQ2603 ACTGCTATCAGAATCACTCCATAATCGATACTCTTACCAAGTGACTTCTGTTAATTATGG  
SEQ2604 ACTGCTATCAGAATCACTCCATAATCGATACTCTTACCAAGTGACTTCTGTTAATTATGG  
SEQ2605 ACTGCTATCAGAATCACTCCATAATCGATACTCTTACCAAGTGACTTCTGTTAATTATGG  
SEQ2606 ACTGCTATCAGAATCACTCCATAATCGATACTCTTACCAAGTGACTTCTGTTAATTATGG  
SEQ2607 ACTGCTATCAGAATCACTCCATAATCGATACTCTTACCAAGTGACTTCTGTTAATTATGG  
SEQ2608 ACTGCTATCAGAATCACTCCATAATCGATACTCTTACCAAGTGACTTCTGTTAATTATGG  
SEQ2609 ACTGCTATCAGAATCACTCCATAATCGATACTCTTACCAAGTGACTTCTGTTAATTATGG

SEQ2601 TGTGCTGCGGAATACTAGTCAACAAATTTTAAACGTATGACGACAGATCCTCAAATCGA  
SEQ2602 TGTGCTGCGGAATACTAGTCAACAAATTTTAAACGTATGACGACAGATCCTCAAATCGA  
SEQ2603 TGTGCTGCGGAATACTAGTCAACAAATTTTAAACGTATGACGACAGATCCTCAAATCGA  
SEQ2604 TGTGCTGCGGAATACTAGTCAACAAATTTTAAACGTATGACGACAGATCCTCAAATCGA  
SEQ2605 TGTGCTGCGGAATACTAGTCAACAAATTTTAAACGTATGACGACAGATCCTCAAATCGA  
SEQ2606 TGTGCTGCGGAATACTAGTCAACAAATTTTAAACGTATGACGACAGATCCTCAAATCGA  
SEQ2607 TGTGCTGCGGAATACTAGTCAACAAATTTTAAACGTATGACGACAGATCCTCAAATCGA  
SEQ2608 TGTGCTGCGGAATACTAGTCAACAAATTTTAAACGTATGACGACAGATCCTCAAATCGA  
SEQ2609 TGTGCTGCGGAATACTAGTCAACAAATTTTAAACGTATGACGACAGATCCTCAAATCGA

SEQ2601 AAAAGATTAGAGAAAGCTGATTTATTGACGCTAACTGTTGGTGGTAATGATGCTTGGC  
SEQ2602 AAAAGATTAGAGAAAGCTGATTTATTGACGCTAACTGTTGGTGGTAATGATGCTTGGC

**Table 26: Comparative Sequences relating to SAG0503 (lipase/acylhydrolase)**

SEQ2603	AAAAGATTAGAGAAAGCTGATTATTGACGCTAACTGTTGGTGTAATGATGTCTTGGC
SEQ2604	AAAAGATTAGAGAAAGCTGATTATTGACGCTAACTGTTGGTGTAATGATGTCTTGGC
SEQ2605	AAAAGATTAGAGAAAGCTGATTATTGACGCTAACTGTTGGTGTAATGATGTCTTGGC
SEQ2606	AAAAGATTAGAGAAAGCTGATTATTGACGCTAACTGTTGGTGTAATGATGTCTTGGC
SEQ2607	AAAAGATTAGAGAAAGCTGATTATTGACGCTAACTGTTGGTGTAATGATGTCTTGGC
SEQ2608	AAAAGATTAGAGAAAGCTGATTATTGACGCTAACTGTTGGTGTAATGATGTCTTGGC
SEQ2609	AAAAGATTAGAGAAAGCTGATTATTGACGCTAACTGTTGGTGTAATGATGTCTTGGC
SEQ2601	TGTTATTTCGTAAAGAGCTCAGTCATTTATCACTAAATTCCTTTGAGAAACCAGCAGAAGC
SEQ2602	TGTTATTTCGTAAAGAGCTCAGTCATTTATCACTAAATTCCTTTGAGAAACCAGCAGAAGC
SEQ2603	TGTTATTTCGTAAAGAGCTCAGTCATTTATCACTAAATTCCTTTGAGAAACCAGCAGAAGC
SEQ2604	TGTTATTTCGTAAAGAGCTCAGTCATTTATCACTAAATTCCTTTGAGAAACCAGCAGAAGC
SEQ2605	TGTTATTTCGTAAAGAGCTCAGTCATTTATCACTAAATTCCTTTGAGAAACCAGCAGAAGC
SEQ2606	TGTTATTTCGTAAAGAGCTCAGTCATTTATCACTAAATTCCTTTGAGAAACCAGCAGAAGC
SEQ2607	TGTTATTTCGTAAAGAGCTCAGTCATTTATCACTAAATTCCTTTGAGAAACCAGCAGAAGC
SEQ2608	TGTTATTTCGTAAAGAGCTCAGTCATTTATCACTAAATTCCTTTGAGAAACCAGCAGAAGC
SEQ2609	TGTTATTTCGTAAAGAGCTCAGTCATTTATCACTAAATTCCTTTGAGAAACCAGCAGAAGC
SEQ2601	ATATAAGGAACGTTTGAAAGAAATCTTGCAAAAGCAAGACAAGATAATCCTAAATTGCC
SEQ2602	ATATAAGGAACGTTTGAAAGAAATCCTTGCAAAAGCAAGACAAGATAATCCTAAATTGCC
SEQ2603	ATATAAGGAACGTTTGAAAGAAATCCTTGCAAAAGCAAGACAAGATAATCCTAAATTGCC
SEQ2604	ATATAAGGAACGTTTGAAAGAAATCCTTGCAAAAGCAAGACAAGATAATCCTAAATTGCC
SEQ2605	ATATAAGGAACGTTTGAAAGAAATCCTTGCAAAAGCAAGACAAGATAATCCTAAATTGCC
SEQ2606	ATATAAGGAACGTTTGAAAGAAATCCTTGCAAAAGCAAGACAAGATAATCCTAAATTGCC
SEQ2607	ATATAAGGAACGTTTGAAAGAAATCCTTGCAAAAGCAAGACAAGATAATCCTAAATTGCC
SEQ2608	ATATAAGGAACGTTTGAAAGAAATCCTTGCAAAAGCAAGACAAGATAATCCTAAATTGCC
SEQ2609	ATATAAGGAACGTTTGAAAGAAATCCTTGCAAAAGCAAGACAAGATAATCCTAAATTGCC
SEQ2601	TATTTATGTTTTAGGCATTTATAATCCTTTTTACCTAAACTTTCCACAATTAACATAAAAT
SEQ2602	TATTTATGTTTTAGGCATTTATAATCCTTTTTACCTAAACTTTCCACAATTAACATAAAAT
SEQ2603	TATTTATGTTTTAGGCATTTATAATCCTTTTTACCTAAACTTTCCACAATTAACATAAAAT
SEQ2604	TATTTATGTTTTAGGCATTTATAATCCTTTTTACCTAAACTTTCCACAATTAACATAAAAT
SEQ2605	TATTTATGTTTTAGGCATTTATAATCCTTTTTACCTAAACTTTCCACAATTAACATAAAAT
SEQ2606	TATTTATGTTTTAGGCATTTATAATCCTTTTTACCTAAACTTTCCACAATTAACATAAAAT
SEQ2607	TATTTATGTTTTAGGCATTTATAATCCTTTTTACCTAAACTTTCCACAATTAACATAAAAT
SEQ2608	TATTTATGTTTTAGGCATTTATAATCCTTTTTACCTAAACTTTCCACAATTAACATAAAAT
SEQ2609	TATTTATGTTTTAGGCATTTATAATCCTTTTTACCTAAACTTTCCACAATTAACATAAAAT
SEQ2601	GCAAACCGTTATTGATAATTGGAATAAAGCTACAAAAGAAGTAGTTGATGCTTCAGAAAA
SEQ2602	GCAAACCGTTATTGATAATTGGAATAAAGCTACAAAAGAAGTAGTTGATGCTTCAGAAAA
SEQ2603	GCAAACCGTTATTGATAATTGGAATAAAGCTACAAAAGAAGTAGTTGATGCTTCAGAAAA
SEQ2604	GCAAACCGTTATTGATAATTGGAATAAAGCTACAAAAGAAGTAGTTGATGCTTCAGAAAA
SEQ2605	GCAAACCGTTATTGATAATTGGAATAAAGCTACAAAAGAAGTAGTTGATGCTTCAGAAAA
SEQ2606	GCAAACCGTTATTGATAATTGGAATAAAGCTACAAAAGAAGTAGTTGATGCTTCAGAAAA
SEQ2607	GCAAACCGTTATTGATAATTGGAATAAAGCTACAAAAGAAGTAGTTGATGCTTCAGAAAA
SEQ2608	GCAAACCGTTATTGATAATTGGAATAAAGCTACAAAAGAAGTAGTTGATGCTTCAGAAAA
SEQ2609	GCAAACCGTTATTGATAATTGGAATAAAGCTACAAAAGAAGTAGTTGATGCTTCAGAAAA
SEQ2601	TGTTTATTTTGTCCCAATTAATGACCGCCTTTATAAGGGAATAAATGGTAAAGAGGGTAT
SEQ2602	TGTTTATTTTGTCCCAATTAATGACCGCCTTTATAAGGGAATAAATGGTAAAGAGGGTAT
SEQ2603	TGTTTATTTTGTCCCAATTAATGACCGCCTTTATAAGGGAATAAATGGTAAAGAGGGTAT
SEQ2604	TGTTTATTTTGTCCCAATTAATGACCGCCTTTATAAGGGAATAAATGGTAAAGAGGGTAT
SEQ2605	TGTTTATTTTGTCCCAATTAATGACCGCCTTTATAAGGGAATAAATGGTAAAGAGGGTAT
SEQ2606	TGTTTATTTTGTCCCAATTAATGACCGCCTTTATAAGGGAATAAATGGTAAAGAGGGTAT
SEQ2607	TGTTTATTTTGTCCCAATTAATGACCGCCTTTATAAGGGAATAAATGGTAAAGAGGGTAT
SEQ2608	TGTTTATTTTGTCCCAATTAATGACCGCCTTTATAAGGGAATAAATGGTAAAGAGGGTAT
SEQ2609	TGTTTATTTTGTCCCAATTAATGACCGCCTTTATAAGGGAATAAATGGTAAAGAGGGTAT
SEQ2601	TACAGAGTCATCAAAATAGTCAGGCAAGTATCACTAATGATGCTCTCTTTACTGGAGACCA
SEQ2602	TATAGAGTCATCAAAATAGTCAGGCAAGTATCACTAATGATGCTCTCTTTACTGGAGACCA
SEQ2603	TACAGAGTCATCAAAATAGTCAGGCAAGTATCACTAATGATGCTCTCTTTACTGGAGACCA
SEQ2604	TACAGAGTCATCAAAATAGTCAGGCAAGTATCACTAATGATGCTCTCTTTACTGGAGACCA
SEQ2605	TACAGAGTCATCAAAATAGTCAGGCAAGTATCACTAATGATGCTCTCTTTACTGGAGACCA
SEQ2606	TACAGAGTCATCAAAATAGTCAGGCAAGTATCACTAATGATGCTCTCTTTACTGGAGACCA
SEQ2607	TACAGAGTCATCAAAATAGTCAGGCAAGTATCACTAATGATGCTCTCTTTACTGGAGACCA
SEQ2608	TACAGAGTCATCAAAATAGTCAGGCAAGTATCACTAATGATGCTCTCTTTACTGGAGACCA
SEQ2609	TACAGAGTCATCAAAATAGTCAGGCAAGTATCACTAATGATGCTCTCTTTACTGGAGACCA
SEQ2601	TTTTCATCCCAATAATATTGGCTATCAAAATCATGTCTAACGCCGTTATGGAGAAAATAAA
SEQ2602	TTTTCATCCCAATAATATTGGCTATCAAAATCATGTCTAACGCCGTTATGGAGAAAATAAA

**Table 26: Comparative Sequences relating to SAG0503 (lipase/acylhydrolase)**

SEQ2603 TTTTCATCCCAATAATATTGGCTATCAAATCATGTCTAACGCCGTTATGGAGAAAATAAA

SEQ2604 TTTTCATCCCAATAATATTGGCTATCAAATCATGTCTAACGCCGTTATGGAGAAAATAAA

SEQ2605 TTTTCATCCCAATAATATTGGCTATCAAATCATGTCTAACGCCGTTATGGAGAAAATAAA

SEQ2606 TTTTCATCCCAATAATATTGGCTATCAAATCATGTCTAACGCCGTTATGGAGAAAATAAA

SEQ2607 TTTTCATCCCAATAATATTGGCTATCAAATCATGTCTAACGCCGTTATGGAGAAAATAAA

SEQ2608 TTTTCATCCCAATAATATTGGCTATCAAATCATGTCTAACGCCGTTATGGAGAAAATAAA

SEQ2609 TTTTCATCCCAATAATATTGGCTATCAAATCATGTCTAACGCCGTTATGGAGAAAATAAA

SEQ2601 TGAAACAAGAAAAAACTGGCCGAACCCAGCTTTCTTGACAAAG-----

SEQ2602 TGAAACAAGAAAAAACTGGCCGAACCCAGCTTTCTTGACAAAGTGGTCC-----

SEQ2603 TGAAACAAGAAAAAACTGGCCGAACCCAGCTTTCTTGACAA-----

SEQ2604 TGAAACAAGAAAAAACTGGCCGAACCCAGCTTTCTTGACAA-----

SEQ2605 TGAAACAAGAAAAAACTGGCCGAACCCAGCTTTCTTGACAA-----

SEQ2606 TGAAACAAGAAAAAACTGGCCGAACCCAGCTTTCTTGACAA-----

SEQ2607 TGAAACAAGAAAAAACTGGCCGAACCCAGCTTTCTTGACAA-----

SEQ2608 TGAAACAAGAAAAAACTGGCCGAACCCAGCTTTCTTGACAAAGTGG-----

SEQ2609 TGAAACAAGAAAAAACTGGCCGAACCCAGCTTTCTTGACAAATABCARATVSTNCSRA

SEQ2601 -----

SEQ2602 -----

SEQ2603 -----

SEQ2604 -----

SEQ2605 -----

SEQ2606 -----

SEQ2607 -----

SEQ2608 -----

SEQ2609 NGTSAGASACYHYDAS

>SEQ ID NO 2650:103\_090 frame: 2

IFSLIIPKSNPKLTKKDFLTKKVIPLNYVALGDSLTEGVGDTTSQGGFVP  
 LLSLHNRYSYQVTSVNYGVSGNTSQILKRMTTDPQIEKDLEKADLLTLTVGGNDVLA  
 VIRKLSLNSFEKPAEAYKERLKEILAKARQDNPKLPYVLGIYNPFYLNFPQLTKM  
 QTVIDNWNKATKEVVDASENVYFVPINDRLYKINGKEGITESSNSQASITNDALFTGDH  
 FHPNNIGYQIMSNVMEKINETRKNWP

>SEQ ID NO 2651:103\_H36B frame: 2

IFSLIIPKSNPKLTKKDFLTKKVIPLNYVALGDSLTEGVGDTTSQGGFVPLLS  
 ESLHNRYSYQVTSVNYGVSGNTSQILKRMTTDPQIEKDLEKADLLTLTVGGNDVLAVIR  
 KELSHLSLNSFEKPAEAYKERLKEILAKARQDNPKLPYVLGIYNPFYLNFPQLTKMQTV  
 IDNWNKATKEVVDASENVYFVPINDRLYKINGKEGITESSNSQASITNDALFTGDHFHP  
 NNIGYQIMSNVMEKINETRKNWP

>SEQ ID NO 2652:103\_18RS21 frame: 3

IFSLIIPKSNPKLTKKDFLTKKVIPLNYVALGDSLTEGVGDTTSQGGFVPLLS  
 ESLHNRYSYQVTSVNYGVSGNTSQILKRMTTDPQIEKDLEKADLLTLTVGGNDVLAVIR  
 KELSHLSLNSFEKPAEAYKERLKEILAKARQDNPKLPYVLGIYNPFYLNFPQLTKMQTV  
 IDNWNKATKEVVDASENVYFVPINDRLYKINGKEGITESSNSQASITNDALFTGDHFHP  
 NNIGYQIMSNVMEKINETRKNWP

>SEQ ID NO 2653:103\_COH1 frame: 3

IFSLIIPKSNPKLTKKDFLTKKVIPLNYVALGDSLTEGVGDTTSQGGFVPL  
 LLSLHNRYSYQVTSVNYGVSGNTSQILKRMTTDPQIEKDLEKADLLTLTVGGNDVLAVIR  
 IRKLSLNSFEKPAEAYKERLKEILAKARQDNPKLPYVLGIYNPFYLNFPQLTKMQ  
 TVIDNWNKATKEVVDASENVYFVPINDRLYKINGKEGITESSNSQASITNDALFTGDHFHP  
 HPPNNIGYQIMSNVMEKINETRKNWP

>SEQ ID NO 2654:103\_CJB110 frame: 3

IFSLIIPKSNPKLTKKDFLTKKVIPLNYVALGDSLTEGVGDTTSQGGFVPLLS  
 ESLHNRYSYQVTSVNYGVSGNTSQILKRMTTDPQIEKDLEKADLLTLTVGGNDVLAVIR  
 KELSHLSLNSFEKPAEAYKERLKEILAKARQDNPKLPYVLGIYNPFYLNFPQLTKMQTV  
 IDNWNKATKEVVDASENVYFVPINDRLYKINGKEGITESSNSQASITNDALFTGDHFHP  
 NNIGYQIMSNVMEKINETRKNWP

>SEQ ID NO 2655:103\_1169NT frame: 3

IFSLIIPKSNPKLTKKDFLTKKVIPLNYVALGDSLTEGVGDTTSQGGFVPLLS  
 ESLHNRYSYQVTSVNYGVSGNTSQILKRMTTDPQIEKDLEKADLLTLTVGGNDVLAVIR  
 KELSHLSLNSFEKPAEAYKERLKEILAKARQDNPKLPYVLGIYNPFYLNFPQLTKMQTV  
 IDNWNKATKEVVDASENVYFVPINDRLYKINGKEGITESSNSQASITNDALFTGDHFHP  
 NNIGYQIMSNVMEKINETRKNWP

Table 26: Comparative Sequences relating to SAG0503 (lipase/acylhydrolase)

>SEQ ID NO 2656:103_JM9130013 frame: 3	
IFSLIIPKSNPKLTKKDFTLTKKVIPLNYVALGDSLTEGVGDTSQGGFVPLLS	
ESLHNRYSYQVTSVNYGVSGNTSQILKRMTTDPQIEKDLEKADLLTLTVGGNDVLAVIR	
KELSHLSLNSFEKPAEAYKERLKEILAKARQDNPKLPYVLGIYNPFYLNFPQLTKMQTV	
IDNWNKATKEVVDASENVYFVPINDRLYKINGKEGITESSNSQASITNDALFTGDHFP	
NNIGYQIMSNVMEKINETRKNWP	
>SEQ ID NO 2657:103_2603 frame: 1	
IFSLIIPKSNPKLTKKDFTLTKKVIPLNYVALGDSLTEGVGDTSQGGFVPLL	
SESLHNRYSYQVTSVNYGVSGNTSQILKRMTTDPQIEKDLEKADLLTLTVGGNDVLAVI	
RKELSHLSLNSFEKPAEAYKERLKEILAKARQDNPKLPYVLGIYNPFYLNFPQLTKMQT	
VIDNWNKATKEVVDASENVYFVPINDRLYKINGKEGITESSNSQASITNDALFTGDHFP	
PNNIGYQIMSNVMEKINETRKNWP	
>SEQ ID NO 2658:103_M781 frame: 3	
IFSLIIPKSNPKLTKKDFTLTKKVIPLNYVALGDSLTEGVGDTSQGGFVPL	
LSESLHNRYSYQVTSVNYGVSGNTSQILKRMTTDPQIEKDLEKADLLTLTVGGNDVLAV	
IRKELSHLSLNSFEKPAEAYKERLKEILAKARQDNPKLPYVLGIYNPFYLNFPQLTKMQ	
TVIDNWNKATKEVVDASENVYFVPINDRLYKINGKEGITESSNSQASITNDALFTGDHFP	
HPNNIGYQIMSNVMEKINETRKNWP	
SEQ2650	IFSLIIPKSNPKLTKKDFTLTKKVIPLNYVALGDSLTEGVGDTSQGGFVPLLSSESLHNRY
SEQ2651	IFSLIIPKSNPKLTKKDFTLTKKVIPLNYVALGDSLTEGVGDTSQGGFVPLLSSESLHNRY
SEQ2652	IFSLIIPKSNPKLTKKDFTLTKKVIPLNYVALGDSLTEGVGDTSQGGFVPLLSSESLHNRY
SEQ2653	IFSLIIPKSNPKLTKKDFTLTKKVIPLNYVALGDSLTEGVGDTSQGGFVPLLSSESLHNRY
SEQ2654	IFSLIIPKSNPKLTKKDFTLTKKVIPLNYVALGDSLTEGVGDTSQGGFVPLLSSESLHNRY
SEQ2655	IFSLIIPKSNPKLTKKDFTLTKKVIPLNYVALGDSLTEGVGDTSQGGFVPLLSSESLHNRY
SEQ2656	IFSLIIPKSNPKLTKKDFTLTKKVIPLNYVALGDSLTEGVGDTSQGGFVPLLSSESLHNRY
SEQ2657	IFSLIIPKSNPKLTKKDFTLTKKVIPLNYVALGDSLTEGVGDTSQGGFVPLLSSESLHNRY
SEQ2658	IFSLIIPKSNPKLTKKDFTLTKKVIPLNYVALGDSLTEGVGDTSQGGFVPLLSSESLHNRY
SEQ2650	SYQVTSVNYGVSGNTSQILKRMTTDPQIEKDLEKADLLTLTVGGNDVLAVIRKELSHLS
SEQ2651	SYQVTSVNYGVSGNTSQILKRMTTDPQIEKDLEKADLLTLTVGGNDVLAVIRKELSHLS
SEQ2652	SYQVTSVNYGVSGNTSQILKRMTTDPQIEKDLEKADLLTLTVGGNDVLAVIRKELSHLS
SEQ2653	SYQVTSVNYGVSGNTSQILKRMTTDPQIEKDLEKADLLTLTVGGNDVLAVIRKELSHLS
SEQ2654	SYQVTSVNYGVSGNTSQILKRMTTDPQIEKDLEKADLLTLTVGGNDVLAVIRKELSHLS
SEQ2655	SYQVTSVNYGVSGNTSQILKRMTTDPQIEKDLEKADLLTLTVGGNDVLAVIRKELSHLS
SEQ2656	SYQVTSVNYGVSGNTSQILKRMTTDPQIEKDLEKADLLTLTVGGNDVLAVIRKELSHLS
SEQ2657	SYQVTSVNYGVSGNTSQILKRMTTDPQIEKDLEKADLLTLTVGGNDVLAVIRKELSHLS
SEQ2658	SYQVTSVNYGVSGNTSQILKRMTTDPQIEKDLEKADLLTLTVGGNDVLAVIRKELSHLS
SEQ2650	LNSFEKPAEAYKERLKEILAKARQDNPKLPYVLGIYNPFYLNFPQLTKMQTVIDNWNKA
SEQ2651	LNSFEKPAEAYKERLKEILAKARQDNPKLPYVLGIYNPFYLNFPQLTKMQTVIDNWNKA
SEQ2652	LNSFEKPAEAYKERLKEILAKARQDNPKLPYVLGIYNPFYLNFPQLTKMQTVIDNWNKA
SEQ2653	LNSFEKPAEAYKERLKEILAKARQDNPKLPYVLGIYNPFYLNFPQLTKMQTVIDNWNKA
SEQ2654	LNSFEKPAEAYKERLKEILAKARQDNPKLPYVLGIYNPFYLNFPQLTKMQTVIDNWNKA
SEQ2655	LNSFEKPAEAYKERLKEILAKARQDNPKLPYVLGIYNPFYLNFPQLTKMQTVIDNWNKA
SEQ2656	LNSFEKPAEAYKERLKEILAKARQDNPKLPYVLGIYNPFYLNFPQLTKMQTVIDNWNKA
SEQ2657	LNSFEKPAEAYKERLKEILAKARQDNPKLPYVLGIYNPFYLNFPQLTKMQTVIDNWNKA
SEQ2658	LNSFEKPAEAYKERLKEILAKARQDNPKLPYVLGIYNPFYLNFPQLTKMQTVIDNWNKA
SEQ2650	TKEVVDASENVYFVPINDRLYKINGKEGITESSNSQASITNDALFTGDHFPNNIGYQI
SEQ2651	TKEVVDASENVYFVPINDRLYKINGKEGITESSNSQASITNDALFTGDHFPNNIGYQI
SEQ2652	TKEVVDASENVYFVPINDRLYKINGKEGITESSNSQASITNDALFTGDHFPNNIGYQI
SEQ2653	TKEVVDASENVYFVPINDRLYKINGKEGITESSNSQASITNDALFTGDHFPNNIGYQI
SEQ2654	TKEVVDASENVYFVPINDRLYKINGKEGITESSNSQASITNDALFTGDHFPNNIGYQI
SEQ2655	TKEVVDASENVYFVPINDRLYKINGKEGITESSNSQASITNDALFTGDHFPNNIGYQI
SEQ2656	TKEVVDASENVYFVPINDRLYKINGKEGITESSNSQASITNDALFTGDHFPNNIGYQI
SEQ2657	TKEVVDASENVYFVPINDRLYKINGKEGITESSNSQASITNDALFTGDHFPNNIGYQI
SEQ2658	TKEVVDASENVYFVPINDRLYKINGKEGITESSNSQASITNDALFTGDHFPNNIGYQI
SEQ2650	MSNAVMEKINETRKNWP
SEQ2651	MSNAVMEKINETRKNWP
SEQ2652	MSNAVMEKINETRKNWP
SEQ2653	MSNAVMEKINETRKNWP
SEQ2654	MSNAVMEKINETRKNWP
SEQ2655	MSNAVMEKINETRKNWP
SEQ2656	MSNAVMEKINETRKNWP
SEQ2657	MSNAVMEKINETRKNWP
SEQ2658	MSNAVMEKINETRKNWP

**Table 27: Comparative Sequences relating to SAG1473  
(cell wall surface anchor family protein)**

**SEQ ID NO. 2701: SAG1473 FROM THE 1169NT1 GBS TYPE V STRAIN  
(REVERSE COMPLEMENT)**

GATACAAGTGATAAGAATACTGACACGAGTGTCTGACTACGACCTTATCTGAGGAGAAAAGATCAGATGA  
ACTAGACCAGTCTAGTACTGGTTCTTCTTCTGAAAATGAATCGAGTTCATCAAGTGAACCAGAAACAAATC  
CGTCAACTAATCCACCTACAACAGAACCATCGCAACCCCTACCTAGTGAAGAGAACCAAGCCTGATGGTAGA  
ACGAAGACAGAAATTGGCAATAATAAGGATATTTCTAGTGGAAACAAAAGTATTAAATTTTCAGAAGATAGTAT  
TAAGAATTTTAGTAAAGCAAGTAGTGATCAAGAAGAAGTGGATCGCGATGAATCATCATCTTCAAAAGCAA  
GTGATGGGAAAAAAGGCCACAGTAAGCCTAAAAAGGAA

**SEQ ID NO. 2702: SAG1473 FROM THE 18RS21 GBS TYPE II STRAIN**

GATACAAGTGATAAGAATACTGACACGAGTGTCTGACTACGACCTTATCTGAGGAGAAAAGATCAGATGA  
ACTAGACCAGTCTAGTACTGGTTCTTCTTCTGAAAATGAATCGAGTTCATCAAGTGAACCAGAAACAAATC  
CGTCAACTAATCCACCTACAACAGAACCATCGCAACCCCTACCTAGTGAAGAGAACCAAGCCTGATGGTAGA  
ACGAAGACAGAAATTGGCAATAATAAGGATATTTCTAGTGGAAACAAAAGTATTAAATTTTCAGAAGATAGTAT  
TAAGAATTTTAGTAAAGCAAGTAGTGATCAAGAAGAAGTGGATCGCGATGAATCATCATCTTCAAAAGCAA  
ATGATGGGAAAAAAGGCCACAGTAAGCCTAAAAAGGAA

**SEQ ID NO. 2703: SAG1473 FROM THE 2603 V/R GBS TYPE V STRAIN**

GATACAAGTGATAAGAATACTGACACGAGTGTCTGACTACGACCTTATCTGAGGAGAAAAGATCAGATGA  
ACTAGACCAGTCTAGTACTGGTTCTTCTTCTGAAAATGAATCGAGTTCATCAAGTGAACCAGAAACAAATC  
CGTCAACTAATCCACCTACAACAGAACCATCGCAACCCCTACCTAGTGAAGAGAACCAAGCCTGATGGTAGA  
ACGAAGACAGAAATTGGCAATAATAAGGATATTTCTAGTGGAAACAAAAGTATTAAATTTTCAGAAGATAGTAT  
TAAGAATTTTAGTAAAGCAAGTAGTGATCAAGAAGAAGTGGATCGCGATGAATCATCATCTTCAAAAGCAA  
ATGATGGGAAAAAAGGCCACAGTAAGCCTAAAAAGGAA

**SEQ ID NO. 2704: SAG1473 FROM THE 090 GBS TYPE Ia STRAIN**

GACCAGTCTAGTACTGGTTCTTCTTCTGAAAATGAATCGAGTTCATCAAGTGAACCAGAAACAAATCCGTC  
AACTAATCCACCTACAACAGAACCATCGCAACCCCTACCTAGTGAAGAGAACCAAGCCTGATGGTAGAACGA  
AGACAGAAATTGGCAATAATAAGGATATTTCTAGTGGAAACAAAAGTATTAAATTTTCAGAAGATAGTATTAAG  
AATTTTAGTAAAGCAAGTAGTGATCAAGAAGAAGTGGATCGCGATGAATCATCATCTTCAAAAGCAAATGA  
TGGGAAAAAAGGCCACAGTAAGCCTAAAAAGGAA

**SEQ ID NO. 2705: SAG1473 FROM THE A909 GBS TYPE Ia STRAIN**

GATACAAGTGATAAGAATACTGACACGAGTGTCTGACTACGACCTTATCTGAGGAGAAAAGATTAGATGA  
ACTAGACCAGTCTAGTACTGGTTCTTCTTCTGAAAATGAATCGAGTTCATCAAGTGAACCAGAAACAAATC  
CCTCAACTAATCCACCTACAACAGAACCATCGCAACCCCTACCTAGTGAAGAGAACCAAGCCTGATGGTAGC  
ACGAAGACAGAAATTGGCAATAATAAGGATATTTCTAGTGGAAACAAAAGTATTAAATTTTCAGAAGATAGTAT  
TAAGAATTTTAGTAAAGCAAGTAGTGATCAAGAAGAAGTGGATCGCGATGAATCATCATCTTCAAAAGCAA  
ATGATGAGAAAAAAGGCCACAGTAAGCCTAAAAAGGAA

**SEQ ID NO. 2706: SAG1473 FROM THE CJB110 GBS NONTYPEABLE STRAIN**

GATACAAGTGATAAGAATACTGACACGAGTGTCTGACTACGACCTTATCTGAGGAGAAAAGATCAGATGA  
ACTAGACCAGTCTAGTACTGGTTCTTCTTCTGAAAATGAATCGAGTTCATCAAGTGAACCAGAAACAAATC  
CGTCAACTAATCCACCTACAACAGAACCATCGCAACCCCTACCTAGTGAAGAGAACCAAGCCTGATGGTAGA  
ACGAAGACAGAAATTGGCAATAATAAGGATATTTCTAGTGGAAACAAAAGTATTAAATTTTCAGAAGATAGTAT  
TAAGAATTTTAGTAAAGCAAGTAGTGATCAAGAAGAAGTGGATCGCGATGAATCATCATCTTCAAAAGCAA  
ATGATGGGAAAAAAGGCCACAGTAAGCCTAAAAAGGAA

**Table 27: Comparative Sequences relating to SAG1473  
(cell wall surface anchor family protein)**

**SEQ ID NO. 2707: SAG1473 FROM THE COH1 GBS TYPE III STRAIN  
(REVERSE COMPLEMENT)**

GATACAAGTGATAAGAATACTGACACGAGTGTCTGACTACGACCTTATCTGAGGAGAAAAGATCAGATGA  
ACTAGACCAGTCTAGTACTGGTTCTTCTTCTGAAAATGAATCAAGTTCATCAAGTGAACCAGAAAACAAATC  
CCTCAACTAATCCACCTACAACAGAACCATCGCAACCCCTCACCTAGTGAAGAGAACAAAGCCTGATGGGAGC  
ACGAAGACAGAAATTGGCAATAATAAGGATATTTCTAGTGGAAACAAAAGTATTAATTTTCAGAAGATAGTAT  
TAAGAATTTTAGTAAAGCAAGTAGTGATCAAGAAGAAGTGGAAACGCGATGAATCATCATCTTCAAAAGCAA  
ATGATGAGAAAAAAGGCCACAGTAAGCCTAAAAAGGAA

**SEQ ID NO. 2708: SAG1473 FROM THE H36b GBS TYPE Ib STRAIN**

GATACAAGTGATAAGAATACTGACACGAGTGTCTGACTACGACCTTATCTGAGGAGAAAAGATTAGATGA  
ACTAGACCAGTCTAGTACTGGTTCTTCTTCTGAAAATGAATCGAGTTCATCAAGTGAACCAGAAAACAAATC  
CCTCAACTAATCCACCTACAACAGAACCATCGCAACCCCTCACCTAGTGAAGAGAACAAAGCCTGATGGTAGC  
ACGAAGACAGAAATTGGCAATAATAAGGATATTTCTAGTGGAAACAAAAGTATTAATTTTCAGAAGATAGTAT  
TAAGAATTTTAGTAAAGCAAGTAGTGATCAAGAAGAAGTGGATCGCGATGAATCATCATCTTCAAAAGCAA  
ATGATGAGAAAAAAGGCCACAGTAAGCCTAAAAAGGAA

**SEQ ID NO. 2709: SAG1473 FROM THE JM910013 GBS TYPE VIII STRAIN**

GATACAAGTGATAAGAATACTGACACGAGTGTCTGACTACGACCTTATCTGAGGAGAAAAGATTAGATGA  
ACTAGACCAGTCTAGTACTGGTTCTTCTTCTGAAAATGAATCGAGTTCATCAAGTGAACCAGAAAACAAATC  
CCTCAACTAATCCACCTACAACAGAACCATCGCAACCCCTCACCTAGTGAAGAGAACAAAGCCTGATGGTAGC  
ACGAAGACAGAAATTGGCAATAATAAGGATATTTCTAGTGGAAACAAAAGTATTAATTTTCAGAAGATAGTAT  
TAAGAATTTTAGTAAAGCAAGTAGTGATCAAGAAGAAGTGGATCGCGATGAATCATCATCTTCAAAAGCAA  
ATGATGAGAAAAAAGGCCACAGTAAGCCTAAAAAGGAA

**SEQ ID NO. 2710: SAG1473 FROM THE M732 GBS TYPE III STRAIN**

GATACAAGTGATAAGAATACTGACACGAGTGTCTGACTACGACCTTATCTGAGGAGAAAAGATCAGATGA  
ACTAGACCAGTCTAGTACTGGTTCTTCTTCTGAAAATGAATCAAGTTCATCAAGTGAACCAGAAAACAAATC  
CCTCAACTAATCCACCTACAACAGAACCATCGCAACCCCTCACCTAGTGAAGAGAACAAAGCCTGATGGGAGC  
ACGAAGACAGAAATTGGCAATAATAAGGATATTTCTAGTGGAAACAAAAGTATTAATTTTCAGAAGATAGTAT  
TAAGAATTTTAGTAAAGCAAGTAGTGATCAAGAAGAAGTGGAAACGCGATGAATCATCATCTTCAAAAGCAA  
ATGATGAGAAAAAAGGCCACAGTAAGCCTAAAAAGGAA

**SEQ ID NO. 2711: SAG1473 FROM THE M781 GBS TYPE III STRAIN**

GATACAAGTGATAAGAATACTGACACGAGTGTCTGACTACGACCTTATCTGAGGAGAAAAGATCAGATGA  
ACTAGACCAGTCTAGTACTGGTTCTTCTTCTGAAAATGAATCAAGTTCATCAAGTGAACCAGAAAACAAATC  
CCTCAACTAATCCACCTACAACAGAACCATCGCAACCCCTCACCTAGTGAAGAGAACAAAGCCTGATGGGAGC  
ACGAAGACAGAAATTGGCAATAATAAGGATATTTCTAGTGGAAACAAAAGTATTAATTTTCAGAAGATAGTAT  
TAAGAATTTTAGTAAAGCAAGTAGTGATCAAGAAGAAGTGGATCGCGATGAATCATCATCTTCAAAAGCAA  
ATGATGAGAAAAAAGGCCACAGTAAGCCTAAAAAGGAA

SEQ2701	ATACAAGTGATAAGAATACTGACACGAGTGTCTGACTACGACCTTATCTGAGGAGAAA
SEQ2702	ATACAAGTGATAAGAATACTGACACGAGTGTCTGACTACGACCTTATCTGAGGAGAAA
SEQ2703	ATACAAGTGATAAGAATACTGACACGAGTGTCTGACTACGACCTTATCTGAGGAGAAA
SEQ2704	-----
SEQ2705	ATACAAGTGATAAGAATACTGACACGAGTGTCTGACTACGACCTTATCTGAGGAGAAA
SEQ2706	ATACAAGTGATAAGAATACTGACACGAGTGTCTGACTACGACCTTATCTGAGGAGAAA
SEQ2707	ATACAAGTGATAAGAATACTGACACGAGTGTCTGACTACGACCTTATCTGAGGAGAAA
SEQ2709	ATACAAGTGATAAGAATACTGACACGAGTGTCTGACTACGACCTTATCTGAGGAGAAA
SEQ2710	ATACAAGTGATAAGAATACTGACACGAGTGTCTGACTACGACCTTATCTGAGGAGAAA
SEQ2711	ATACAAGTGATAAGAATACTGACACGAGTGTCTGACTACGACCTTATCTGAGGAGAAA

**Table 27: Comparative Sequences relating to SAG1473  
(cell wall surface anchor family protein)**

SEQ2701	GATCAGATGAACTAGACCAGTCTAGTACTGGTTCTTCTTCTGAAAATGAATCGAGTTCA
SEQ2702	GATCAGATGAACTAGACCAGTCTAGTACTGGTTCTTCTTCTGAAAATGAATCGAGTTCA
SEQ2703	GATCAGATGAACTAGACCAGTCTAGTACTGGTTCTTCTTCTGAAAATGAATCGAGTTCA
SEQ2704	-----GACCAGTCTAGTACTGGTTCTTCTTCTGAAAATGAATCGAGTTCA
SEQ2705	GATTAGATGAACTAGACCAGTCTAGTACTGGTTCTTCTTCTGAAAATGAATCGAGTTCA
SEQ2706	GATCAGATGAACTAGACCAGTCTAGTACTGGTTCTTCTTCTGAAAATGAATCGAGTTCA
SEQ2707	GATCAGATGAACTAGACCAGTCTAGTACTGGTTCTTCTTCTGAAAATGAATCAAGTTCA
SEQ2709	GATTAGATGAACTAGACCAGTCTAGTACTGGTTCTTCTTCTGAAAATGAATCGAGTTCA
SEQ2710	GATCAGATGAACTAGACCAGTCTAGTACTGGTTCTTCTTCTGAAAATGAATCAAGTTCA
SEQ2711	GATCAGATGAACTAGACCAGTCTAGTACTGGTTCTTCTTCTGAAAATGAATCAAGTTCA
SEQ2701	TCAAGTGAACCAGAAAACAAATCCGTCAACTAATCCACCTACAACAGAACCATCGCAACCC
SEQ2702	TCAAGTGAACCAGAAAACAAATCCGTCAACTAATCCACCTACAACAGAACCATCGCAACCC
SEQ2703	TCAAGTGAACCAGAAAACAAATCCGTCAACTAATCCACCTACAACAGAACCATCGCAACCC
SEQ2704	TCAAGTGAACCAGAAAACAAATCCGTCAACTAATCCACCTACAACAGAACCATCGCAACCC
SEQ2705	TCAAGTGAACCAGAAAACAAATCCCTCAACTAATCCACCTACAACAGAACCATCGCAACCC
SEQ2706	TCAAGTGAACCAGAAAACAAATCCGTCAACTAATCCACCTACAACAGAACCATCGCAACCC
SEQ2707	TCAAGTGAACCAGAAAACAAATCCCTCAACTAATCCACCTACAACAGAACCATCGCAACCC
SEQ2709	TCAAGTGAACCAGAAAACAAATCCCTCAACTAATCCACCTACAACAGAACCATCGCAACCC
SEQ2710	TCAAGTGAACCAGAAAACAAATCCCTCAACTAATCCACCTACAACAGAACCATCGCAACCC
SEQ2711	TCAAGTGAACCAGAAAACAAATCCCTCAACTAATCCACCTACAACAGAACCATCGCAACCC
SEQ2701	TCACCTAGTGAAGAGAACAAGCCTGATGGTAGAACGAAGACAGAAATTGGCAATAATAAG
SEQ2702	TCACCTAGTGAAGAGAACAAGCCTGATGGTAGAACGAAGACAGAAATTGGCAATAATAAG
SEQ2703	TCACCTAGTGAAGAGAACAAGCCTGATGGTAGAACGAAGACAGAAATTGGCAATAATAAG
SEQ2704	TCACCTAGTGAAGAGAACAAGCCTGATGGTAGAACGAAGACAGAAATTGGCAATAATAAG
SEQ2705	TCACCTAGTGAAGAGAACAAGCCTGATGGTAGACGACGAAGACAGAAATTGGCAATAATAAG
SEQ2706	TCACCTAGTGAAGAGAACAAGCCTGATGGTAGAACGAAGACAGAAATTGGCAATAATAAG
SEQ2707	TCACCTAGTGAAGAGAACAAGCCTGATGGGAGCACGAAGACAGAAATTGGCAATAATAAG
SEQ2709	TCACCTAGTGAAGAGAACAAGCCTGATGGTAGCACGAAGACAGAAATTGGCAATAATAAG
SEQ2710	TCACCTAGTGAAGAGAACAAGCCTGATGGGAGCACGAAGACAGAAATTGGCAATAATAAG
SEQ2711	TCACCTAGTGAAGAGAACAAGCCTGATGGGAGCACGAAGACAGAAATTGGCAATAATAAG
SEQ2701	GATATTTCTAGTGGAAACAAAAGTATTAATTTTCAGAAGATAGTATTAAGAATTTTAGTAAA
SEQ2702	GATATTTCTAGTGGAAACAAAAGTATTAATTTTCAGAAGATAGTATTAAGAATTTTAGTAAA
SEQ2703	GATATTTCTAGTGGAAACAAAAGTATTAATTTTCAGAAGATAGTATTAAGAATTTTAGTAAA
SEQ2704	GATATTTCTAGTGGAAACAAAAGTATTAATTTTCAGAAGATAGTATTAAGAATTTTAGTAAA
SEQ2705	GATATTTCTAGTGGAAACAAAAGTATTAATTTTCAGAAGATAGTATTAAGAATTTTAGTAAA
SEQ2706	GATATTTCTAGTGGAAACAAAAGTATTAATTTTCAGAAGATAGTATTAAGAATTTTAGTAAA
SEQ2707	GATATTTCTAGTGGAAACAAAAGTATTAATTTTCAGAAGATAGTATTAAGAATTTTAGTAAA
SEQ2709	GATATTTCTAGTGGAAACAAAAGTATTAATTTTCAGAAGATAGTATTAAGAATTTTAGTAAA
SEQ2710	GATATTTCTAGTGGAAACAAAAGTATTAATTTTCAGAAGATAGTATTAAGAATTTTAGTAAA
SEQ2711	GATATTTCTAGTGGAAACAAAAGTATTAATTTTCAGAAGATAGTATTAAGAATTTTAGTAAA
SEQ2701	GCAAGTAGTGATCAAGAAGAAGTGGATCGCGATGAATCATCATCTTCAAAAGCAAATGAT
SEQ2702	GCAAGTAGTGATCAAGAAGAAGTGGATCGCGATGAATCATCATCTTCAAAAGCAAATGAT
SEQ2703	GCAAGTAGTGATCAAGAAGAAGTGGATCGCGATGAATCATCATCTTCAAAAGCAAATGAT
SEQ2704	GCAAGTAGTGATCAAGAAGAAGTGGATCGCGATGAATCATCATCTTCAAAAGCAAATGAT
SEQ2705	GCAAGTAGTGATCAAGAAGAAGTGGATCGCGATGAATCATCATCTTCAAAAGCAAATGAT
SEQ2706	GCAAGTAGTGATCAAGAAGAAGTGGATCGCGATGAATCATCATCTTCAAAAGCAAATGAT
SEQ2707	GCAAGTAGTGATCAAGAAGAAGTGGATCGCGATGAATCATCATCTTCAAAAGCAAATGAT
SEQ2709	GCAAGTAGTGATCAAGAAGAAGTGGATCGCGATGAATCATCATCTTCAAAAGCAAATGAT
SEQ2710	GCAAGTAGTGATCAAGAAGAAGTGGATCGCGATGAATCATCATCTTCAAAAGCAAATGAT
SEQ2711	GCAAGTAGTGATCAAGAAGAAGTGGATCGCGATGAATCATCATCTTCAAAAGCAAATGAT

**Table 27: Comparative Sequences relating to SAG1473  
(cell wall surface anchor family protein)**

SEQ2701	GGGAAAAAAGGCCACAGTAAGCCTAAAAAGGAA-----
SEQ2702	GGGAAAAAAGGCCACAGTAAGCCTAAAAAGGAA-----
SEQ2703	GGGAAAAAAGGCCACAGTAAGCCTAAAAAGGAA-----
SEQ2704	GGGAAAAAAGGCCACAGTAAGCCTAAAAAGGAA-----
SEQ2705	GAGAAAAAAGGCCACAGTAAGCCTAAAAAGGAA-----
SEQ2706	GGGAAAAAAGGCCACAGTAAGCCTAAAAAGGAA-----
SEQ2707	GAGAAAAAAGGCCACAGTAAGCCTAAAAAGGAASGATACAAGTGATAAGAATACTGACAC
SEQ2709	GAGAAAAAAGGCCACAGTAAGCCTAAAAAGGAA-----
SEQ2710	GAGAAAAAAGGCCACAGTAAGCCTAAAAAGGAA-----
SEQ2711	GAGAAAAAAGGCCACAGTAAGCCTAAAAAGGAATABCMARATVSTNCSRATNGTSAGCWA
SEQ2701	-----
SEQ2702	-----
SEQ2703	-----
SEQ2704	-----
SEQ2705	-----
SEQ2706	-----
SEQ2707	AGTGTCTGACTACGACCTTATCTGAGGAGAAAAGATTAGATGAACTAGACCAGTCTAG
SEQ2709	-----
SEQ2710	-----
SEQ2711	TRACANCHRAMYRTN-----
SEQ2701	-----
SEQ2702	-----
SEQ2703	-----
SEQ2704	-----
SEQ2705	-----
SEQ2706	-----
SEQ2707	ACTGGTTCTTCTTCTGAAAATGAATCGAGTTCATCAAGTGAACCAGAAACAAATCCCTC
SEQ2709	-----
SEQ2710	-----
SEQ2711	-----
SEQ2701	-----
SEQ2702	-----
SEQ2703	-----
SEQ2704	-----
SEQ2705	-----
SEQ2706	-----
SEQ2707	ACTAATCCACCTACAACAGAACCATCGCAACCCTCACCTAGTGAAGAGAACAAGCCTGA
SEQ2709	-----
SEQ2710	-----
SEQ2711	-----
SEQ2701	-----
SEQ2702	-----
SEQ2703	-----
SEQ2704	-----
SEQ2705	-----
SEQ2706	-----
SEQ2707	GGTAGCACGAAGACAGAAATTGGCAATAATAAGGATATTTCTAGTGGAACAAAAGTATT
SEQ2709	-----
SEQ2710	-----
SEQ2711	-----



**Table 27: C mparative Sequences relating to SAG1473  
(cell wall surface anchor family protein)**

```

SEQ2701 -----
SEQ2702 -----
SEQ2703 -----
SEQ2704 -----
SEQ2705 -----
SEQ2706 -----
SEQ2707 ATTTTCAGAAGATAGTATTAAGAATTTTAGTAAAGCAAGTAGTGATCAAGAARAAGTGGA
SEQ2709 -----
SEQ2710 -----
SEQ2711 -----

```

```

SEQ2701 -----
SEQ2702 -----
SEQ2703 -----
SEQ2704 -----
SEQ2705 -----
SEQ2706 -----
SEQ2707 CGCGATGAATCATCATCTTCAAAGCAAATGATGAGAAAAAAGGCCACAGTAAGCCTAA
SEQ2709 -----
SEQ2710 -----
SEQ2711 -----

```

```

SEQ2701 -----
SEQ2702 -----
SEQ2703 -----
SEQ2704 -----
SEQ2705 -----
SEQ2706 -----
SEQ2707 AAGGAA
SEQ2709 -----
SEQ2710 -----
SEQ2711 -----

```

>SEQ ID NO 2750:4\_1169NT frame: 1  
DTSDKNTDTSVVTTTLSEEKRSDELDQSSTGSSSENESSSSSEPETNPSTNPPTTEPSQP  
SPSEENKPDGRTKTEIGNNKDISSGTVLISEDSTIKNFSKASSDQEEVDRDESSSSKASD  
GKKGHSKPKKE

>SEQ ID NO 2751:4\_18RS21 frame: 1  
DTSDKNTDTSVVTTTLSEEKRSDELDQSSTGSSSENESSSSSEPETNPSTNPPTTEPSQP  
SPSEENKPDGRTKTEIGNNKDISSGTVLISEDSTIKNFSKASSDQEEVDRDESSSSKAND  
GKKGHSKPKKE

>SEQ ID NO 2752:4\_2603 frame: 1  
DTSDKNTDTSVVTTTLSEEKRSDELDQSSTGSSSENESSSSSEPETNPSTNPPTTEPSQP  
SPSEENKPDGRTKTEIGNNKDISSGTVLISEDSTIKNFSKASSDQEEVDRDESSSSKAND  
GKKGHSKPKKE

>SEQ ID NO 2753:4\_090 frame: 1  
DQSSTGSSSENESSSSSEPETNPSTNPPTTEPSQPSFSEENKPDGRTKTEIGNNKDISSG  
TKVLISEDSTIKNFSKASSDQEEVDRDESSSSKANDGKKGHSKPKKE

>SEQ ID NO 2754:4\_A909 frame: 1  
DTSDKNTDTSVVTTTLSEEKRLDELDQSSTGSSSENESSSSSEPETNPSTNPPTTEPSQP  
SPSEENKPDGRTKTEIGNNKDISSGTVLISEDSTIKNFSKASSDQEEVDRDESSSSKAND  
EKKGHSKPKKE

>SEQ ID NO 2755:4\_CJB110 frame: 1  
DTSDKNTDTSVVTTTLSEEKRSDELDQSSTGSSSENESSSSSEPETNPSTNPPTTEPSQP  
SPSEENKPDGRTKTEIGNNKDISSGTVLISEDSTIKNFSKASSDQEEVDRDESSSSKAND  
GKKGHSKPKKE

**Table 27: Comparative Sequences relating to SAG1473  
(cell wall surface anchor family protein).**

>SEQ ID NO 2756:4 COH1 frame: 1

DTSDKNTDTSVVTTLSEEKRSDELQSSSTGSSSENESSSSSEPETNPSTNPPTTEPSQP  
SPSEENKPDGSTKTEIGNNKDISSGTVLISEDSIKNFSKASSDQEEVERDESSSSKAND  
EKKGHSKPKKE

>SEQ ID NO 2757:4 H36B frame: 1

DTSDKNTDTSVVTTLSEEKRLDELQSSSTGSSSENESSSSSEPETNPSTNPPTTEPSQP  
SPSEENKPDGSTKTEIGNNKDISSGTVLISEDSIKNFSKASSDQEXVDRDESSSSKAND  
EKKGHSKPKKE

>SEQ ID NO 2758:4 JM9130013 frame: 1

DTSDKNTDTSVVTTLSEEKRLDELQSSSTGSSSENESSSSSEPETNPSTNPPTTEPSQP  
SPSEENKPDGSTKTEIGNNKDISSGTVLISEDSIKNFSKASSDQEEVDRDESSSSKAND  
EKKGHSKPKKE

>SEQ ID NO 2759:4 M732 frame: 1

DTSDKNTDTSVVTTLSEEKRSDELQSSSTGSSSENESSSSSEPETNPSTNPPTTEPSQP  
SPSEENKPDGSTKTEIGNNKDISSGTVLISEDSIKNFSKASSDQEEVERDESSSSKAND  
EKKGHSKPKKE

>SEQ ID NO 2760:4 M781 frame: 1

DTSDKNTDTSVVTTLSEEKRSDELQSSSTGSSSENESSSSSEPETNPSTNPPTTEPSQP  
SPSEENKPDGSTKTEIGNNKDISSGTVLISEDSIKNFSKASSDQEEVDRDESSSSKAND  
EKKGHSKPKKE

SEQ2750	TSDKNTDTSVVTTLSEEKRSDELQSSSTGSSSENESSSSSEPETNPSTNPPTTEPSQP
SEQ2751	TSDKNTDTSVVTTLSEEKRSDELQSSSTGSSSENESSSSSEPETNPSTNPPTTEPSQP
SEQ2752	TSDKNTDTSVVTTLSEEKRSDELQSSSTGSSSENESSSSSEPETNPSTNPPTTEPSQP
SEQ2753	-----DQSSSTGSSSENESSSSSEPETNPSTNPPTTEPSQP
SEQ2754	TSDKNTDTSVVTTLSEEKRLDELQSSSTGSSSENESSSSSEPETNPSTNPPTTEPSQP
SEQ2755	TSDKNTDTSVVTTLSEEKRSDELQSSSTGSSSENESSSSSEPETNPSTNPPTTEPSQP
SEQ2756	TSDKNTDTSVVTTLSEEKRSDELQSSSTGSSSENESSSSSEPETNPSTNPPTTEPSQP
SEQ2757	TSDKNTDTSVVTTLSEEKRLDELQSSSTGSSSENESSSSSEPETNPSTNPPTTEPSQP
SEQ2758	TSDKNTDTSVVTTLSEEKRLDELQSSSTGSSSENESSSSSEPETNPSTNPPTTEPSQP
SEQ2759	TSDKNTDTSVVTTLSEEKRSDELQSSSTGSSSENESSSSSEPETNPSTNPPTTEPSQP
SEQ2760	TSDKNTDTSVVTTLSEEKRSDELQSSSTGSSSENESSSSSEPETNPSTNPPTTEPSQP
SEQ2750	SPSEENKPDGRKTEIGNNKDISSGTVLISEDSIKNFSKASSDQEEVDRDESSSSKASD
SEQ2751	SPSEENKPDGRKTEIGNNKDISSGTVLISEDSIKNFSKASSDQEEVDRDESSSSKAND
SEQ2752	SPSEENKPDGRKTEIGNNKDISSGTVLISEDSIKNFSKASSDQEEVDRDESSSSKAND
SEQ2753	SPSEENKPDGRKTEIGNNKDISSGTVLISEDSIKNFSKASSDQEEVDRDESSSSKAND
SEQ2754	SPSEENKPDGSTKTEIGNNKDISSGTVLISEDSIKNFSKASSDQEEVDRDESSSSKAND
SEQ2755	SPSEENKPDGRKTEIGNNKDISSGTVLISEDSIKNFSKASSDQEEVDRDESSSSKAND
SEQ2756	SPSEENKPDGSTKTEIGNNKDISSGTVLISEDSIKNFSKASSDQEEVERDESSSSKAND
SEQ2757	SPSEENKPDGSTKTEIGNNKDISSGTVLISEDSIKNFSKASSDQEXVDRDESSSSKAND
SEQ2758	SPSEENKPDGSTKTEIGNNKDISSGTVLISEDSIKNFSKASSDQEEVDRDESSSSKAND
SEQ2759	SPSEENKPDGSTKTEIGNNKDISSGTVLISEDSIKNFSKASSDQEEVERDESSSSKAND
SEQ2760	SPSEENKPDGSTKTEIGNNKDISSGTVLISEDSIKNFSKASSDQEEVDRDESSSSKAND
SEQ2750	KKGHSKPKKE
SEQ2751	KKGHSKPKKE
SEQ2752	KKGHSKPKKE
SEQ2753	KKGHSKPKKE
SEQ2754	KKGHSKPKKE
SEQ2755	KKGHSKPKKE
SEQ2756	KKGHSKPKKE
SEQ2757	KKGHSKPKKE
SEQ2758	KKGHSKPKKE
SEQ2759	KKGHSKPKKE
SEQ2760	KKGHSKPKKE

**Table 28: Comparative Sequences relating to SAG1552  
(conserved hypothetical protein)**

**SEQ ID NO. 2801: SAG1552 FROM THE 1169NT1 GBS TYPE V STRAIN  
(REVERSE COMPLEMENT)**

TTTGTGTGTTAAAGGTGATACTGTACTTCACAAGCCCACCAATAAACCTTTTGTGTGTTAAAGGAGTAGACGTTGAGTCT  
TCCTTAGCAGGTTATCATCACACGATTTTCCTATTACTCAAAAAACGTATCGTGAGTGGTTCCATTTAAATTTCCAAC  
ATGGGGGCAAATACTGTAAGAGTCAAAGTACCGATGAATGTTGCATTTTACGATGCTTTATATCACCACAACAAAGCA  
TCAAAGAGGCCACTGTATTTGTTGCAAGGAATACGTATAGATTCTTATCGCAATAATGCTTCTATAACAGCTTTTAAT  
GATATATAGGGGGGTATTTAAACGAGAAGCAAAAGGCGTTGTGATATTCTCCATGGGCGTAAGCAAGTATGGAAT  
ACTGATTTTGGTAGCCGTCATTATCATTATGATCTTAGTCCTTGGGTACTTGGTTATGTCGTAGGGGATGATTGGAAT  
AGTGGTACTGTGCGTTTACTAATCATCAAGAGAAAAAACGCAATATAAAGGACGTTATTTTAAACTTCTGCGGCA  
GCTAATCCATTTGAGGTATGCTAGCTCAAGTTATGGATGAATTGACACATTATGAGACAGCTAAATATGGTTGGCAA  
CATTTGATTAGTTTTTCAAACCTACCAACAACAGACCCTTTTCGTTATCGAAAACCATTTGAGGCACAGGCTCCTAAA  
TACGTACAACATAAATGTAGAAAATATTCAAGCTAATTCGAATGTTAAAGCAGGTATTTTGCAGCATATAAAGCTATT  
GATTTCCATCCTCGATACAAGGATTATCTATTATTGATAAAGAGAAATATCAGTAAAGAAAGATAGACAAAAGATTAAA  
GAATTTCTTTGTGTCACAGGGATACGTTAACTGCTAAATGCTTATCAGAAAATCCCTGTTCTAGTCACGGGTTATGGC  
TATTCGACAGCGAGAGGTATTGCCCAAAAAGAAATTGATAAACGTCCTCTGCCGATTAAATGAAAAGAAACAAGGTCAG  
CGTTTACTAGAAGATTATGAATCTTTTATATCATCCGTTAGTTTGGAGCGACTATCAATGCATGGCAAGACGATTGG  
AATGCAAGGGCGTGAATACATCCTTCGCCCAAAATAAATAGTCAATTCTATGGGGGATGCACAAGTATTTAAT  
CAAGGTTATGTTTATTAGGCTTTAAACGCAAAACATCATTATCAAGTTGATGGTAAAGAGGCAAGGAGAGTG  
AAACATCCTCTG

**SEQ ID NO. 2802: SAG1552 FROM THE**

ATGACTAGTGCAACAGGAGATGACTTATATGCTAGCAGTGATGAAGCTATCTCTACCTTGCATTAAACAAAACCT  
GAAAAACTAAAAGAAAAACGATTATTACCAATAGATATTACACCAAACTCTGGTAGTAGAAAAATGAATGGTAGTAAG  
GTCACATTTTCTAAATCTAGTGACTTTGTATTGTCTATTGATCCAAATGGCAAGTCTGAATTATTTGTCCAAGAGCGC  
TATAATGCCTTAAAAGCGAATCTCTTCGACAGCTTAAACGTTAAAGATTTTATGCTTTCCACCAAGAAGAACAGT  
AGTAATTTTGAGCAGATCAATATGGTATTGAGAAATACAAAGATTGTTGAAGACATGGAAAAAGTAAAGCAACAGAG  
AGGTTCTTACCAACTCATCCTACTGCTCTTCTCAAAACAGGAACAATTGATAGGCACCAAAAAACATTGATTACAA  
ACAGATATTTCTGTTTGAAGGACTTTATAGAGGTGAGAAATCCGTGGCAGTTGTTGAATTTTCTGATCCATCATCT  
CAAAAAATTACGATGATTACTTTAAACATTATGGTGTGAAGGAGTTAGAAATTGAGAGCATTGCTTTAGGATTAGGT  
GCTAATAGCAAAAGAAACACACTGATAAAGATGGCAGATTATCGTTTGAAAAATTGGGAGAGACCCGATACCAAAACC  
TTTTTAAAGACTCCTATTATAGTATTTAAGAAAGAA

**SEQ ID NO. 2803: SAG1552 FROM THE 18RS21 GBS TYPE II STRAIN**

AAGGGCTTATTAAAGAAAATACAAGAACTAATTTGTTGTTAAAGGTGATACTGTACTTCACAAGCCCACCAATAAA  
CCTTTTGTGTTAAAGGAGTAGACGTTGAGTCTTCTTAGCGGGTTATCATCACACGATTTTCCTATTACTCAAAAA  
ACGTATCGTGAATGGTTCCATTTAATTCCACATGGGGGCAAACTGTAAGAGTCAAGGTACCGATGAATGTTGCA  
TTTTACGATGCCTTATATCACCACAACAAAGCATCAAAGAGGCCACTGTATTGTTGCAAGGAATACGTATAGATTCT  
TATCGCAATAATGCTTCTATAACAGCTTTAATGATAATTATAGGGGGTATTTAAACGAGAAGCAAAAGGCGTTGTG  
GATATTCTCCATGGGCGTAAGCAAGTATGGAATACTGATTGGGTAGCCGTCATTATCATTATGATCTTAGTCCTTGG  
GTACTTGGTTATGTCGTAGGGGATGATTGGAATAGTGATGCTCGCTTATACTAATCATCAAGAGAAAAAACAGCAA  
TATAAAGGACGTTATTTTAAACTTCTGTGGCAGCTAATCCATTGAGGTGATGCTAGCTCAAGTAATGGATGAATTG  
ACACATTATGAGACAGCTAAATATGGTTGGCAACATTTGATTAGTTTTTCAAACCTACCAACAACAGACCCTTTTCAT  
TATCGAAAACCATTTGAGGCACAGGCTCCTAATACGTACAACATAATGTAGAAAATATTCAAGCTAATTCAAATGTT  
AAAGCAGGTATGTTTGAGCATATAAAGCTATTGATTTCCATCCTCGATACAAGGATTATCTATTATTTGATAAAGAG  
AATATCAGTAAAGAAGATAGACAAAAGATTAAAGAATTTCTTTGTGTCACAGGGATACGTTAAACTGCTAAATGCTTAT  
CACAAAATCCCTGTTCTAGTCACGGGTTATGGCTATTTCGACAGCGAGAGGTATTGCCCAAAAAGAAATTGATAAACGT  
CCTCTGCCGATTAAATGAAAAGAAACAAGGTGAGCGTTTACTAGAAGATTATGAATCTTTTATATCATCCGTTAGTTTT  
GGAGCGACTATCAATGCATGGCAAGACGATTGGAATGCAAGGGCGTGAATACATCTTTGCCCAAAAATAAATACATAGT  
CAATTCTTATGGGGGATGCACAAGTATTTAATCAAGGTTATGGTTTATTAGGCTTTAAAAACCCAAACATCATTAT  
CAAGTTGATGGTAAAGAGGCAAGAGGAGTGAACATCCTCTGATGACTAGTGCAACAGGAGATGACTTATATGCT  
AGCAGTGATGAAAGCTATCTTACCTTGGCATTAAACAAAACCTGAAAACTAAAAGAAAAACGATTATTACCAATA  
GATATTACACCAAAATCTGGTAGTAGAAAAATGAATGGTAGTAAGGTCACATTTTCTAAATCTAGTGACTTTGTATTG  
TCTATTGATCCAAATGGCAAGTCTGAATTTTGTCCAAGAGCGCTATAATGCCTTAAAAGCGAATCTTTCGACAG  
CTTAACGGTTAAAGATTTTTATGCTTTCCCAACAAAGAAAGAACAGTAGTAATTTTGAAGCAGATAAATATGGTATGAGA  
AATACAAAGATTGTTGAAGCATGGAAAAAGTAAAGCAACAGAGAGGTTCTTACCAACTCATCTACTGGTCTTCTC  
AAAAAGGAACAACTGATAGGCACCAAAAAACATTTGATTCAAAACAGATATTTCTGTTTGAAGGAGCTTTATAGAG  
GTGAGAAATCCGTGGCAGTTGTTGAATTTTCTGATCCATCATCTCAAAAAATTACAGATGATTACTTTAAACATTAT  
GGTGTGAAGGAGTTAGAAATTGAGAGCATTGCTTTAGGATTAGGTGCTAATAGCAAAAGAAAAACACTGATAAAGATG  
GCAGATTATCGTTTGAAAAAATTGGGAGAGACCCGATACCAAAACCTTTTAAAGACTCCTATTATGTATTAAAGAAAG  
AA

**Table 28: Comparative Sequences relating to SAG1552  
(conserved hypothetical protein)**

**SEQ ID NO. 2804: SAG1552 FROM THE 2603 V/R GBS TYPE V STRAIN  
(REVERSE COMPLEMENT)**

TATTAAAAGAAAATACAAGAACTAACTTTGTTGTTAAAGGTGATACTGTACTTCACAAGCCCACCAATAAACCTTTTGG  
TTGTTAAAGGAGTAGACGTTTGAGTCTTCCTTAGCGGGTTATCATCACAACGATTTTCCCTATTACTCAAAAAACGTATC  
GTGAATGGTTCCATTTAATTTTCCAACATGGGGGCAAATACTGTAAGAGTCAAGGTACCGATGAATGTTGCATTTTACG  
ATGCCCTTATATCACCACAACAAAGCATCAAGAGGGCCACTGTATTTGTTGCAAGGAATACGTATAGATTCTTATCGCA  
ATAATGCTTCTATAACAGCTTTTAAATGATAATTATAGGGGGTATTTAAAACGAGAAGCAAAGGCGTTGTGGATATTC  
TCCATGGGCGTAAGCAAGTATGGAATACTGATTTGGGTAGCCGTCATTATCATTATGATCTTAGTCCTTGGGTACTTG  
GTTATGTGCTAGGGGATGATTGGAATAGTGGTACTGTCGCTTATACTAATCATCAAGAGAAAAAACGCAATATAAAG  
GACGTTATTTTAAACTTCTGTGGCAGCTAATCCATTTGAGGTCATGCTAGCTCAAGTAATGGATGAATTGACACATT  
ATGAGACAGCTAAATATGGTTGGCAACATTTGATTAGTTTTTCAAACCTCACCAACAACAGACCCCTTTTCATTATCGAA  
AACCATTTGAGGACAGGCTCCTAAATACGTACAATAATGTAGAAAATATTCAAGCTAATTCAAATGTTAAAGCAG  
GTATGTTTGCAGCATATAAAGCTATTGATTTCCATCCTCGATACAAGGATTATCTATTATTGATAAAGAGAATATCA  
GTAAGAAGATAGACAAAAGATTAAAGAACTTTCTTTGTACAGGGATACGTTAAACTGCTAAATGCTTATCACA  
TCCCTGTTCTAGTCACGGGTTATGGCTATTGACAGCGAGAGGTATTGCCAAAAAGAAATTGATAAACGTCCTCTGC  
CGATTAAATGAAAAAGAACAGGTCAGCGTTTACTAGAAGATTATGAATCTTTTATATCATCCGGTAGTTTGGAGCGA  
CTATCAATGCATGGCAAGACGATTGGAATGCAAGGCGTGAATACATCTTTCGCCACAAATAAACATAGTCAATTCC  
TATGGGGGGATGCACAAGTATTTAATCAAGGTTATGGTTTATAGGCTTTAAAAACGCAAAACATCATTATCAAGTTG  
ATGGTAAAAGAGGCAAAGGAGAGTGGAACATCCTCTGATGACTAGTGCAACAGGAGATGACTTATATGCTAGCAGTG  
ATGAAAGCTATCTCTACCTTGCGATTAAAAACAAACCTGAAAACTAAAAGAAAAACGATTATTACCAATAGATATTA  
CACCAAAATCTGGTAGTAGAAAAATGAATGGTAGTAAGGTCACATTTTCTAAATCTAGTGACTTTGTATTGCTATTG  
ATCCTAAATGGCAAGTCTGAATTATTGTCCAAGAGCGCTATAATGCCTTAAAAGCGAATCTTTCGACAGCTTAACG  
GTAAGGATTTTATGCTTTCCACCAAAGAAGACAGTAGTAATTTTGAAGCAGATAAATATGGTATTGAGAAATACAA  
AGATTGTTGAAGACATGAAAAAGTAAAAGCAACAGAGAGGTTCTTACCAACTCATCTACTGGTCTTCTCAAAACAG  
GAACAACTGATAGGCACCAAAAAACATTTGATTCAAAACAGATATTTCTGTTTGGAAAGGACTTTATAGAGGTCAGAA  
TTCCGTGGCAGTTGTTGAATTTTCTGATCCATCATCTCAAAAAATTACGATGATTACTTTAAACATTATGGTGTGA  
AGGAGTTAGAAATTGAGAGCATTGCTTTAGGATTAGGTGCTAATAGCAAAGAAAAACACACTGATAAAGATGGCAGATT  
ATCGTTTGA AAAATTTGGGAGAGACCCGATACCAAAACCTTTTTTAAAGACTCCTATTATAGTATTAAGAAAGATGGT  
CTAAAGAAAGAGAGAGACATATGTTCCA

**SEQ ID NO. 2805: SAG1552 FROM THE A909 GBS TYPE Ia STRAIN  
(REVERSE COMPLEMENT)**

AAGGGCTTATTAAAAGAAAATACAAGAACTAACTTTGTTGTTAAAGGTGATACTGTACTTCACAAGCCCACCAATAAA  
CCTTTTGTGTTAAAGGAGTAGACGTTTGAGTCTTCCTTAGCGGGTTATCATCACAACGATTTTCCCTATTACTCAAAAA  
ACGTATCGTGAATGGTTCCATTTAATTTCCAACATGGGGGCAAATACTGTAAGAGTCAAGGTACCGATGAATGTTGCA  
TTTTACGATGCTTTATATCACCACAACAAAGCATCAAGAGGCCACTGTATTGTTGCAAGGAATACGTATAGATTCT  
TATCGCAATAATGCTTCTATAACAGCTTTTAAATGATAATTATAGGGGGTATTTAAAACGAGAAGCAAAAGGCGTTGTG  
GATATTCTCATGGGCGTAAGCAAGTATGGAATACTGATTTGGGTAGCCGTCATTATCATTATGATCTTAGTCCTTGG  
GTACTTGGTTATGTGCTAGGGGATGATTGGAATAGTGGTACTGTCGCTTATACTAATCATCAAGAGAAAAAACGCAA  
TATAAAGGACGTTATTTTAAACTTCTGTGGCAGCTAATCCATTTGAGGTCATGCTAGCTCAAGTAATGGATGAATTG  
ACACATTATGAGACAGCTAAATATGGTTGGCAACATTTGATTAGTTTTTCAAACCTACCAACAACAGACCCTTTTCAT  
TATCGAAAACCATTTGAGGCACAGGCTCCTAAATACGTACAATAATGTAGAAAATATTCAAGCTAATTCAAATGTT  
AAAGCAGGTATGTTTGCAGCATATAAAGCTATTGATTTCATCCTCGATACAAGGATTATCTATTATTGATAAAGAG  
AATATCAGTAAAGAAGATAGACAAAAGATTAAAGAACTTTCTTTGTCAAGGGATACGTTAACTGCTAAATGCTTAT  
CACAAAATCCCTGTTCTAGTCACGGGTTATGGCTATTGCAAGCGAGAGGTATTGCCCAAAAAGAAATTGATAAACGT  
CCTCTGCCGATTAATGAAAAAGAACAGGTACGCGTTTACTAGAAGATTATGAATCTTTTATATCATCCGGTAGTTTT  
GGAGCGACTATCAATGCATGGCAAGACGATTGGAATGCAAGGGCGTGAATACATCTTTCGCCACAAATAAACATAGT  
CAATTCTATGGGGGATGCACAAGTATTTAATCAAGGTTATGGTTTATTAGGCTTTAAAAACGCAAAACATCATTAT  
CAAGTTGATGGTAAAAGAGGCAAAGGAGAGTGGAACATCCTCTGATGACTAGTGCAACAGGAGATGACTTATATGCT  
AGCAGTGATGAAAGCTATCTCTACCTTGGGATTAACCAAAACCTGAAAACTAAAAGAAAAACGATTATTACCAATA  
GATATTACACCAAAATCTGGTAGTAGAAAATGAATGGTAGTAAGGTCACATTTTCTAAATCTAGTGACTTTGTATTG  
TCTATTGATCCAAATGGCAAGTCTGAATTATTTGTCCAGAGCGCTATAATGCCTTAAAAGCGAATCTTTCGACAG  
CTTAACGGTAAAGATTTTATGCTTTCCACCAAAGAAGAACAGTAGTAATTTTGAAGCAGATAAATATGGTATTGAGA  
AATACAAAGATTGTTGAAGACATGGAAAAAGTAAAAGCAACAGAGAGGTTCTTACCACCTCATCTACTGGTCTCTC  
AAAAACAGGAACAACCTGATAGGCACCAAAAAACATTTGATTCAAAACAGATATTTCTGTTTGGAAAGGACTTTATAGAG  
GTCAGAATTCCGTGGCAGTTGTTGAATTTTCTGATCCATCATCTCAAAGAATTACGATGATTACTTTAAACATTAT  
GGTGTGAAGGAGTTAGAAAATTGAGAGCCATTGCTTTAGGATTAGGTGCTAATAGCAAAGAAAAACACACTGATAAAGA  
TGGCAGATTATCGTTTGA AAAATTTGGGAGAGACCCGATACCAAAACCTTTTTTAAAGA

**Table 28: Comparative Sequences relating to SAG1552  
(conserved hypothetical protein)**

**SEQ ID NO. 2806: SAG1552 FROM THE CJB110 GBS NONTYPEABLE STRAIN**

TATTACTTTTGATGGTAGTTTGTATTTACCAAAGGCGTTATTAAAGAAAATACAAGAACTAAGCTTTGTTGTTAAAGGT  
GATACTGTACTTCCAAAGCCCAACATAAACCTTTTGTGTTAAAGGAGTAGACGTTGAGTCTTCCTTAGCGGGTTAT  
CATCACAACGATTTTCTTATTACTCAAAAACGTATCGTGAATGGTTCCATTTAATTTCCAAACATGGGGGCAAACTACT  
GTAAGAGTCAAGGTACCGATGAATGTTGCATTTTACGATGCCTTATATCACCACAACAAAGCATCAAAGAGGCCACTG  
TATTTGTTGCAAGGAATACGTATAGATTCTTATCGCAATAATGCTTCTATAACAGCTTTTAAATGATAATTATAGGGGG  
TATTTAAACGAGAAGCAAAAGGCGTTGTGGATATTCTCCATGGGCGTAAGCAAGTATGGAATACAGATTTTGGTAGC  
CGTCATTATCATTATGATCTTAGTCTTGGGTAAGTTGGTTATGTCGTAGGGGATGATTGGAATAGTGGTACTGTTCGCT  
TATACTAATCATCAAGAGAAAAAAGCAATATAAAGGACGTTATTTTAAACCTTCTGTGGCAGCTAATCCATTGAG  
GTCATGCTAGCTCAAGTAATGGATGAATTGACACATTATGAGACAGCTAAATATGGTTGGCAACATTTGATTAGTTTT  
TCAAACCTCACCACAACAGACCCCTTTTCATTATCGAAAACCATTTGAGGCACAGGCTCCTAAATACGTACAACATAAT  
GTAGAAAATATTCAAGCTAATCAAATGTTAAAGCAGGTATGTTTGCAGCATATAAAGCTATTGATTTCCATCCTCGA  
TACAAGGATTATCTATTATTGATAAAGAGAATATCAGTAAGAAGATAGACAAAAGATTAAAGAACTTTCTTTGTCA  
CAGGGATACGTTAACTGCTAAATGCTTATCACAAAATCCCTGTTCTAGTCACGGGTTATGGCTATTTCGACAGCGAGA  
GGTATTGCCCAAAAGAAATTGATAAAGCTCCTCTGCCGATTAAAGAAAAGCAAGGTCAGCGTTTACTAGAAAGAT  
TATGAATCTTTTATATCATCCGGTAGTTTGGAGCGACTATCAATGCATGGCAAGACGATTGGAATGCAAGGGCGTGG  
AATACATCTTTCCGCCAAAATAAACATAATCAATTCCTATGGGGGATGCACAAGTATTTAATCAAGGTTATGGTTTA  
TTAGGCTTTAAAGCGCAAAACATCATTTATCAAGTTGATGGTTAAAGAGGCAAGGAGAGTGGAAACATCCTCTGATG  
ACTAGTGCAACAGGAGATGACTTATATGCTAGCAGTGATGAAAGCTATCTCTACCTTGGGATTAAACAAAACCTGAA  
AAACTAAAGAAAACGATTATTACCAATAGATATTACACCAAAATCTGGTAGTAGAAAAATGAATGGTAGTAGGTC  
ACATTTTCTAAATCTAGTGACTTTGTATTGTCTATTGATCCAAATGGCAAGTCTGAATTATTTGTCCAAGAGCGCTAT  
AATGCCCTTAAAGCGAACTATCTTCGACAGCTTAACCGTTAAAGATTTTTATGCTTTCCACCAAGAAAGAACAGTAGT  
AATTTTGAGCAGATAAATATGGTATTGAGAAATACAAAGATTGTTGAAGACATGGAAGAAAGTAAAGCAACAGAGAGG  
TTCTTACCAACTCATCTACTGGTCTTCTCAAACAGGAACAACCTGATAGGCACCAAAAACATTTGATTACAAAACA  
GATATTTCTGTTTGAAGGACTTTATAGAGGTGAGAATTCCTGGCAGTTGTTGAATTTTCTGATCCATCATCTCAA  
AAAATTCAGGATGATTACTTTAAACATTATGGTGTGAAGGAGTTAGAAATTGAGAGCATTGCTTTAGGATTAGGTGCT  
AATAGCAAAGAAAACACACTGATAAAGATGGCAGATTATCGTTTGAAGAAATTGGGAGAGACCCGATACCAAAACCTTT  
TTAAAGACTCCTATTATGTATTAAGAAAGA

**SEQ ID NO. 2807: SAG1552 FROM THE COH1 GBS TYPE III STRAIN**

TTTACCACAGGGCTTATTAAAGAAAATACAAGAACTAAGCTTTGTTGTTAAAGGTGATAGTACTTCCAAAGCCAC  
CAATAAACCTTTTGTGTTAAAGGAGTAGACGTTGAGTCTTCCTTAGCGGGTTATCATCACAACGATTTTCTTATTAC  
TCAAAAACGTATCGTGAATGGTTCCATTTAATTTCCAAACATGGGGGCAAACTACTGTAAGAGTCAAGGTACCGATGAA  
TGTGCAATTTTACGATGCCTTATATCACCACAACAAAGAAATCAAAGAGGCCACTGTATTTGTTGCAAGGAATACGTAT  
AGATTCTTATCGCAATAATGCTTCTATAACAGCTTTTAAATGATAATTATAGGGGTTATTTAAACGAGAAGCAAAAGG  
CGTTGTGGATATTCTCCATGGGCGTAAGCAAGTATGGAATACTGATTTTGGTAGCCGTCATTATCATTATGATCTTAG  
TCCTTGGGTACTTGGTTATGTCGTAGGGGATGATTGGAATAGTGGTACTGTCGCTTATACTAATCATCAAGAGAAAAA  
AACGCAATATAAAGGACGTTATTTTAAACCTTCTGTGGCAGCTAATCCATTTGAGGTCATGCTAGCTCAAGTAATGGA  
TGAATTGACACATTATGAGACAGCTAAATATGGTTGGCAACATTTGATTAGTTTTTCAAACCTCACCACAACAGACCC  
TTTTATTATCGAAAACCATTTGAGGCACAGGCTCCTAAATACGTACAACATAATGTAGAAAATATTCAAGCTAATTC  
AAATGTTAAAGCAGGTATGTTTGCAGCATATAAAGCTATTGATTTCATCCTCGATACAAGGATTATCTATTATTTGA  
TAAAGAGAAATATCAGTAAAGAAGATAGACAAAAGATTAAAGAACTTTCTTTGTACAGGGATACGTTAAACTGCTAAA  
TGCTTATCACAACATCCCTGTTCTAGTCACGGGTTATGGCTATTTCGACAGCGAGAGGTATTGCCCAAAAAGAAATTGA  
TAAACGTCCTTCCCGATTAAAGAAAAGAAACAGGTGAGGTTTACTAGAAGATTATGAATCTTTTATATCATCCGG  
TAGTTTGGAGCGACTATCAATGCATGGCAAGACGATTGGAATGCAAGGGCGTGAATACATCTTTCCGCCAAAATAA  
ACATAGTCAATTCCTATGGGGGATGCACAAGTATTTAATCAAGGTTATGGTTTATTAGGCTTTAAACGCAAAACA  
TCATTATCAAGTTGATGGTAAAGAGGCAAGGAGAGTGGAAACATCCTCTGATGACTAGTGCAACAGGAGATGACTT  
ATATGCTAGCAGTGATGAAAGCTATCTCTACCTTGGGATTAAACAAAACCTGAAAACTAAAGAAAAACGATTATT  
ACCAATAGATATTACCAAAAATCTGGTAGTAGAAAAATGAATGGTAGTAAGGTCACATTTTCTAAATCTAGTACTT  
TGTATTGTCTATTGATCCAAATGGCAAGTCTGAATTATTTGTCCAAGAGCGCTATAATGCCTTAAAGCGCAACTATCT  
TCGACAGCTTAACGGTAAAGATTTTATGCTTTCCACCAAGAAGAACAGTAGTAATTTTGGAGCAGATAAATATGGT  
ATTGAGAAATACAAAGATTGTTGAAGACATGGAAGAAAGTAAAGCAACAGAGAGGTTCTTACCAACTCATCTACTGG  
TCTTCTCAAAACAGGAACAACCTGATAGGCACCAAAAATCATTTGATTCACAACAGATATTTCTGTTGGAAAGGACTT  
TATAGAGGTCAGAAATCCGTGGCAGTTTGTGAATTTTCTGATCCATCATCTCAAAAATTCAGGATGACTTTTAA  
ACATTATGGTGTGAAGGAGTTAGAAATTGAGAGCATTGCTTTAGGATTAGGTGCTAATAGCAAAGAAAACACACTGAT  
AAAGATGGCAGATTATCGTTTGAAGAAATTGGGAGAGACCCGATACCAAAACCTTTTAAAGACT

**Table 28: Comparative Sequences relating to SAG1552  
(conserved hypothetical protein)**

SEQ ID NO. 2808: SAG1552 FROM THE H36b GBS TYPE Ib STRAIN

AAGGGGCTTATATAAAGAAAATACAAGAACTAACTTTGTGTTAAAGGTGATACTGTACTTCACAAGCCCACCAATAA  
ACCTTTTGTGTTTAAAGGAGTAGACGTTGAGTCTTCCTAGCGGGTTATCATCACAACGATTTTCTTATTACTCAAAA  
AACGTATCGTGAATGGTTCATTTAATTTCCAACATGGGGGCAAATACTGTAAGAGTCAAGGTACCGATGAATGTTGC  
ATTTTACGATGCCTTATATACCCACAACAAAGCATCAAAGAGGCCACTGTATTTGTTGCAAGGAATACGTATAGATTCT  
TTATCGCAATAATGCTTCTATAACAGCTTTTAATGATAATTATAGGGGGTATTTAAACGAGAAGCAAAAGGCGTTGT  
GGATATTCTCCATGGGCGTAAGCAAGTATGGAATACTGATTTTGGTAGCAGTCATTATCATTATGATCTTAGTCCTTG  
GGTACTTGGTTATGTCGTAGGGGATGATGGACATAGTGGTACTGTCGCTTTTACTAATCATCAAGAGGAGAAAAACG  
CAATATAAAGGACGCTTATTTTAAAACCTTCTGTGGCAGCTAATCCATTGAGGTGATGCTAGCTCAAGTAATGGATGAA  
TTGACACATTATGAGACAGCTAAATATGGTTGGCAACATTTGATTAGTTTTTCAAACCTACCAACAACAGACCCTTTT  
CATTATCGAAAACCATTTGAGGCACAGGCTCCTAAATACGTACAATAAATGTAGAAAATATTCAAGCTAATTCGAAT  
GTTAAAGCAGGTATGTTTGCAGCATATAAAGCTATTGATTTCCATCCTCGATACAAGGATTATCTATTATTTGATAAA  
GAGAATATCAGTAAAGAAGATAGACAAAAGATTAAAGAACTTTCTTTGTCACAGGGATACGTTAACTGCTAAATGCT  
TATCACAATAATCCGTGTTCTAGTCACGGGTTATGGCTACTCGACAGCGAGAGGTATTGCCCAAAAAGAAATTGATAAA  
CGTCTCTGCGCGATTAAATGAAAAAGAACAGGTGAGCGTTTACTAGAAGATTATGAATCTTTTATATCATCCGGTAGT  
TTTGGAGCGACTATCAATGCATGGCAAGACGATTGGAATGCAAGGGTGTGGAATACATCCTTCGCCACAAATAAACAT  
AGTCAATTCCTATGGGGGATGCACAAGTATTTAATCAAGGTTATGGTTTATTAGGCTTTAAAAACGCAAAACATCAT  
TATCAGGTTGATGCTGTTAAAGAGGCAAGAGAGTGAAACATCCTCTGATGACTAGTGCAACAGGAGATGACTTATAT  
GCTAGCAGTGATGAAAGCTATCTCTACCTTGGCATTAAACAAAACCTGAAAACTAAAAGAAAAACGATTATTACCA  
ATAGATATTACACCAAAATCTGGTAGTAGAAAAATGAATGGTAGTAAGGTACATTTTCTAAATCTAGTGACTTTGTA  
TTGTCTATTGATCCAAATGGCAAGTCTGAATTATTTGTCCAGAGCGCTATAACGCCTTAAAAGCGAATCTCTCGA  
CAGCTTAATGGTAAAGATTTTATGCTTTCCACCAAGAAGAACAGTAGTAATTTTGGAGCAGATAAATATGCTTATG  
AGAAATACAAAGATTGTTGAAGACATGGAAAAAGTAAAGCAACAGAGAGGTTCTTACCAACTCATCTCTAGTCTGTT  
CTCAAAACAGGAACAACCTGATAGGCACCAAAAAACATTTGATTCAACAACAGATATTTCTGTTTGGAAAGGACTTTATA  
GAGGTGAGAATTCCTGGCAGTTGTTGAATTTTCTGATCCATCATCTCAAAAAATTACAGATGATTACTTTAAACAT  
TATGGTGTGAAGGAGTTAGAAATTGAGAGCATTGCTTTAGGATTAGGTGCTAATAGCAAAGAAAACACACTGATAAAG  
ATGGCAGATTATCGTTTGAATAATTTGGGAGAGACCCGATACCAAAACCTTTTAAAAGACTCCTATTATAGT

SEQ ID NO. 2809: SAG1552 FROM THE JM9130013 GBS TYPE VIII STRAIN

ACTTTGTGTTAAAGGTGATACTGTACTTCACAAGCCCACCAATAAACCTTTGTTGTTAAAGGAGTAGACGTTGAGT  
CTTCTTAGCGGGTTATCATCACAACGATTTTCTTATTACTCAAAAAACGTATCGTGAATGGTTCCATTTAATTTCCA  
ACATGGGGGCAAAATCTGTAAGAGTCAAGGTACCGATGAATGTTGCATTTTACGATGCCTTATATACCCACAACAAAG  
CATCAAAGAGGCCACTGTATTTGTTGCAAGGAATACGTATAGATTCTTATCGCAATAATGCTTCTATAACAGCTTTTA  
ATGATAATTATAGGGGGTATTTAAACGAGAAGCAAAAGGCGTTGTGGATATTCTCCATGGGCGTAAGCAAGTATGGA  
ATACTGATTTTGGTAGCAGTCATTATCATTATGATCTTAGTCCTTGGGTACTTGGTTATGTCGTAGGGGATGATTGGA  
ATAGTGGTACTGTGCTTATACCTAATCATCAAGAGAAAAAAACGCAATATAAAGGACGTTATTTTAAAACCTTCTGTGG  
CAGCTAATCCATTTGAGGTGATGCTAGCTCAAGTAATGGATGAATTGACACATTATGAGACAGCTAAATATGGTTGGC  
AACATTTGATTAGTTTTTCAAACCTACCAACAACAGACCCTTTTCATTATCGAAAACCATTTGAGGCACAGGCTCCTA  
AATACGTACAATAAATGTAGAAAATATTCAAGCTAATTCGAATGTTAAAGCAGGTATGTTTGCAGCATATAAAGCTA  
TTGATTTCCATCCTCGATACAAGGATTATCTATTATTTGATAAAGAGAATATCAGTAAAGAAGATAGACAAAAGATTA  
AAGAACCTTCTTTGTCACAGGGATACGTTAAACTGCTAAATGCTTATCACAATAATCCGTGTTCTAGTCACGGGTTATG  
GCTACTCGACAGCGAGAGGTATTGCCCAAAAAGAAATTGATAAACGTCCTCTGCCGATTAAAGAAAAAGAACAGGTC  
AGCGTTTACTAGAAGATTATGAATCTTTTATATCATCCGGTAGTTTGGAGCGACTATCAATGCATGGCAAGACGATT  
GGAATGCAAGGGTGTGGAATACATCCTTCGCCACAAATAAACATAGTCAATTCCTATGGGGGATGCACAAGTATTTA  
ATCAAGGTTATGGTTTATAGGCTTTAAAAACGCAAAACATCATTTATCAGGTTGATGGTAAAGAGGCAAGAGAGT  
GGAAACATCCTCTGATGACTAGTGCAACAGGAGATGACTTATATGCTAGCAGTGATGAAAGCTATCTCTACCTTGCGA  
TTAAACAAAACCTGAAAACTAAAAGAAAAACGATTATTACCAATAGATATTACCAAAAATCTGGTAGTAGAAAAA  
TGAATGGTAGTAAGGTCAATTTTCTAAATCTAGTGACTTTGTATTGTCTATTGATCCAAATGGCAAGTCTGAATTAT  
TTGTCCAAGAGCGCTATAACGCCTTAAAGCGAACTATCTTCGACAGCTTAATGGTAAAGATTTTTATGCTTTCCAC  
CAAGAAGAACAGTAGTAATTTTGGAGCAGATAAATATGGTATTGAGAAATACAAAGATTGTTGAAGACATGGAAAAAG  
TAAAGCAACAGAGAGGTTCTTACCAACTCATCTACTGGTCTTCTCAAACAGGAACAACCTGATAGGCACCAAAAA  
CATTTGATTCAACAACAGATATTTCTGTTTGGAAAGGACTTTATAGAGGTGAGAAATCCGTGGCAGTTGTTGAATTTT  
CTGATCCATCATCTCAAAAAATTACAGATGATTACTTTAAACATTATGGTGTGAAGGAGTTAGAAATTGAGAGCATTG  
CTTTAGGATTAGGTGCTAATAGCAAAAGAAAAACACTGATAAAGATGGCAGATTATCGTTTGAATAATTTGGGAGAGAC  
CCGATACCAAAACCTTTTAAAAGACTCCTATTATAGTATTAAGAAAG

**Table 28: Comparative Sequences relating to SAG1552  
(conserved hypothetical protein)**

SEQ ID NO. 2810: SAG1552 FROM THE M732 GBS TYPE III STRAIN

TACAAGAACTAACTTTGTTGTTAAAGGTGATACTGTACTTCACAAGCCCACCAATAAACCTTTTGTGTTAAAGGAGT  
AGACGTTGAGTCTTCTTAGCGGGTATCATCACAACGATTTTCTATTACTCAAAAAACGTATCGTGAATGGTTCCA  
TTTAATTTCCAACATGGGGGCAAACTACTGTAAGAGTCAAGGTACCGATGAATGTTGCATTTTACGATGCCCTATATCA  
CCACAACAAAGAATCAAGAGAGGCCACTGTATTTGTGCAAGGAATACGTATAGATTCTTATCGCAATAATGCTTCTAT  
AACAGCTTTTAATGATAATTATAGGGGGTATTTAAACGAGAAGCAAAAGGCGTTGTGGATATTCTCCATGGGCGTAA  
GCAAGTATGGAATACTGATTTTGGTAGCCGTCATTATCATTATGATCTTAGTCCTTGGGTACTTGGTTATGTCGTAGG  
GGATGATTGCAATAGTGGTACTGTCGCTTATACTAATCATCAAGAGAAAAAACGCAATATAAAGGACGTTATTTTAA  
AACTTCTGTGGCAGCTAATCCATTGAGGTCATGCTCAAGTAATGGATGAATTGACACATTATGAGACAGCTAA  
ATATGGTTGGCAACATTGATTGTTTTCAAACTCACCACAGACGCCCTTTCATTATCGAAAACCATTTGAGGC  
ACAGGCTCCTAAATACGTACAATAATGTAGAAAAATTCAAGCTAATTCAAATGTTAAAGCAGGTATGTTGCGAGC  
ATATAAGCTATTGATTTCCATCCTCGATACAAGGATTATCTATTATTTGATAAAGAGAATATCAGTAAAGAAGATAG  
ACAAAAGATTAAAGAACTTTCTTTGTACAGGGATACGTTAACTGCTAAATGCTTATCACAAAATCCCTGTTCTAGT  
CACGGGTTATGGCTATTTCGACAGCGAGAGGTATTGCCCAAAAAGAAATTGATAAACGTCCTCTGCCGATTAAAGAAAA  
AGAACAAGGTACAGCGTTTACTAGAAGATTATGAATCTTTTATATCATCCGGTAGTTTGGAGCGACTATCAATGCATG  
GCAAGACGATTGGAATGCAAGGGCGTGAATACATCTTTCGCCACAAATAAACATAGTCAATTCTTATGGGGGGATGC  
ACAAGTATTTAATCAAGGTTATGGTTTATTAGGCTTTAAAAACGCAAAACATCATTATCAAGTTGATGGTAAAGAGG  
CAAAGGAGAGTGGAAACATCCTCTGATGACTAGTGCAACAGGAGATGACTTATATGCTAGCAGTGATGAAAGCTATCT  
CTACCTTTGCGATTAAAAACAAAACCTGAAAACTAAAGAAAAACGATTATTACCAATAGATATTACACCAAAATCTGG  
TAGTAGAAAAATGAATGGTAGTAAGGTCACATTTTCTAAATCTAGTGACTTTGTATTGTCTATTGATCCAAATGGCAA  
GTCTGAATTTATTTGTCCAAGAGCGCTATAATGCCTTAAAGCGAACTATCTTCGACAGCTTAACGGTAAAGATTTTAA  
TGCTTTCCCAACAAAGAAGAACAGTAGTAATTTTGAGCAGATAAATATGGTATTGAGAAATACAAAGATTGTTGAAGA  
CATGAAAAAGTAAAGCAACAGAGAGGTTCTTACCAACTCATCTACTGGTCTTCTCAAAACAGGAACAACACTGATAG  
GCACCAAAAAACATTTGATTCAAAACAGATATTTCTGTTTGGAAAGGACTTTATAGAGGTGAGAAATCCGTGGCAGTT  
GTTGAATTTTCTGATCCATCATCTCAAAAAATTCACGATGATTACTTTAAACATTATGGTGTGAAGGAGTTAGAAAT  
TGAGAGCATTGCTTTAGGATTAGGTGCTAATAGCAAGAAAACACACTGATAAAGATGGCAGATTATCGTTTGAAAAA  
TTGGGAGAGACCCGATACCAAAACCTTTTAAAGACTCCTATTATAGTATTAAG

SEQ ID NO. 2811: SAG1552 FROM THE M781 GBS TYPE III STRAIN

TTTGATGGTAGTTTGTATTATACACAGGGCTTATTAAGAAAGAAATACAAGAACTAACTTTGTTGTTAAAGGTGATACT  
GTACTTCACAAGCCCACCAATAAACCTTTTGTGTTAAAGGAGTAGACGTTGAGTCTTCTTAGCGGGTTATCATCAC  
AACGATTTTCTTATTACTCAAAAAACGTATCGTGAATGGTTCCATTAAATTTCCAACATGGGGGCAAACTGTAAGA  
GTCAAGGTACCGATGAATGTTGCATTTTACGATGCCCTATATCACCACAACAAAGAATCAAAGAGGCCACTGTATTG  
TTGCAAGGAATACGTATAGATTCTTATCGCAATAATGCTTCTATAACAGCTTTTAAATGATAATTATAGGGGGTATTTA  
AAACGAGAAGCAAAAGGCGTTGTGGATATTCTCCATGGGCGTAAGCAAGTATGGAATACTGATTTTGGTAGCCGTCAT  
TATCATTATGATCTTAGTCTTGGGTACTTGGTTATGTCGTAGGGGATGATTGGAATAGTGGTACTGTCGCTTATACT  
AATCATCAAGAGAAAAAACGCAATATAAAGGACGTTATTTTAAACTTCTGTGGCAGCTAATCCATTTGAGGTCATG  
CTAGCTCAAGTAATGGATGAATTGACACATTATGAGACAGCTAAATATGGTTGGCAACATTTGATTAGTTTTTCAAC  
TCACCAACAACAGACCCCTTTCATTATCGAAAACCATTTGAGGCACAGGCTCCTAAATACGTACAATAAATGTAGAA  
AATATTCAAGCTAATTCAAATGTTAAAGCAGGTATGTTGCGAGCATATAAGCTATTGATTTCATCCTCGATACAAG  
GATTATCTATTATTGATAAAGAGAAATATCAGTAAAGAAGATAGACAAAAGATTAAAGAACTTTCTTGTACAGGGA  
TACGTTAACTGCTAAATGCTTATCACAAAATCCCTGTTCTAGTCACGGGTTATGGCTATTTCGACAGCGAGAGGTATT  
GCCCAAAAAGAAATTGATAAACGTCCTCTGCCGATTAAAGAAAAAGAACAAAGGTCAGCGTTTACTAGAAGATTATGAA  
TCTTTTATATCATCCGGTAGTTTGGAGCGACTATCAATGCATGGCAAGACGATTGGAATGCAAGGGCGTGAATACA  
TCTTTCGCCACAATAAACATAGTCAATTCTTATGGGGGATGACACAGTATTTAATCAAGGTTATGGTTTATTAGGC  
TTTAAAAACGCAAAACATCATTATCAAGTTGATGGTAAAGAGGCAAGGAGAGTGGAACATCCTCTGATGACTAGT  
GCAACAGGAGATGACTTATATGCTAGCAGTGATGAAAGCTATCTCTACCTTGCATTAACAAACCTGAAAACTA  
AAAGAAAAACGATTATTACCAATAGATATTACACCAAAATCTGGTAGTAGAAAAATGAATGGTAGTAAGGTCACATT  
TCTAAATCTAGTGACTTTGTATTGTCTATTGATCCAAATGGCAAGTCTGAATTATTTGTCCAAGAGCGCTATAATGCC  
TTAAAAGCGAACTATCTTCGACAGCTTAACGGTAAAGATTATTTATGCTTTCCCAACAAAGAAAGAACAGTAAATTTT  
GAGCAGATAAATATGGTATTGAGAAATACAAAGATTGTTGAAGACATGGAAAAAGTAAAGCAACAGAGAGGTTCTTA  
CCAACTCATCCTACTGGTCTTCTCAAAACAGGAACAACCTGATAGGCACCAAAAAACATTTGATTACAAACAGATATT  
TCGTTTGGAAAGGACTTTATAGAGGTGAGAAATCCGTGGCAGTTGTTGAATTTTCTGATCCATCATCTCAAAAAAT  
CACGATGATTACTTTTAAACATTATGGTGTGAAGGATTGAGAAATTTAGAGCATTGCTTTAGGATTAGGTGCTAATAGC  
AAAGAAAAACACACTGATAAAGATGGCAGATTATCGTTTGAAAAATTGGGAGAGACCCGATACCAAAACCTTTTAAAA  
GACTCCTATTATAGTATTAAGAAAGAAATGG

**Table 28: C mparative Sequences relating to SAG1552  
(conserved hypothetical protein)**

SEQ2801	-----
SEQ2802	-----
SEQ2803	-----AAGGGCTTATTAAGAAAATACAAGAACT
SEQ2804	-----TATTAAGAAAATACAAGAACT
SEQ2805	-----AAGGGCTTATTAAGAAAATACAAGAACT
SEQ2806	ATTACTTTGATGGTAGTTTGTATTTACCAAGGGCTTATTAAGAAAATACAAGAACT
SEQ2807	-----TTTACCACAGGGCTTATTAAGAAAATACAAGAACT
SEQ2808	-----AAGGGCTTATTAAGAAAATACAAGAACT
SEQ2809	-----
SEQ2810	-----TACAAGAACT
SEQ2811	-----TTGATGGTAGTTTGTATTTACCAAGGGCTTATTAAGAAAATACAAGAACT
SEQ2801	--TTTGTGTAAAGGTGATACTGTACTTCACAAGCCCACCAATAAACCTTTTGTGTGT
SEQ2802	-----
SEQ2803	ACTTTGTGTAAAGGTGATACTGTACTTCACAAGCCCACCAATAAACCTTTTGTGTGT
SEQ2804	ACTTTGTGTAAAGGTGATACTGTACTTCACAAGCCCACCAATAAACCTTTTGTGTGT
SEQ2805	ACTTTGTGTAAAGGTGATACTGTACTTCACAAGCCCACCAATAAACCTTTTGTGTGT
SEQ2806	ACTTTGTGTAAAGGTGATACTGTACTTCACAAGCCCACCAATAAACCTTTTGTGTGT
SEQ2807	ACTTTGTGTAAAGGTGATACTGTACTTCACAAGCCCACCAATAAACCTTTTGTGTGT
SEQ2808	ACTTTGTGTAAAGGTGATACTGTACTTCACAAGCCCACCAATAAACCTTTTGTGTGT
SEQ2809	ACTTTGTGTAAAGGTGATACTGTACTTCACAAGCCCACCAATAAACCTTTTGTGTGT
SEQ2810	ACTTTGTGTAAAGGTGATACTGTACTTCACAAGCCCACCAATAAACCTTTTGTGTGT
SEQ2811	ACTTTGTGTAAAGGTGATACTGTACTTCACAAGCCCACCAATAAACCTTTTGTGTGT
SEQ2801	AAGGAGTAGACGTTGAGTCTTCCTTAGCGGGTTATCATCAACGATTTTCCTATTACT
SEQ2802	-----
SEQ2803	AAGGAGTAGACGTTGAGTCTTCCTTAGCGGGTTATCATCAACGATTTTCCTATTACT
SEQ2804	AAGGAGTAGACGTTGAGTCTTCCTTAGCGGGTTATCATCAACGATTTTCCTATTACT
SEQ2805	AAGGAGTAGACGTTGAGTCTTCCTTAGCGGGTTATCATCAACGATTTTCCTATTACT
SEQ2806	AAGGAGTAGACGTTGAGTCTTCCTTAGCGGGTTATCATCAACGATTTTCCTATTACT
SEQ2807	AAGGAGTAGACGTTGAGTCTTCCTTAGCGGGTTATCATCAACGATTTTCCTATTACT
SEQ2808	AAGGAGTAGACGTTGAGTCTTCCTTAGCGGGTTATCATCAACGATTTTCCTATTACT
SEQ2809	AAGGAGTAGACGTTGAGTCTTCCTTAGCGGGTTATCATCAACGATTTTCCTATTACT
SEQ2810	AAGGAGTAGACGTTGAGTCTTCCTTAGCGGGTTATCATCAACGATTTTCCTATTACT
SEQ2811	AAGGAGTAGACGTTGAGTCTTCCTTAGCGGGTTATCATCAACGATTTTCCTATTACT
SEQ2801	AAAAAACGTATCGTGAGTGGTTCCATTTAATTTCCAACATGGGGGCAAACTACTGTAAGA
SEQ2802	-----
SEQ2803	AAAAAACGTATCGTGAGTGGTTCCATTTAATTTCCAACATGGGGGCAAACTACTGTAAGA
SEQ2804	AAAAAACGTATCGTGAGTGGTTCCATTTAATTTCCAACATGGGGGCAAACTACTGTAAGA
SEQ2805	AAAAAACGTATCGTGAGTGGTTCCATTTAATTTCCAACATGGGGGCAAACTACTGTAAGA
SEQ2806	AAAAAACGTATCGTGAGTGGTTCCATTTAATTTCCAACATGGGGGCAAACTACTGTAAGA
SEQ2807	AAAAAACGTATCGTGAGTGGTTCCATTTAATTTCCAACATGGGGGCAAACTACTGTAAGA
SEQ2808	AAAAAACGTATCGTGAGTGGTTCCATTTAATTTCCAACATGGGGGCAAACTACTGTAAGA
SEQ2809	AAAAAACGTATCGTGAGTGGTTCCATTTAATTTCCAACATGGGGGCAAACTACTGTAAGA
SEQ2810	AAAAAACGTATCGTGAGTGGTTCCATTTAATTTCCAACATGGGGGCAAACTACTGTAAGA
SEQ2811	AAAAAACGTATCGTGAGTGGTTCCATTTAATTTCCAACATGGGGGCAAACTACTGTAAGA
SEQ2801	TCAAAGTACCGATGAATGTTGCATTTTACGATGCCTTATATCACCACAACAAAGCATCA
SEQ2802	-----
SEQ2803	TCAAAGTACCGATGAATGTTGCATTTTACGATGCCTTATATCACCACAACAAAGCATCA
SEQ2804	TCAAAGTACCGATGAATGTTGCATTTTACGATGCCTTATATCACCACAACAAAGCATCA
SEQ2805	TCAAAGTACCGATGAATGTTGCATTTTACGATGCCTTATATCACCACAACAAAGCATCA
SEQ2806	TCAAAGTACCGATGAATGTTGCATTTTACGATGCCTTATATCACCACAACAAAGCATCA
SEQ2807	TCAAAGTACCGATGAATGTTGCATTTTACGATGCCTTATATCACCACAACAAAGCATCA
SEQ2808	TCAAAGTACCGATGAATGTTGCATTTTACGATGCCTTATATCACCACAACAAAGCATCA
SEQ2809	TCAAAGTACCGATGAATGTTGCATTTTACGATGCCTTATATCACCACAACAAAGCATCA
SEQ2810	TCAAAGTACCGATGAATGTTGCATTTTACGATGCCTTATATCACCACAACAAAGCATCA
SEQ2811	TCAAAGTACCGATGAATGTTGCATTTTACGATGCCTTATATCACCACAACAAAGCATCA
SEQ2801	AGAGGCCACTGTATTGTTGCAAGGAATACGTATAGATTCTTATCGCAATAATGCTTCT
SEQ2802	-----
SEQ2803	AGAGGCCACTGTATTGTTGCAAGGAATACGTATAGATTCTTATCGCAATAATGCTTCT
SEQ2804	AGAGGCCACTGTATTGTTGCAAGGAATACGTATAGATTCTTATCGCAATAATGCTTCT
SEQ2805	AGAGGCCACTGTATTGTTGCAAGGAATACGTATAGATTCTTATCGCAATAATGCTTCT
SEQ2806	AGAGGCCACTGTATTGTTGCAAGGAATACGTATAGATTCTTATCGCAATAATGCTTCT
SEQ2807	AGAGGCCACTGTATTGTTGCAAGGAATACGTATAGATTCTTATCGCAATAATGCTTCT
SEQ2808	AGAGGCCACTGTATTGTTGCAAGGAATACGTATAGATTCTTATCGCAATAATGCTTCT



**Table 28: Comparative Sequences relating to SAG1552  
(conserved hypothetical protein)**

SEQ2809	AGAGGCCACTGTATTTGTTGCAAGGAATACGTATAGATTCTTATCGCAATAATGCTTCT
SEQ2810	AGAGGCCACTGTATTTGTTGCAAGGAATACGTATAGATTCTTATCGCAATAATGCTTCT
SEQ2811	AGAGGCCACTGTATTTGTTGCAAGGAATACGTATAGATTCTTATCGCAATAATGCTTCT
SEQ2801	TAACAGCTTTTAAATGATAATTATAGGGGGTATTTAAACGAGAAGCAAAAGGCGTTGTG
SEQ2802	-----
SEQ2803	TAACAGCTTTTAAATGATAATTATAGGGGGTATTTAAACGAGAAGCAAAAGGCGTTGTG
SEQ2804	TAACAGCTTTTAAATGATAATTATAGGGGGTATTTAAACGAGAAGCAAAAGGCGTTGTG
SEQ2805	TAACAGCTTTTAAATGATAATTATAGGGGGTATTTAAACGAGAAGCAAAAGGCGTTGTG
SEQ2806	TAACAGCTTTTAAATGATAATTATAGGGGGTATTTAAACGAGAAGCAAAAGGCGTTGTG
SEQ2807	TAACAGCTTTTAAATGATAATTATAGGGGGTATTTAAACGAGAAGCAAAAGGCGTTGTG
SEQ2808	TAACAGCTTTTAAATGATAATTATAGGGGGTATTTAAACGAGAAGCAAAAGGCGTTGTG
SEQ2809	TAACAGCTTTTAAATGATAATTATAGGGGGTATTTAAACGAGAAGCAAAAGGCGTTGTG
SEQ2810	TAACAGCTTTTAAATGATAATTATAGGGGGTATTTAAACGAGAAGCAAAAGGCGTTGTG
SEQ2811	TAACAGCTTTTAAATGATAATTATAGGGGGTATTTAAACGAGAAGCAAAAGGCGTTGTG
SEQ2801	ATATTCTCCATGGGCGTAAGCAAGTATGGAATACTGATTTTGGTAGCCGTCATTATCAT
SEQ2802	-----ATGACTA-GTGCAACAGGAGATGACTTATAT-GCTAGCAGTGATGAAAGC
SEQ2803	ATATTCTCCATGGGCGTAAGCAAGTATGGAATACTGATTTTGGTAGCCGTCATTATCAT
SEQ2804	ATATTCTCCATGGGCGTAAGCAAGTATGGAATACTGATTTTGGTAGCCGTCATTATCAT
SEQ2805	ATATTCTCCATGGGCGTAAGCAAGTATGGAATACTGATTTTGGTAGCCGTCATTATCAT
SEQ2806	ATATTCTCCATGGGCGTAAGCAAGTATGGAATACTGATTTTGGTAGCCGTCATTATCAT
SEQ2807	ATATTCTCCATGGGCGTAAGCAAGTATGGAATACTGATTTTGGTAGCCGTCATTATCAT
SEQ2808	ATATTCTCCATGGGCGTAAGCAAGTATGGAATACTGATTTTGGTAGCCGTCATTATCAT
SEQ2809	ATATTCTCCATGGGCGTAAGCAAGTATGGAATACTGATTTTGGTAGCCGTCATTATCAT
SEQ2810	ATATTCTCCATGGGCGTAAGCAAGTATGGAATACTGATTTTGGTAGCCGTCATTATCAT
SEQ2811	ATATTCTCCATGGGCGTAAGCAAGTATGGAATACTGATTTTGGTAGCCGTCATTATCAT
SEQ2801	TATGATCTTAGTCCTTGGGTACTTGGTTATGTCTAGGGGATGATTGGAATAGTGGT-AC
SEQ2802	TAT--CTCTA--CCTTGCG-ATTAAAAACAAAACCTGAAAACTAAAAAGAAAAACGATTAT
SEQ2803	TATGATCTTAGTCCTTGGGTACTTGGTTATGTCTAGGGGATGATTGGAATAGTGGT-AC
SEQ2804	TATGATCTTAGTCCTTGGGTACTTGGTTATGTCTAGGGGATGATTGGAATAGTGGT-AC
SEQ2805	TATGATCTTAGTCCTTGGGTACTTGGTTATGTCTAGGGGATGATTGGAATAGTGGT-AC
SEQ2806	TATGATCTTAGTCCTTGGGTACTTGGTTATGTCTAGGGGATGATTGGAATAGTGGT-AC
SEQ2807	TATGATCTTAGTCCTTGGGTACTTGGTTATGTCTAGGGGATGATTGGAATAGTGGT-AC
SEQ2808	TATGATCTTAGTCCTTGGGTACTTGGTTATGTCTAGGGGATGATTGGAATAGTGGT-AC
SEQ2809	TATGATCTTAGTCCTTGGGTACTTGGTTATGTCTAGGGGATGATTGGAATAGTGGT-AC
SEQ2810	TATGATCTTAGTCCTTGGGTACTTGGTTATGTCTAGGGGATGATTGGAATAGTGGT-AC
SEQ2811	TATGATCTTAGTCCTTGGGTACTTGGTTATGTCTAGGGGATGATTGGAATAGTGGT-AC
SEQ2801	TGTCGCTT-ATACTAATCATCAAGAGAA-AAAAACGCAATATAAAGGAC-GTTATTTTAA
SEQ2802	TACCAATAGATATTA--CACCAAAATCTGGTAGTAGAAAAATGAATGGTAGTAAGGTCAC
SEQ2803	TGTCGCTT-ATACTAATCATCAAGAGAA-AAAAACGCAATATAAAGGAC-GTTATTTTAA
SEQ2804	TGTCGCTT-ATACTAATCATCAAGAGAA-AAAAACGCAATATAAAGGAC-GTTATTTTAA
SEQ2805	TGTCGCTT-ATACTAATCATCAAGAGAA-AAAAACGCAATATAAAGGAC-GTTATTTTAA
SEQ2806	TGTCGCTT-ATACTAATCATCAAGAGAA-AAAAACGCAATATAAAGGAC-GTTATTTTAA
SEQ2807	TGTCGCTT-ATACTAATCATCAAGAGAA-AAAAACGCAATATAAAGGAC-GTTATTTTAA
SEQ2808	TGTCGCTT-ATACTAATCATCAAGAGAA-AAAAACGCAATATAAAGGAC-GTTATTTTAA
SEQ2809	TGTCGCTT-ATACTAATCATCAAGAGAA-AAAAACGCAATATAAAGGAC-GTTATTTTAA
SEQ2810	TGTCGCTT-ATACTAATCATCAAGAGAA-AAAAACGCAATATAAAGGAC-GTTATTTTAA
SEQ2811	TGTCGCTT-ATACTAATCATCAAGAGAA-AAAAACGCAATATAAAGGAC-GTTATTTTAA
SEQ2801	AACCTTCTGTCGAGCTAATCCATTTGAGGTCATGCTAGCTCAAGTAATGGAT--GAATTG
SEQ2802	ATTTTCTAAATCTAGTGA-CTTTGTATTGTC-TATTGATCCAAATGGCAAGTCTGAATT-
SEQ2803	AACCTTCTGTCGAGCTAATCCATTTGAGGTCATGCTAGCTCAAGTAATGGAT--GAATTG
SEQ2804	AACCTTCTGTCGAGCTAATCCATTTGAGGTCATGCTAGCTCAAGTAATGGAT--GAATTG
SEQ2805	AACCTTCTGTCGAGCTAATCCATTTGAGGTCATGCTAGCTCAAGTAATGGAT--GAATTG
SEQ2806	AACCTTCTGTCGAGCTAATCCATTTGAGGTCATGCTAGCTCAAGTAATGGAT--GAATTG
SEQ2807	AACCTTCTGTCGAGCTAATCCATTTGAGGTCATGCTAGCTCAAGTAATGGAT--GAATTG
SEQ2808	AACCTTCTGTCGAGCTAATCCATTTGAGGTCATGCTAGCTCAAGTAATGGAT--GAATTG
SEQ2809	AACCTTCTGTCGAGCTAATCCATTTGAGGTCATGCTAGCTCAAGTAATGGAT--GAATTG
SEQ2810	AACCTTCTGTCGAGCTAATCCATTTGAGGTCATGCTAGCTCAAGTAATGGAT--GAATTG
SEQ2811	AACCTTCTGTCGAGCTAATCCATTTGAGGTCATGCTAGCTCAAGTAATGGAT--GAATTG
SEQ2801	ACACATTATGAGACAGCTAAATATGGTTGGCAACATTTGATTAGTTTTCAAACTCACCA
SEQ2802	ATTTGTC-CAAGAGCGCTATA-ATGCCT--TAAAGCGAATCTCTTCGACAGCTTAAAG
SEQ2803	ACACATTATGAGACAGCTAAATATGGTTGGCAACATTTGATTAGTTTTCAAACTCACCA
SEQ2804	ACACATTATGAGACAGCTAAATATGGTTGGCAACATTTGATTAGTTTTCAAACTCACCA

**Table 28: Comparative Sequences relating to SAG1552  
(conserved hypothetical protein)**

SEQ2805	ACACATTATGAGACAGCTAAATATGGTTGGCAACATTGATTAGTTTTTCAAACCTCACCA
SEQ2806	ACACATTATGAGACAGCTAAATATGGTTGGCAACATTGATTAGTTTTTCAAACCTCACCA
SEQ2807	ACACATTATGAGACAGCTAAATATGGTTGGCAACATTGATTAGTTTTTCAAACCTCACCA
SEQ2808	ACACATTATGAGACAGCTAAATATGGTTGGCAACATTGATTAGTTTTTCAAACCTCACCA
SEQ2809	ACACATTATGAGACAGCTAAATATGGTTGGCAACATTGATTAGTTTTTCAAACCTCACCA
SEQ2810	ACACATTATGAGACAGCTAAATATGGTTGGCAACATTGATTAGTTTTTCAAACCTCACCA
SEQ2811	ACACATTATGAGACAGCTAAATATGGTTGGCAACATTGATTAGTTTTTCAAACCTCACCA
SEQ2801	CAACAGAC-----CCTTTTCGTTATCGAAAAACCATTTG-AGGCACAGGCTCCTAAATA
SEQ2802	TAAAGATTTTTATGCTTTCCCAACAAAGAAGAACAGTAGTAATTTTGAGCAGATCAATA
SEQ2803	CAACAGAC-----CCTTTTCATTATCGAAAAACCATTTG-AGGCACAGGCTCCTAAATA
SEQ2804	CAACAGAC-----CCTTTTCATTATCGAAAAACCATTTG-AGGCACAGGCTCCTAAATA
SEQ2805	CAACAGAC-----CCTTTTCATTATCGAAAAACCATTTG-AGGCACAGGCTCCTAAATA
SEQ2806	CAACAGAC-----CCTTTTCATTATCGAAAAACCATTTG-AGGCACAGGCTCCTAAATA
SEQ2807	CAACAGAC-----CCTTTTCATTATCGAAAAACCATTTG-AGGCACAGGCTCCTAAATA
SEQ2808	CAACAGAC-----CCTTTTCATTATCGAAAAACCATTTG-AGGCACAGGCTCCTAAATA
SEQ2809	CAACAGAC-----CCTTTTCATTATCGAAAAACCATTTG-AGGCACAGGCTCCTAAATA
SEQ2810	CAACAGAC-----CCTTTTCATTATCGAAAAACCATTTG-AGGCACAGGCTCCTAAATA
SEQ2811	CAACAGAC-----CCTTTTCATTATCGAAAAACCATTTG-AGGCACAGGCTCCTAAATA
SEQ2801	G-TACAACTAAATGTAGAAAATATTCAAGCTAATTCGAATGTTAAAGCA---GGTATTT
SEQ2802	GGTATTGAGAAATACAAAGATTGTTGAAGACATGGAAGAAAGTAAAGCAACAGAGAGGT
SEQ2803	G-TACAACTAAATGTAGAAAATATTCAAGCTAATTCGAATGTTAAAGCA---GGTATGT
SEQ2804	G-TACAACTAAATGTAGAAAATATTCAAGCTAATTCGAATGTTAAAGCA---GGTATGT
SEQ2805	G-TACAACTAAATGTAGAAAATATTCAAGCTAATTCGAATGTTAAAGCA---GGTATGT
SEQ2806	G-TACAACTAAATGTAGAAAATATTCAAGCTAATTCGAATGTTAAAGCA---GGTATGT
SEQ2807	G-TACAACTAAATGTAGAAAATATTCAAGCTAATTCGAATGTTAAAGCA---GGTATGT
SEQ2808	G-TACAACTAAATGTAGAAAATATTCAAGCTAATTCGAATGTTAAAGCA---GGTATGT
SEQ2809	G-TACAACTAAATGTAGAAAATATTCAAGCTAATTCGAATGTTAAAGCA---GGTATGT
SEQ2810	G-TACAACTAAATGTAGAAAATATTCAAGCTAATTCGAATGTTAAAGCA---GGTATGT
SEQ2811	G-TACAACTAAATGTAGAAAATATTCAAGCTAATTCGAATGTTAAAGCA---GGTATGT
SEQ2801	TTGCAGCATATAAAGCTATTGATTTCATCCTCGATACAAGGATTATCTATTATTTGATA
SEQ2802	TCTTACCAACTCATCCTACTGGTCTT----CTCAAAACAGGAACAATTGAT-AGGCACCA
SEQ2803	TTGCAGCATATAAAGCTATTGATTTCATCCTCGATACAAGGATTATCTATTATTTGATA
SEQ2804	TTGCAGCATATAAAGCTATTGATTTCATCCTCGATACAAGGATTATCTATTATTTGATA
SEQ2805	TTGCAGCATATAAAGCTATTGATTTCATCCTCGATACAAGGATTATCTATTATTTGATA
SEQ2806	TTGCAGCATATAAAGCTATTGATTTCATCCTCGATACAAGGATTATCTATTATTTGATA
SEQ2807	TTGCAGCATATAAAGCTATTGATTTCATCCTCGATACAAGGATTATCTATTATTTGATA
SEQ2808	TTGCAGCATATAAAGCTATTGATTTCATCCTCGATACAAGGATTATCTATTATTTGATA
SEQ2809	TTGCAGCATATAAAGCTATTGATTTCATCCTCGATACAAGGATTATCTATTATTTGATA
SEQ2810	TTGCAGCATATAAAGCTATTGATTTCATCCTCGATACAAGGATTATCTATTATTTGATA
SEQ2811	TTGCAGCATATAAAGCTATTGATTTCATCCTCGATACAAGGATTATCTATTATTTGATA
SEQ2801	AAGAGAATATCAGTAAAGAAGATAGACAAAAGATT-AAAGAACTTTCTTTGTCAAGGGA
SEQ2802	AAAAACATTTGATTACAAAACAGATATTTCTGTTTGGAAAGGACTTTATAGAGGTGAGAAT
SEQ2803	AAGAGAATATCAGTAAAGAAGATAGACAAAAGATT-AAAGAACTTTCTTTGTCAAGGGA
SEQ2804	AAGAGAATATCAGTAAAGAAGATAGACAAAAGATT-AAAGAACTTTCTTTGTCAAGGGA
SEQ2805	AAGAGAATATCAGTAAAGAAGATAGACAAAAGATT-AAAGAACTTTCTTTGTCAAGGGA
SEQ2806	AAGAGAATATCAGTAAAGAAGATAGACAAAAGATT-AAAGAACTTTCTTTGTCAAGGGA
SEQ2807	AAGAGAATATCAGTAAAGAAGATAGACAAAAGATT-AAAGAACTTTCTTTGTCAAGGGA
SEQ2808	AAGAGAATATCAGTAAAGAAGATAGACAAAAGATT-AAAGAACTTTCTTTGTCAAGGGA
SEQ2809	AAGAGAATATCAGTAAAGAAGATAGACAAAAGATT-AAAGAACTTTCTTTGTCAAGGGA
SEQ2810	AAGAGAATATCAGTAAAGAAGATAGACAAAAGATT-AAAGAACTTTCTTTGTCAAGGGA
SEQ2811	AAGAGAATATCAGTAAAGAAGATAGACAAAAGATT-AAAGAACTTTCTTTGTCAAGGGA
SEQ2801	TACGTTA-AACTGCTAAATGCTTATCACAAAATCCCTGTTCTAGTCACGGGTTATGGCTA
SEQ2802	TCCGTGGCAGTTGTTGAATTTTTCTGATCCA--TCATCTCAAAAATTACGATGATTA
SEQ2803	TACGTTA-AACTGCTAAATGCTTATCACAAAATCCCTGTTCTAGTCACGGGTTATGGCTA
SEQ2804	TACGTTA-AACTGCTAAATGCTTATCACAAAATCCCTGTTCTAGTCACGGGTTATGGCTA
SEQ2805	TACGTTA-AACTGCTAAATGCTTATCACAAAATCCCTGTTCTAGTCACGGGTTATGGCTA
SEQ2806	TACGTTA-AACTGCTAAATGCTTATCACAAAATCCCTGTTCTAGTCACGGGTTATGGCTA
SEQ2807	TACGTTA-AACTGCTAAATGCTTATCACAAAATCCCTGTTCTAGTCACGGGTTATGGCTA
SEQ2808	TACGTTA-AACTGCTAAATGCTTATCACAAAATCCCTGTTCTAGTCACGGGTTATGGCTA
SEQ2809	TACGTTA-AACTGCTAAATGCTTATCACAAAATCCCTGTTCTAGTCACGGGTTATGGCTA
SEQ2810	TACGTTA-AACTGCTAAATGCTTATCACAAAATCCCTGTTCTAGTCACGGGTTATGGCTA
SEQ2811	TACGTTA-AACTGCTAAATGCTTATCACAAAATCCCTGTTCTAGTCACGGGTTATGGCTA

**Table 28: Comparative Sequences relating to SAG1552  
(conserved hypothetical protein)**

SEQ2801	TCGACAGCGAGAGGTATTGCCCAAAAAGAAATTGATAAACGTCCTCTGCCGATTAAATGA
SEQ2802	TTTAAACATTATGGTGTGAAGGAGTTAGAAATTGA-GAGCATTGCTTTAGGATTAGGTG
SEQ2803	TCGACAGCGAGAGGTATTGCCCAAAAAGAAATTGATAAACGTCCTCTGCCGATTAAATGA
SEQ2804	TCGACAGCGAGAGGTATTGCCCAAAAAGAAATTGATAAACGTCCTCTGCCGATTAAATGA
SEQ2805	TCGACAGCGAGAGGTATTGCCCAAAAAGAAATTGATAAACGTCCTCTGCCGATTAAATGA
SEQ2806	TCGACAGCGAGAGGTATTGCCCAAAAAGAAATTGATAAACGTCCTCTGCCGATTAAATGA
SEQ2807	TCGACAGCGAGAGGTATTGCCCAAAAAGAAATTGATAAACGTCCTCTGCCGATTAAATGA
SEQ2808	TCGACAGCGAGAGGTATTGCCCAAAAAGAAATTGATAAACGTCCTCTGCCGATTAAATGA
SEQ2809	TCGACAGCGAGAGGTATTGCCCAAAAAGAAATTGATAAACGTCCTCTGCCGATTAAATGA
SEQ2810	TCGACAGCGAGAGGTATTGCCCAAAAAGAAATTGATAAACGTCCTCTGCCGATTAAATGA
SEQ2811	TCGACAGCGAGAGGTATTGCCCAAAAAGAAATTGATAAACGTCCTCTGCCGATTAAATGA
SEQ2801	AAAGAACAAGGTCAGCGTTTACTAGAAGATTATGAATCTTTTATATCATCCGGTAGTTT
SEQ2802	TAATAGCAAAGAAAACACACTGATAAAGATGGCAGAT-----TATCGTTTGAAAAATT
SEQ2803	AAAGAACAAGGTCAGCGTTTACTAGAAGATTATGAATCTTTTATATCATCCGGTAGTTT
SEQ2804	AAAGAACAAGGTCAGCGTTTACTAGAAGATTATGAATCTTTTATATCATCCGGTAGTTT
SEQ2805	AAAGAACAAGGTCAGCGTTTACTAGAAGATTATGAATCTTTTATATCATCCGGTAGTTT
SEQ2806	AAAGAACAAGGTCAGCGTTTACTAGAAGATTATGAATCTTTTATATCATCCGGTAGTTT
SEQ2807	AAAGAACAAGGTCAGCGTTTACTAGAAGATTATGAATCTTTTATATCATCCGGTAGTTT
SEQ2808	AAAGAACAAGGTCAGCGTTTACTAGAAGATTATGAATCTTTTATATCATCCGGTAGTTT
SEQ2809	AAAGAACAAGGTCAGCGTTTACTAGAAGATTATGAATCTTTTATATCATCCGGTAGTTT
SEQ2810	AAAGAACAAGGTCAGCGTTTACTAGAAGATTATGAATCTTTTATATCATCCGGTAGTTT
SEQ2811	AAAGAACAAGGTCAGCGTTTACTAGAAGATTATGAATCTTTTATATCATCCGGTAGTTT
SEQ2801	GGAGCGACTATCAATGCATGGCAAGACGATTGGAATGCAAGGGCGTGGAATACATCCTT
SEQ2802	GGAGAGAC---CCGATAC---CAAACCTTTTAA-----AAGACTCCTATTATAGTATT
SEQ2803	GGAGCGACTATCAATGCATGGCAAGACGATTGGAATGCAAGGGCGTGGAATACATCCTT
SEQ2804	GGAGCGACTATCAATGCATGGCAAGACGATTGGAATGCAAGGGCGTGGAATACATCCTT
SEQ2805	GGAGCGACTATCAATGCATGGCAAGACGATTGGAATGCAAGGGCGTGGAATACATCCTT
SEQ2806	GGAGCGACTATCAATGCATGGCAAGACGATTGGAATGCAAGGGCGTGGAATACATCCTT
SEQ2807	GGAGCGACTATCAATGCATGGCAAGACGATTGGAATGCAAGGGCGTGGAATACATCCTT
SEQ2808	GGAGCGACTATCAATGCATGGCAAGACGATTGGAATGCAAGGGCGTGGAATACATCCTT
SEQ2809	GGAGCGACTATCAATGCATGGCAAGACGATTGGAATGCAAGGGCGTGGAATACATCCTT
SEQ2810	GGAGCGACTATCAATGCATGGCAAGACGATTGGAATGCAAGGGCGTGGAATACATCCTT
SEQ2811	GGAGCGACTATCAATGCATGGCAAGACGATTGGAATGCAAGGGCGTGGAATACATCCTT
SEQ2801	GCCCAAAATAAACATAGTCAATTCTTATGGGGGATGCACAAGTATTTAATCAAGGTTA
SEQ2802	A--AGAAAGAA-----
SEQ2803	GCCCAAAATAAACATAGTCAATTCTTATGGGGGATGCACAAGTATTTAATCAAGGTTA
SEQ2804	GCCCAAAATAAACATAGTCAATTCTTATGGGGGATGCACAAGTATTTAATCAAGGTTA
SEQ2805	GCCCAAAATAAACATAGTCAATTCTTATGGGGGATGCACAAGTATTTAATCAAGGTTA
SEQ2806	GCCCAAAATAAACATAGTCAATTCTTATGGGGGATGCACAAGTATTTAATCAAGGTTA
SEQ2807	GCCCAAAATAAACATAGTCAATTCTTATGGGGGATGCACAAGTATTTAATCAAGGTTA
SEQ2808	GCCCAAAATAAACATAGTCAATTCTTATGGGGGATGCACAAGTATTTAATCAAGGTTA
SEQ2809	GCCCAAAATAAACATAGTCAATTCTTATGGGGGATGCACAAGTATTTAATCAAGGTTA
SEQ2810	GCCCAAAATAAACATAGTCAATTCTTATGGGGGATGCACAAGTATTTAATCAAGGTTA
SEQ2811	GCCCAAAATAAACATAGTCAATTCTTATGGGGGATGCACAAGTATTTAATCAAGGTTA
SEQ2801	GGTTTATTAGGCTTTAAAAACGCAAAACATCATTATCAAGTTGATGGTAAAAGAGGCCAA
SEQ2802	-----
SEQ2803	GGTTTATTAGGCTTTAAAAACGCAAAACATCATTATCAAGTTGATGGTAAAAGAGGCCAA
SEQ2804	GGTTTATTAGGCTTTAAAAACGCAAAACATCATTATCAAGTTGATGGTAAAAGAGGCCAA
SEQ2805	GGTTTATTAGGCTTTAAAAACGCAAAACATCATTATCAAGTTGATGGTAAAAGAGGCCAA
SEQ2806	GGTTTATTAGGCTTTAAAAACGCAAAACATCATTATCAAGTTGATGGTAAAAGAGGCCAA
SEQ2807	GGTTTATTAGGCTTTAAAAACGCAAAACATCATTATCAAGTTGATGGTAAAAGAGGCCAA
SEQ2808	GGTTTATTAGGCTTTAAAAACGCAAAACATCATTATCAGGTTGATGGTAAAAGAGGCCAA
SEQ2809	GGTTTATTAGGCTTTAAAAACGCAAAACATCATTATCAGGTTGATGGTAAAAGAGGCCAA
SEQ2810	GGTTTATTAGGCTTTAAAAACGCAAAACATCATTATCAAGTTGATGGTAAAAGAGGCCAA
SEQ2811	GGTTTATTAGGCTTTAAAAACGCAAAACATCATTATCAAGTTGATGGTAAAAGAGGCCAA
SEQ2801	GGAGAGTGGAACATCCTCTG-----
SEQ2802	-----
SEQ2803	GGAGAGTGGAACATCCTCTGACTAGTGCACAGGAGATGACTTATATGCTAGCAG
SEQ2804	GGAGAGTGGAACATCCTCTGACTAGTGCACAGGAGATGACTTATATGCTAGCAG
SEQ2805	GGAGAGTGGAACATCCTCTGACTAGTGCACAGGAGATGACTTATATGCTAGCAG
SEQ2806	GGAGAGTGGAACATCCTCTGACTAGTGCACAGGAGATGACTTATATGCTAGCAG
SEQ2807	GGAGAGTGGAACATCCTCTGACTAGTGCACAGGAGATGACTTATATGCTAGCAG
SEQ2808	GAAGAGTGGAACATCCTCTGACTAGTGCACAGGAGATGACTTATATGCTAGCAG

**Table 28: Comparative Sequences relating to SAG1552  
(conserved hypothetical protein)**

SEQ2809	GAAGAGTGGAAACATCCTCTGATGACTAGTGCAACAGGAGATGACTTATATGCTAGCAG
SEQ2810	GGAGAGTGGAAACATCCTCTGATGACTAGTGCAACAGGAGATGACTTATATGCTAGCAG
SEQ2811	GGAGAGTGGAAACATCCTCTGATGACTAGTGCAACAGGAGATGACTTATATGCTAGCAG
SEQ2801	-----
SEQ2802	-----
SEQ2803	GATGAAAGCTATCTCTACCTTGGCGATTAAACAAAACCTGAAAACTAAAAGAAAAACG
SEQ2804	GATGAAAGCTATCTCTACCTTGGCGATTAAACAAAACCTGAAAACTAAAAGAAAAACG
SEQ2805	GATGAAAGCTATCTCTACCTTGGCGATTAAACAAAACCTGAAAACTAAAAGAAAAACG
SEQ2806	GATGAAAGCTATCTCTACCTTGGCGATTAAACAAAACCTGAAAACTAAAAGAAAAACG
SEQ2807	GATGAAAGCTATCTCTACCTTGGCGATTAAACAAAACCTGAAAACTAAAAGAAAAACG
SEQ2808	GATGAAAGCTATCTCTACCTTGGCGATTAAACAAAACCTGAAAACTAAAAGAAAAACG
SEQ2809	GATGAAAGCTATCTCTACCTTGGCGATTAAACAAAACCTGAAAACTAAAAGAAAAACG
SEQ2810	GATGAAAGCTATCTCTACCTTGGCGATTAAACAAAACCTGAAAACTAAAAGAAAAACG
SEQ2811	GATGAAAGCTATCTCTACCTTGGCGATTAAACAAAACCTGAAAACTAAAAGAAAAACG
SEQ2801	-----
SEQ2802	-----
SEQ2803	TTATTACCAATAGATATTACACCAAAATCTGGTAGTAGAAAAATGAATGGTAGTAAGGT
SEQ2804	TTATTACCAATAGATATTACACCAAAATCTGGTAGTAGAAAAATGAATGGTAGTAAGGT
SEQ2805	TTATTACCAATAGATATTACACCAAAATCTGGTAGTAGAAAAATGAATGGTAGTAAGGT
SEQ2806	TTATTACCAATAGATATTACACCAAAATCTGGTAGTAGAAAAATGAATGGTAGTAAGGT
SEQ2807	TTATTACCAATAGATATTACACCAAAATCTGGTAGTAGAAAAATGAATGGTAGTAAGGT
SEQ2808	TTATTACCAATAGATATTACACCAAAATCTGGTAGTAGAAAAATGAATGGTAGTAAGGT
SEQ2809	TTATTACCAATAGATATTACACCAAAATCTGGTAGTAGAAAAATGAATGGTAGTAAGGT
SEQ2810	TTATTACCAATAGATATTACACCAAAATCTGGTAGTAGAAAAATGAATGGTAGTAAGGT
SEQ2811	TTATTACCAATAGATATTACACCAAAATCTGGTAGTAGAAAAATGAATGGTAGTAAGGT
SEQ2801	-----
SEQ2802	-----
SEQ2803	ACATTTTCTAAATCTAGTGACTTTGTATTGTCTATTGATCCAAATGGCAAGTCTGAATT
SEQ2804	ACATTTTCTAAATCTAGTGACTTTGTATTGTCTATTGATCCAAATGGCAAGTCTGAATT
SEQ2805	ACATTTTCTAAATCTAGTGACTTTGTATTGTCTATTGATCCAAATGGCAAGTCTGAATT
SEQ2806	ACATTTTCTAAATCTAGTGACTTTGTATTGTCTATTGATCCAAATGGCAAGTCTGAATT
SEQ2807	ACATTTTCTAAATCTAGTGACTTTGTATTGTCTATTGATCCAAATGGCAAGTCTGAATT
SEQ2808	ACATTTTCTAAATCTAGTGACTTTGTATTGTCTATTGATCCAAATGGCAAGTCTGAATT
SEQ2809	ACATTTTCTAAATCTAGTGACTTTGTATTGTCTATTGATCCAAATGGCAAGTCTGAATT
SEQ2810	ACATTTTCTAAATCTAGTGACTTTGTATTGTCTATTGATCCAAATGGCAAGTCTGAATT
SEQ2811	ACATTTTCTAAATCTAGTGACTTTGTATTGTCTATTGATCCAAATGGCAAGTCTGAATT
SEQ2801	-----
SEQ2802	-----
SEQ2803	TTTGTCCAAGAGCGCTATAATGCCTTAAAGCGAACTATCTTCGACAGCTTAACGGTAA
SEQ2804	TTTGTCCAAGAGCGCTATAATGCCTTAAAGCGAACTATCTTCGACAGCTTAACGGTAA
SEQ2805	TTTGTCCAAGAGCGCTATAATGCCTTAAAGCGAACTATCTTCGACAGCTTAACGGTAA
SEQ2806	TTTGTCCAAGAGCGCTATAATGCCTTAAAGCGAACTATCTTCGACAGCTTAACGGTAA
SEQ2807	TTTGTCCAAGAGCGCTATAATGCCTTAAAGCGAACTATCTTCGACAGCTTAACGGTAA
SEQ2808	TTTGTCCAAGAGCGCTATAATGCCTTAAAGCGAACTATCTTCGACAGCTTAACGGTAA
SEQ2809	TTTGTCCAAGAGCGCTATAATGCCTTAAAGCGAACTATCTTCGACAGCTTAACGGTAA
SEQ2810	TTTGTCCAAGAGCGCTATAATGCCTTAAAGCGAACTATCTTCGACAGCTTAACGGTAA
SEQ2811	TTTGTCCAAGAGCGCTATAATGCCTTAAAGCGAACTATCTTCGACAGCTTAACGGTAA
SEQ2801	-----
SEQ2802	-----
SEQ2803	GATTTTATGCTTTCCACCAAAGAAGAAGACAGTAGTAATTTTGAGCAGATAAATATGGT
SEQ2804	GATTTTATGCTTTCCACCAAAGAAGAAGACAGTAGTAATTTTGAGCAGATAAATATGGT
SEQ2805	GATTTTATGCTTTCCACCAAAGAAGAAGACAGTAGTAATTTTGAGCAGATAAATATGGT
SEQ2806	GATTTTATGCTTTCCACCAAAGAAGAAGACAGTAGTAATTTTGAGCAGATAAATATGGT
SEQ2807	GATTTTATGCTTTCCACCAAAGAAGAAGACAGTAGTAATTTTGAGCAGATAAATATGGT
SEQ2808	GATTTTATGCTTTCCACCAAAGAAGAAGACAGTAGTAATTTTGAGCAGATAAATATGGT
SEQ2809	GATTTTATGCTTTCCACCAAAGAAGAAGACAGTAGTAATTTTGAGCAGATAAATATGGT
SEQ2810	GATTTTATGCTTTCCACCAAAGAAGAAGACAGTAGTAATTTTGAGCAGATAAATATGGT
SEQ2811	GATTTTATGCTTTCCACCAAAGAAGAAGACAGTAGTAATTTTGAGCAGATAAATATGGT
SEQ2801	-----
SEQ2802	-----
SEQ2803	TTGAGAAATACAAAGATTGTTGAAGACATGGAAAAAGTAAAGCAACAGAGAGGTTCTT
SEQ2804	TTGAGAAATACAAAGATTGTTGAAGACATGGAAAAAGTAAAGCAACAGAGAGGTTCTT

**Table 28: Comparative Sequences relating to SAG1552  
(conserved hypothetical protein)**

SEQ2805	TTGAGAAATACAAAGATTGTTGAAGACATGGAAAAAGTAAAAGCAACAGAGAGGTTCTT
SEQ2806	TTGAGAAATACAAAGATTGTTGAAGACATGGAAAAAGTAAAAGCAACAGAGAGGTTCTT
SEQ2807	TTGAGAAATACAAAGATTGTTGAAGACATGGAAAAAGTAAAAGCAACAGAGAGGTTCTT
SEQ2808	TTGAGAAATACAAAGATTGTTGAAGACATGGAAAAAGTAAAAGCAACAGAGAGGTTCTT
SEQ2809	TTGAGAAATACAAAGATTGTTGAAGACATGGAAAAAGTAAAAGCAACAGAGAGGTTCTT
SEQ2810	TTGAGAAATACAAAGATTGTTGAAGACATGGAAAAAGTAAAAGCAACAGAGAGGTTCTT
SEQ2811	TTGAGAAATACAAAGATTGTTGAAGACATGGAAAAAGTAAAAGCAACAGAGAGGTTCTT
SEQ2801	-----
SEQ2802	-----
SEQ2803	CCAACTCATCCTACTGGTCTTCTCAAAACAGGAACAACCTGATAGGCACCAAAAAACATT
SEQ2804	CCAACTCATCCTACTGGTCTTCTCAAAACAGGAACAACCTGATAGGCACCAAAAAACATT
SEQ2805	CCAACTCATCCTACTGGTCTTCTCAAAACAGGAACAACCTGATAGGCACCAAAAAACATT
SEQ2806	CCAACTCATCCTACTGGTCTTCTCAAAACAGGAACAACCTGATAGGCACCAAAAAACATT
SEQ2807	CCAACTCATCCTACTGGTCTTCTCAAAACAGGAACAACCTGATAGGCACCAAAAAACATT
SEQ2808	CCAACTCATCCTACTGGTCTTCTCAAAACAGGAACAACCTGATAGGCACCAAAAAACATT
SEQ2809	CCAACTCATCCTACTGGTCTTCTCAAAACAGGAACAACCTGATAGGCACCAAAAAACATT
SEQ2810	CCAACTCATCCTACTGGTCTTCTCAAAACAGGAACAACCTGATAGGCACCAAAAAACATT
SEQ2811	CCAACTCATCCTACTGGTCTTCTCAAAACAGGAACAACCTGATAGGCACCAAAAAACATT
SEQ2801	-----
SEQ2802	-----
SEQ2803	GATTCAAAACAGATATTTTCGTTTGGAAAGGACTTTATAGAGGTCAGAATTCCTGGCA
SEQ2804	GATTCAAAACAGATATTTTCGTTTGGAAAGGACTTTATAGAGGTCAGAATTCCTGGCA
SEQ2805	GATTCAAAACAGATATTTTCGTTTGGAAAGGACTTTATAGAGGTCAGAATTCCTGGCA
SEQ2806	GATTCAAAACAGATATTTTCGTTTGGAAAGGACTTTATAGAGGTCAGAATTCCTGGCA
SEQ2807	GATTCAAAACAGATATTTTCGTTTGGAAAGGACTTTATAGAGGTCAGAATTCCTGGCA
SEQ2808	GATTCAAAACAGATATTTTCGTTTGGAAAGGACTTTATAGAGGTCAGAATTCCTGGCA
SEQ2809	GATTCAAAACAGATATTTTCGTTTGGAAAGGACTTTATAGAGGTCAGAATTCCTGGCA
SEQ2810	GATTCAAAACAGATATTTTCGTTTGGAAAGGACTTTATAGAGGTCAGAATTCCTGGCA
SEQ2811	GATTCAAAACAGATATTTTCGTTTGGAAAGGACTTTATAGAGGTCAGAATTCCTGGCA
SEQ2801	-----
SEQ2802	-----
SEQ2803	TTGTTGAATTTTCTGATCCATCATCTCAAAAAATTCACGATGATTACTTTAAACATTA
SEQ2804	TTGTTGAATTTTCTGATCCATCATCTCAAAAAATTCACGATGATTACTTTAAACATTA
SEQ2805	TTGTTGAATTTTCTGATCCATCATCTCAAAAAATTCACGATGATTACTTTAAACATTA
SEQ2806	TTGTTGAATTTTCTGATCCATCATCTCAAAAAATTCACGATGATTACTTTAAACATTA
SEQ2807	TTGTTGAATTTTCTGATCCATCATCTCAAAAAATTCACGATGATTACTTTAAACATTA
SEQ2808	TTGTTGAATTTTCTGATCCATCATCTCAAAAAATTCACGATGATTACTTTAAACATTA
SEQ2809	TTGTTGAATTTTCTGATCCATCATCTCAAAAAATTCACGATGATTACTTTAAACATTA
SEQ2810	TTGTTGAATTTTCTGATCCATCATCTCAAAAAATTCACGATGATTACTTTAAACATTA
SEQ2811	TTGTTGAATTTTCTGATCCATCATCTCAAAAAATTCACGATGATTACTTTAAACATTA
SEQ2801	-----
SEQ2802	-----
SEQ2803	GGTGTGAAGGAGTTAGAAATTGAGAG--CATTGCTTTAGGATTAGGTGCTAATAGCAAA
SEQ2804	GGTGTGAAGGAGTTAGAAATTGAGAG--CATTGCTTTAGGATTAGGTGCTAATAGCAAA
SEQ2805	GGTGTGAAGGAGTTAGAAATTGAGAGCCATTGCTTTAGGATTAGGTGCTAATAGCAAA
SEQ2806	GGTGTGAAGGAGTTAGAAATTGAGAG--CATTGCTTTAGGATTAGGTGCTAATAGCAAA
SEQ2807	GGTGTGAAGGAGTTAGAAATTGAGAG--CATTGCTTTAGGATTAGGTGCTAATAGCAAA
SEQ2808	GGTGTGAAGGAGTTAGAAATTGAGAG--CATTGCTTTAGGATTAGGTGCTAATAGCAAA
SEQ2809	GGTGTGAAGGAGTTAGAAATTGAGAG--CATTGCTTTAGGATTAGGTGCTAATAGCAAA
SEQ2810	GGTGTGAAGGAGTTAGAAATTGAGAG--CATTGCTTTAGGATTAGGTGCTAATAGCAAA
SEQ2811	GGTGTGAAGGAGTTAGAAATTGAGAG--CATTGCTTTAGGATTAGGTGCTAATAGCAAA
SEQ2801	-----
SEQ2802	-----
SEQ2803	AAAACACACTGATAAAGATGGCAGATTATCGTTTGAAAAATTTGGGAGAGACCCGATACC
SEQ2804	AAAACACACTGATAAAGATGGCAGATTATCGTTTGAAAAATTTGGGAGAGACCCGATACC
SEQ2805	AAAACACACTGATAAAGATGGCAGATTATCGTTTGAAAAATTTGGGAGAGACCCGATACC
SEQ2806	AAAACACACTGATAAAGATGGCAGATTATCGTTTGAAAAATTTGGGAGAGACCCGATACC
SEQ2807	AAAACACACTGATAAAGATGGCAGATTATCGTTTGAAAAATTTGGGAGAGACCCGATACC
SEQ2808	AAAACACACTGATAAAGATGGCAGATTATCGTTTGAAAAATTTGGGAGAGACCCGATACC
SEQ2809	AAAACACACTGATAAAGATGGCAGATTATCGTTTGAAAAATTTGGGAGAGACCCGATACC
SEQ2810	AAAACACACTGATAAAGATGGCAGATTATCGTTTGAAAAATTTGGGAGAGACCCGATACC
SEQ2811	AAAACACACTGATAAAGATGGCAGATTATCGTTTGAAAAATTTGGGAGAGACCCGATACC

**Table 28: Comparative Sequences relating to SAG1552  
(conserved hypothetical protein)**

```

SEQ2801 -----
SEQ2802 -----
SEQ2803 AAACCTTTTTTAAAGACTCCTATTATGTATTAAGAAAGAA-----
SEQ2804 AAACCTTTTTTAAAGACTCCTATTATAGTATTAAGAAAGAAATGGTCTAAAGAAAGAGAG-----
SEQ2805 AAACCTTTTTTAAAGAA-----
SEQ2806 AAACCTTTTTTAAAGACTCCTATTATGTATTAAGAAAGAA-----
SEQ2807 AAACCTTTTTTAAAGACT-----
SEQ2808 AAACCTTTTTTAAAGACTCCTATTATAGT-----
SEQ2809 AAACCTTTTTTAAAGACTCCTATTATAGTATTAAGAAAG-----
SEQ2810 AAACCTTTTTTAAAGACTCCTATTATAGTATTAAG-----
SEQ2811 AAACCTTTTTTAAAGACTCCTATTATAGTATTAAGAAAGAAATGG-----

```

```

SEQ2801 -----
SEQ2802 -----
SEQ2803 -----
SEQ2804 GAACATATGGTCCA-----
SEQ2805 -----
SEQ2806 -----
SEQ2807 -----
SEQ2808 -----
SEQ2809 -----
SEQ2810 -----
SEQ2811 -----

```

**>SEQ ID NO 2850:62\_1169NT frame: 1**

FVVKGDTVLHKPTNKPFFVVKGVDDVESSLAGYHHNDFPITQKTYREWFHLISNMGANTVRV  
KVPMMVAFYDALYHHNKASKRPLYLLQGIRIDSYRNNASITAFNDNYRGYLKREAGVVD  
ILHGRKQVWNTDFGSRHYHYDLSFWVLGYVVGDDWNSGTVAITNHQEKKTQYKGRYFKTS  
AAANPFEVMLAQVMDLTHYETAKYGWQHLISFSNSPTTDPFRYRKPFEAQAPKYVQLNV  
ENIQANSNVKAGIFAAAYKAIDFHPRYKDYLLFDKENISKEDRQKIKELSLSQGYVKLLNA  
YHKIPVLVTGYGYSTARGIAQKEIDKRPLPINEKEQGQRLLEDYESFISSGSFGATINAW  
QDDWNARAWNTSFATNKHSQFLWGDAQVFNQGYGLLGFKNAKHHYQVDGKRGKGEWKHPL  
MTSATGDDLYASSDESILYLAIKTKPEKLKEKRLLPIDITPKSGSRKMNKSKVTFSKSSD  
FVLSIDPNGKSELVQERYNALKANYLRQLNGKDFYAFPPKKNSSNFEQINMVLNRNTKIV  
EDMEKVKATERFLPHTPTGLLKTGTIDRHQKTFDSQTDISFGKDFIEVRIPWQLLNFSDP  
SSQKIHDDYFKHYGVKELEIESIALGLGANSKENTLIKMDYRLKNWERPDTKTFLKDSY  
YSI.ER

**>SEQ ID NO 2851:62\_18RS21 frame: 1**

KGLLKENTRTNFPVVKGDTVLHKPTNKPFFVVKGVDDVESSLAGYHHNDFPITQKTYREWFHL  
ISNMGANTVRVKVPMMVAFYDALYHHNKASKRPLYLLQGIRIDSYRNNASITAFNDNYRG  
YLKREAGVVDILHGRKQVWNTDLGSRHYHYDLSFWVLGYVVGDDWNSGTVAITNHQEKK  
TQYKGRYFKTSVAANPFEVMLAQVMDLTHYETAKYGWQHLISFSNSPTTDPFHYRKPFE  
AQAPKYVQLNVENIQANSNVKAGMFAAYKAIDFHPRYKDYLLFDKENISKEDRQKIKELS  
LSQGYVKLLNAYHKIPVLVTGYGYSTARGIAQKEIDKRPLPINEKEQGQRLLEDYESFIS  
SGSFGATINAWQDDWNARAWNTSFATNKHSQFLWGDAQVFNQGYGLLGFKNAKHHYQVDG  
KRGKGEWKHPLMTSATGDDLYASSDESILYLAIKTKPEKLKEKRLLPIDITPKSGSRKMN  
GSKVTFSKSSDFVLSIDPNGKSELVQERYNALKANYLRQLNGKDFYAFPPKKNSSNFEQ  
INMVLNRNTKIVEDMEKVKATERFLPHTPTGLLKTGTIDRHQKTFDSQTDISFGKDFIEVR  
IPWQLLNFSDPSSQKIHDDYFKHYGVKELEIESIALGLGANSKENTLIKMDYRLKNWERP  
PDTKTFLKDSYVLRK

**>SEQ ID NO 2852:62\_2603 frame: 3**

LKENTRTNFPVVKGDTVLHKPTNKPFFVVKGVDDVESSLAGYHHNDFPITQKTYREWFHLIS  
MGANTVRVKVPMMVAFYDALYHHNKASKRPLYLLQGIRIDSYRNNASITAFNDNYRGYLK  
REAGVVDILHGRKQVWNTDLGSRHYHYDLSFWVLGYVVGDDWNSGTVAITNHQEKKTQY  
KGRYFKTSVAANPFEVMLAQVMDLTHYETAKYGWQHLISFSNSPTTDPFHYRKPFEAQ  
PKYVQLNVENIQANSNVKAGMFAAYKAIDFHPRYKDYLLFDKENISKEDRQKIKELSLSQ  
GYVKLLNAYHKIPVLVTGYGYSTARGIAQKEIDKRPLPINEKEQGQRLLEDYESFISSGS  
FGATINAWQDDWNARAWNTSFATNKHSQFLWGDAQVFNQGYGLLGFKNAKHHYQVDGKRG  
KGEWKHPLMTSATGDDLYASSDESILYLAIKTKPEKLKEKRLLPIDITPKSGSRKMNKSK  
VTFKSSDFVLSIDPNGKSELVQERYNALKANYLRQLNGKDFYAFPPKKNSSNFEQINM  
VLNRNTKIVEDMEKVKATERFLPHTPTGLLKTGTIDRHQKTFDSQTDISFGKDFIEVRI  
PWQLLNFSDPSSQKIHDDYFKHYGVKELEIESIALGLGANSKENTLIKMDYRLKNWERPDT  
KTFLKDSYYSIKKEWSKERERTYGP

**Table 28: Comparative Sequences relating to SAG1552  
(conserved hypothetical protein)**

>SEQ ID NO 2853:62\_A909 frame: 1

KGLLKENTRTNFVVGKDTVLHKPTNKPFVVGVDVDESSLAGYHHNDFPITQKTYREWFHL  
ISNMGANTVRVKVPMNVAFYDALYHHNKASKRPLYLLQGIRIDSYRNNASITAFNDNYRG  
YLKREAGGVVDILHGRKQVWNTDLGSRHYHYDLSPWVLGYVVGDDWNSGTVAYTNHQEKK  
TQYKGRYFKTSVAANPFEVMLAQVMDELTHYETAKYGWQHLISFSNSPTTDPFHYRKPF  
AQAPKYVQLNVENIQANSNVKAGMFAAYKAIDFHPRYKDYLLFDKENISKEDRQKIKELS  
LSQGYVKLLNAYHKIPVLVTGYGYSTARGIAQKEIDKRPLPINEKEQGQRLLEDYESFIS  
SGSFGATINAWQDDWNARAWNTSFATNKHSQFLWGDAQVFNQGYGLLGFKNAKHHYQVDG  
KRGKGWKKHPLMTSATGDDLYASSDESILYLAIKTKPEKLKEKRLLPIDITPKSGSRKM  
GSKVTFSKSSDFVLSIDPNGKSELFVQERYNALKANYLRQLNGKDFYAFPPKKNSSNFEQ  
INMVLRLNTKIVEDMEKVKATERFLPTHPTGLLKTGTTDRHQKTFDSQTDISFGKDFIEVR  
IPWQLLNFSDPSSQRIHDDYFKHYGVKELEN.EPLL.D.VLIAKTH..RWQIIV.KIGR  
DPIPKPF.K

>SEQ ID NO 2854:62\_A909 frame: 1

KGLLKENTRTNFVVGKDTVLHKPTNKPFVVGVDVDESSLAGYHHNDFPITQKTYREWFHL  
ISNMGANTVRVKVPMNVAFYDALYHHNKASKRPLYLLQGIRIDSYRNNASITAFNDNYRG  
YLKREAGGVVDILHGRKQVWNTDLGSRHYHYDLSPWVLGYVVGDDWNSGTVAYTNHQEKK  
TQYKGRYFKTSVAANPFEVMLAQVMDELTHYETAKYGWQHLISFSNSPTTDPFHYRKPF  
AQAPKYVQLNVENIQANSNVKAGMFAAYKAIDFHPRYKDYLLFDKENISKEDRQKIKELS  
LSQGYVKLLNAYHKIPVLVTGYGYSTARGIAQKEIDKRPLPINEKEQGQRLLEDYESFIS  
SGSFGATINAWQDDWNARAWNTSFATNKHSQFLWGDAQVFNQGYGLLGFKNAKHHYQVDG  
KRGKGWKKHPLMTSATGDDLYASSDESILYLAIKTKPEKLKEKRLLPIDITPKSGSRKM  
GSKVTFSKSSDFVLSIDPNGKSELFVQERYNALKANYLRQLNGKDFYAFPPKKNSSNFEQ  
INMVLRLNTKIVEDMEKVKATERFLPTHPTGLLKTGTTDRHQKTFDSQTDISFGKDFIEVR  
IPWQLLNFSDPSSQRIHDDYFKHYGVKELEN.EPLL.D.VLIAKTH..RWQIIV.KIGR  
DPIPKPF.K

>SEQ ID NO 2855:62\_CJB110 frame: 1

YFDDGSLYLKGLLKENTRTNFVVGKDTVLHKPTNKPFVVGVDVDESSLAGYHHNDFPIT  
QKTYREWFHLISNMGANTVRVKVPMNVAFYDALYHHNKASKRPLYLLQGIRIDSYRNNAS  
ITAFNDNYRGYLKREAGGVVDILHGRKQVWNTDFGSRHYHYDLSPWVLGYVVGDDWNSGT  
VAYTNHQEKKTQYKGRYFKTSVAANPFEVMLAQVMDELTHYETAKYGWQHLISFSNSPTT  
DPFHYRKPFQAQAPKYVQLNVENIQANSNVKAGMFAAYKAIDFHPRYKDYLLFDKENISK  
EDRQKIKELSLSQGYVKLLNAYHKIPVLVTGYGYSTARGIAQKEIDKRPLPINEKEQGQ  
RLLEDYESFISSGSFGATINAWQDDWNARAWNTSFATNKHSQFLWGDAQVFNQGYGLLGFK  
NAKHHYQVDGKRGKGWKKHPLMTSATGDDLYASSDESILYLAIKTKPEKLKEKRLLPIDIT  
PKSGSRKMNGSKVTFSKSSDFVLSIDPNGKSELFVQERYNALKANYLRQLNGKDFYAFPP  
PKKNSSNFEQINMVLRLNTKIVEDMEKVKATERFLPTHPTGLLKTGTTDRHQKTFDSQTDI  
SFGKDFIEVRIPWQLLNFSDPSSQRIHDDYFKHYGVKELEIESIALGLGANSKENTLIK  
ADYRLKNWERPDTKTKFLKDSYVLRK

>SEQ ID NO 2856:62\_COH1 frame: 2

LPQGLLKENTRTNFVVGKDTVLHKPTNKPFVVGVDVDESSLAGYHHNDFPITQKTYREWF  
HLISNMGANTVRVKVPMNVAFYDALYHHNKASKRPLYLLQGIRIDSYRNNASITAFNDNY  
RGYLKREAGGVVDILHGRKQVWNTDFGSRHYHYDLSPWVLGYVVGDDWNSGTVAYTNHQE  
KKTQYKGRYFKTSVAANPFEVMLAQVMDELTHYETAKYGWQHLISFSNSPTTDPFHYRK  
PEAQAPKYVQLNVENIQANSNVKAGMFAAYKAIDFHPRYKDYLLFDKENISKEDRQKIKEL  
LSLSQGYVKLLNAYHKIPVLVTGYGYSTARGIAQKEIDKRPLPINEKEQGQRLLEDYESF  
ISSGSFGATINAWQDDWNARAWNTSFATNKHSQFLWGDAQVFNQGYGLLGFKNAKHHYQV  
DGKRGKGWKKHPLMTSATGDDLYASSDESILYLAIKTKPEKLKEKRLLPIDITPKSGSRK  
MNGSKVTFSKSSDFVLSIDPNGKSELFVQERYNALKANYLRQLNGKDFYAFPPKKNSSNF  
EQINMVLRLNTKIVEDMEKVKATERFLPTHPTGLLKTGTTDRHQKTFDSQPDISFGKDFIE  
VRIPWQLLNFSDPSSQRIHDDYFKHYGVKELEIESIALGLGANSKENTLIKADYRLKNW  
ERPDTKTKFLKD

>SEQ ID NO 2857:62\_H36B frame: 2

RGLLKENTRTNFVVGKDTVLHKPTNKPFVVGVDVDESSLAGYHHNDFPITQKTYREWFHL  
ISNMGANTVRVKVPMNVAFYDALYHHNKASKRPLYLLQGIRIDSYRNNASITAFNDNYRG  
YLKREAGGVVDILHGRKQVWNTDFGSSHYHYDLSPWVLGYVVGDDGHS GTVALY

>SEQ ID NO 2858:62\_JM9130013 frame: 3

FVVGKDTVLHKPTNKPFVVGVDVDESSLAGYHHNDFPITQKTYREWFHLISNMGANTVRV  
KVPNMVAFYDALYHHNKASKRPLYLLQGIRIDSYRNNASITAFNDNYRGYLKREAGGVVD  
ILHGRKQVWNTDFGSSHYHYDLSPWVLGYVVGDDWNSGTVAYTNHQEKKTQYKGRYFKTS  
VAANPFEVMLAQVMDELTHYETAKYGWQHLISFSNSPTTDPFHYRKPFQAQAPKYVQLNV  
ENIQANSNVKAGMFAAYKAIDFHPRYKDYLLFDKENISKEDRQKIKELSLSQGYVKLLNA  
YHKIPVLVTGYGYSTARGIAQKEIDKRPLPINEKEQGQRLLEDYESFISSGSFGATINAW

**Table 28: Comparative Sequences relating to SAG1552  
(conserved hypothetical protein)**

QDDWNARVWNTSFATNKHSQFLWGDAQVFNQGYGLLGFKNAKHHYQVDGKRGKEEWKHP  
MTSATGDDLYASSDESILYLAIKTKPEKLKEKRLLPIDITPKSGSRKMNGSKVTFSKSSD  
FVLSIDPNGKSELVQERYNALKANYLRQLNGKDFYAFPPKKNSSNFEQINMVLNRNTKIV  
EDMEKVKATERFLPTHTGLLKTGTTDRHQKTFDSQTDISFGKDFIEVRIPWQLLNFSDP  
SSQKIHDYFKHYGVKELEIESIALGLGANSKENTLIKMDYRLKNWERPDTKTFLKDSY  
YSIKK

>SEQ ID NO 2859:62\_M732 frame: 2

TRTNFVVGKGTVLHKPTNKPFFVVGVDVESSLAGYHHNDFPITQKTYREWFHLISNMGAN  
TVRVKVP MNVAFYDALYHHNKESKRPLYLQGI RIDS YRNNASITAFNDNYRGYLKREAK  
GVVDILHGRKQVWNTDFGSRHYHYDLS PWVLGYVVGDDCNSGTVA YTNHQEKKQYKGRY  
FKTSVAANPFEVMLAQVMDLTHYETAKYQWHLISFSNSPTTDPFHYRKPFEAQAPKYV  
QLNVENIQANSNVKAGMFAAYK AIDFHPRYKDYLLFDKENISKEDRQKIKELSLSQGYVK  
LLNAYHKIPVLVTGYGYSTARGIAQKEIDKRPLPINEKEQGQRLLLEDYESFISSGSFGAT  
INAWQDDWNARAWNTSFATNKHSQFLWGDAQVFNQGYGLLGFKNAKHHYQVDGKRGKGEW  
KHPLMTSATGDDLYASSDESILYLAIKTKPEKLKEKRLLPIDITPKSGSRKMNGSKVTFS  
KSSDFVLSIDPNGKSELVQERYNALKANYLRQLNGKDFYAFPPKKNSSNFEQINMVLNRN  
TKIVEDMEKVKATERFLPTHTGLLKTGTTDRHQKTFDSQTDISFGKDFIEVRIPWQLLN  
FSDPSSQKIHDYFKHYGVKELEIESIALGLGANSKENTLIKMDYRLKNWERPDTKTFL  
KDSYYSIK

>SEQ ID NO 2860:62\_M781 frame: 1

FDGSLYLPQGLLKENTRTN FVVGKGTVLHKPTNKPFFVVGVDVESSLAGYHHNDFPITQK  
TYREWFHLISNMGANTVRVKVPMNVAFYDALYHHNKESKRPLYLQGI RIDS YRNNASIT  
AFNDNYRGYLKREAKGVVDILHGRKQVWNTDFGSRHYHYDLS PWVLGYVVGDDWNSGTVA  
YTNHQEKKQYKGRYFKTSVAANPFEVMLAQVMDLTHYETAKYQWHLISFSNSPTTDP  
FHYRKPFEAQAPKYVQLNVENIQANSNVKAGMFAAYK AIDFHPRYKDYLLFDKENISKED  
RQKIKELSLSQGYVKLLNAYHKIPVLVTGYGYSTARGIAQKEIDKRPLPINEKEQGQRLL  
EDYESFISSGSFGATINAWQDDWNARAWNTSFATNKHSQFLWGDAQVFNQGYGLLGFKNA  
KHHYQVDGKRGKGEWKHPLMTSATGDDLYASSDESILYLAIKTKPEKLKEKRLLPIDITP  
KSGSRKMNGSKVTFSKSSDFVLSIDPNGKSELVQERYNALKANYLRQLNGKDFYAFPPK  
KNSSNFEQINMVLNRNTKIVEDMEKVKATERFLPTHTGLLKTGTTDRHQKTFDSQTDISF  
GKDFIEVRIPWQLLNFSDPSSQKIHDYFKHYGVKELEIESIALGLGANSKENTLIKMD  
YRLKNWERPDTKTFLKDSYYSIKKEW

SEQ2850	-----FVVGKGTVLHKPTNKPFFVVGVDVESSLAGYHHNDFPIT
SEQ2851	-----KGLLKENTRTN FVVGKGTVLHKPTNKPFFVVGVDVESSLAGYHHNDFPIT
SEQ2852	-----LKENTRTN FVVGKGTVLHKPTNKPFFVVGVDVESSLAGYHHNDFPIT
SEQ2853	-----KGLLKENTRTN FVVGKGTVLHKPTNKPFFVVGVDVESSLAGYHHNDFPIT
SEQ2854	-----KGLLKENTRTN FVVGKGTVLHKPTNKPFFVVGVDVESSLAGYHHNDFPIT
SEQ2855	YFDGSLYLPKGLLKENTRTN FVVGKGTVLHKPTNKPFFVVGVDVESSLAGYHHNDFPIT
SEQ2856	-----LPQGLLKENTRTN FVVGKGTVLHKPTNKPFFVVGVDVESSLAGYHHNDFPIT
SEQ2857	-----RGLLKENTRTN FVVGKGTVLHKPTNKPFFVVGVDVESSLAGYHHNDFPIT
SEQ2858	-----FVVGKGTVLHKPTNKPFFVVGVDVESSLAGYHHNDFPIT
SEQ2859	-----TRTNFVVGKGTVLHKPTNKPFFVVGVDVESSLAGYHHNDFPIT
SEQ2860	-FDGSLYLPQGLLKENTRTN FVVGKGTVLHKPTNKPFFVVGVDVESSLAGYHHNDFPIT
SEQ2850	QKTYREWFHLISNMGANTVRVKVPMNVAFYDALYHHNKASKRPLYLQGI RIDS YRNNAS
SEQ2851	QKTYREWFHLISNMGANTVRVKVPMNVAFYDALYHHNKASKRPLYLQGI RIDS YRNNAS
SEQ2852	QKTYREWFHLISNMGANTVRVKVPMNVAFYDALYHHNKASKRPLYLQGI RIDS YRNNAS
SEQ2853	QKTYREWFHLISNMGANTVRVKVPMNVAFYDALYHHNKASKRPLYLQGI RIDS YRNNAS
SEQ2854	QKTYREWFHLISNMGANTVRVKVPMNVAFYDALYHHNKASKRPLYLQGI RIDS YRNNAS
SEQ2855	QKTYREWFHLISNMGANTVRVKVPMNVAFYDALYHHNKASKRPLYLQGI RIDS YRNNAS
SEQ2856	QKTYREWFHLISNMGANTVRVKVPMNVAFYDALYHHNKASKRPLYLQGI RIDS YRNNAS
SEQ2857	QKTYREWFHLISNMGANTVRVKVPMNVAFYDALYHHNKASKRPLYLQGI RIDS YRNNAS
SEQ2858	QKTYREWFHLISNMGANTVRVKVPMNVAFYDALYHHNKASKRPLYLQGI RIDS YRNNAS
SEQ2859	QKTYREWFHLISNMGANTVRVKVPMNVAFYDALYHHNKASKRPLYLQGI RIDS YRNNAS
SEQ2860	QKTYREWFHLISNMGANTVRVKVPMNVAFYDALYHHNKASKRPLYLQGI RIDS YRNNAS
SEQ2850	ITAFNDNYRGYLKREAKGVVDILHGRKQVWNTDFGSRHYHYDLS PWVLGYVVGDDWNSGT
SEQ2851	ITAFNDNYRGYLKREAKGVVDILHGRKQVWNTDLGSRHYHYDLS PWVLGYVVGDDWNSGT
SEQ2852	ITAFNDNYRGYLKREAKGVVDILHGRKQVWNTDLGSRHYHYDLS PWVLGYVVGDDWNSGT
SEQ2853	ITAFNDNYRGYLKREAKGVVDILHGRKQVWNTDLGSRHYHYDLS PWVLGYVVGDDWNSGT
SEQ2854	ITAFNDNYRGYLKREAKGVVDILHGRKQVWNTDLGSRHYHYDLS PWVLGYVVGDDWNSGT
SEQ2855	ITAFNDNYRGYLKREAKGVVDILHGRKQVWNTDFGSRHYHYDLS PWVLGYVVGDDWNSGT
SEQ2856	ITAFNDNYRGYLKREAKGVVDILHGRKQVWNTDFGSRHYHYDLS PWVLGYVVGDDWNSGT
SEQ2857	ITAFNDNYRGYLKREAKGVVDILHGRKQVWNTDFGSSHYHYDLS PWVLGYVVGDDGHS GT
SEQ2858	ITAFNDNYRGYLKREAKGVVDILHGRKQVWNTDFGSSHYHYDLS PWVLGYVVGDDWNSGT



**Table 28: Comparative Sequences relating to SAG1552  
(conserved hypothetical protein)**

SEQ2859	ITAFNDNYRGYLGKREAGGVVDILHGRKQVWNTDFGSRHYHYDLSPWVLGYVVGDDCNSGT
SEQ2860	ITAFNDNYRGYLGKREAGGVVDILHGRKQVWNTDFGSRHYHYDLSPWVLGYVVGDDWNSGT
SEQ2850	VAYTNHQEKKTOYKGRYFKTSAAANPFEVMLAQVMDLTHYETAKYGWQHLSFSNSPTT
SEQ2851	VAYTNHQEKKTOYKGRYFKTSVAANPFEVMLAQVMDLTHYETAKYGWQHLSFSNSPTT
SEQ2852	VAYTNHQEKKTOYKGRYFKTSVAANPFEVMLAQVMDLTHYETAKYGWQHLSFSNSPTT
SEQ2853	VAYTNHQEKKTOYKGRYFKTSVAANPFEVMLAQVMDLTHYETAKYGWQHLSFSNSPTT
SEQ2854	VAYTNHQEKKTOYKGRYFKTSVAANPFEVMLAQVMDLTHYETAKYGWQHLSFSNSPTT
SEQ2855	VAYTNHQEKKTOYKGRYFKTSVAANPFEVMLAQVMDLTHYETAKYGWQHLSFSNSPTT
SEQ2856	VAYTNHQEKKTOYKGRYFKTSVAANPFEVMLAQVMDLTHYETAKYGWQHLSFSNSPTT
SEQ2857	VALY-----
SEQ2858	VAYTNHQEKKTOYKGRYFKTSVAANPFEVMLAQVMDLTHYETAKYGWQHLSFSNSPTT
SEQ2859	VAYTNHQEKKTOYKGRYFKTSVAANPFEVMLAQVMDLTHYETAKYGWQHLSFSNSPTT
SEQ2860	VAYTNHQEKKTOYKGRYFKTSVAANPFEVMLAQVMDLTHYETAKYGWQHLSFSNSPTT
SEQ2850	PFRYRKPFQAQPKYVQLNVENIQANSNVKAGIFAAYKAIDFHPRYKDYLLFDKENISK
SEQ2851	PFRYRKPFQAQPKYVQLNVENIQANSNVKAGMFAAYKAIDFHPRYKDYLLFDKENISK
SEQ2852	PFRYRKPFQAQPKYVQLNVENIQANSNVKAGMFAAYKAIDFHPRYKDYLLFDKENISK
SEQ2853	PFRYRKPFQAQPKYVQLNVENIQANSNVKAGMFAAYKAIDFHPRYKDYLLFDKENISK
SEQ2854	PFRYRKPFQAQPKYVQLNVENIQANSNVKAGMFAAYKAIDFHPRYKDYLLFDKENISK
SEQ2855	PFRYRKPFQAQPKYVQLNVENIQANSNVKAGMFAAYKAIDFHPRYKDYLLFDKENISK
SEQ2856	PFRYRKPFQAQPKYVQLNVENIQANSNVKAGMFAAYKAIDFHPRYKDYLLFDKENISK
SEQ2857	-----
SEQ2858	PFRYRKPFQAQPKYVQLNVENIQANSNVKAGMFAAYKAIDFHPRYKDYLLFDKENISK
SEQ2859	PFRYRKPFQAQPKYVQLNVENIQANSNVKAGMFAAYKAIDFHPRYKDYLLFDKENISK
SEQ2860	PFRYRKPFQAQPKYVQLNVENIQANSNVKAGMFAAYKAIDFHPRYKDYLLFDKENISK
SEQ2850	DRQKIKELSLSQGYVKLLNAYHKIPVLVTGYGYSTARGIAQKEIDKRPLPINEKEQGGQR
SEQ2851	DRQKIKELSLSQGYVKLLNAYHKIPVLVTGYGYSTARGIAQKEIDKRPLPINEKEQGGQR
SEQ2852	DRQKIKELSLSQGYVKLLNAYHKIPVLVTGYGYSTARGIAQKEIDKRPLPINEKEQGGQR
SEQ2853	DRQKIKELSLSQGYVKLLNAYHKIPVLVTGYGYSTARGIAQKEIDKRPLPINEKEQGGQR
SEQ2854	DRQKIKELSLSQGYVKLLNAYHKIPVLVTGYGYSTARGIAQKEIDKRPLPINEKEQGGQR
SEQ2855	DRQKIKELSLSQGYVKLLNAYHKIPVLVTGYGYSTARGIAQKEIDKRPLPINEKEQGGQR
SEQ2856	DRQKIKELSLSQGYVKLLNAYHKIPVLVTGYGYSTARGIAQKEIDKRPLPINEKEQGGQR
SEQ2857	-----
SEQ2858	DRQKIKELSLSQGYVKLLNAYHKIPVLVTGYGYSTARGIAQKEIDKRPLPINEKEQGGQR
SEQ2859	DRQKIKELSLSQGYVKLLNAYHKIPVLVTGYGYSTARGIAQKEIDKRPLPINEKEQGGQR
SEQ2860	DRQKIKELSLSQGYVKLLNAYHKIPVLVTGYGYSTARGIAQKEIDKRPLPINEKEQGGQR
SEQ2850	LEDYESFISGSGFATINAWQDDWNARAWNTSFATNKHSQFLWGDAQVFNQGYGLLGFK
SEQ2851	LEDYESFISGSGFATINAWQDDWNARAWNTSFATNKHSQFLWGDAQVFNQGYGLLGFK
SEQ2852	LEDYESFISGSGFATINAWQDDWNARAWNTSFATNKHSQFLWGDAQVFNQGYGLLGFK
SEQ2853	LEDYESFISGSGFATINAWQDDWNARAWNTSFATNKHSQFLWGDAQVFNQGYGLLGFK
SEQ2854	LEDYESFISGSGFATINAWQDDWNARAWNTSFATNKHSQFLWGDAQVFNQGYGLLGFK
SEQ2855	LEDYESFISGSGFATINAWQDDWNARAWNTSFATNKHNQFLWGDAQVFNQGYGLLGFK
SEQ2856	LEDYESFISGSGFATINAWQDDWNARAWNTSFATNKHSQFLWGDAQVFNQGYGLLGFK
SEQ2857	-----
SEQ2858	LEDYESFISGSGFATINAWQDDWNARVWNTSFATNKHSQFLWGDAQVFNQGYGLLGFK
SEQ2859	LEDYESFISGSGFATINAWQDDWNARAWNTSFATNKHSQFLWGDAQVFNQGYGLLGFK
SEQ2860	LEDYESFISGSGFATINAWQDDWNARAWNTSFATNKHSQFLWGDAQVFNQGYGLLGFK
SEQ2850	AKHHYQVDGKRKGGEWKHPLMTSATGDDLYASSDESYLILAIAIKTKPEKLKEKRLLPIDI
SEQ2851	AKHHYQVDGKRKGGEWKHPLMTSATGDDLYASSDESYLILAIAIKTKPEKLKEKRLLPIDI
SEQ2852	AKHHYQVDGKRKGGEWKHPLMTSATGDDLYASSDESYLILAIAIKTKPEKLKEKRLLPIDI
SEQ2853	AKHHYQVDGKRKGGEWKHPLMTSATGDDLYASSDESYLILAIAIKTKPEKLKEKRLLPIDI
SEQ2854	AKHHYQVDGKRKGGEWKHPLMTSATGDDLYASSDESYLILAIAIKTKPEKLKEKRLLPIDI
SEQ2855	AKHHYQVDGKRKGGEWKHPLMTSATGDDLYASSDESYLILAIAIKTKPEKLKEKRLLPIDI
SEQ2856	AKHHYQVDGKRKGGEWKHPLMTSATGDDLYASSDESYLILAIAIKTKPEKLKEKRLLPIDI
SEQ2857	-----
SEQ2858	AKHHYQVDGKRKGEEWKHPLMTSATGDDLYASSDESYLILAIAIKTKPEKLKEKRLLPIDI
SEQ2859	AKHHYQVDGKRKGGEWKHPLMTSATGDDLYASSDESYLILAIAIKTKPEKLKEKRLLPIDI
SEQ2860	AKHHYQVDGKRKGGEWKHPLMTSATGDDLYASSDESYLILAIAIKTKPEKLKEKRLLPIDI
SEQ2850	PKSGSRKMNGSKVTFKSSDFVLSIDPNGKSELVQERYNALKANYLRQLNGKDFYAFP
SEQ2851	PKSGSRKMNGSKVTFKSSDFVLSIDPNGKSELVQERYNALKANYLRQLNGKDFYAFP
SEQ2852	PKSGSRKMNGSKVTFKSSDFVLSIDPNGKSELVQERYNALKANYLRQLNGKDFYAFP
SEQ2853	PKSGSRKMNGSKVTFKSSDFVLSIDPNGKSELVQERYNALKANYLRQLNGKDFYAFP
SEQ2854	PKSGSRKMNGSKVTFKSSDFVLSIDPNGKSELVQERYNALKANYLRQLNGKDFYAFP
SEQ2855	PKSGSRKMNGSKVTFKSSDFVLSIDPNGKSELVQERYNALKANYLRQLNGKDFYAFP

**Table 28: Comparative Sequences relating to SAG1552  
(conserved hypothetical protein)**

SEQ2856	PKSGSRKMNGSKVTFSSDFVLSIDPNGKSELFVQERYNALKANYLRQLNGKDFYAFP
SEQ2857	-----
SEQ2858	PKSGSRKMNGSKVTFSSDFVLSIDPNGKSELFVQERYNALKANYLRQLNGKDFYAFP
SEQ2859	PKSGSRKMNGSKVTFSSDFVLSIDPNGKSELFVQERYNALKANYLRQLNGKDFYAFP
SEQ2860	PKSGSRKMNGSKVTFSSDFVLSIDPNGKSELFVQERYNALKANYLRQLNGKDFYAFP
SEQ2850	KKNSSNFEQINMVLRLNTKIVEDMEKVKATERFLPTHPTGLLKTGTTDRHQKTFDSQTDI
SEQ2851	KKNSSNFEQINMVLRLNTKIVEDMEKVKATERFLPTHPTGLLKTGTTDRHQKTFDSQTDI
SEQ2852	KKNSSNFEQINMVLRLNTKIVEDMEKVKATERFLPTHPTGLLKTGTTDRHQKTFDSQTDI
SEQ2853	KKNSSNFEQINMVLRLNTKIVEDMEKVKATERFLPTHPTGLLKTGTTDRHQKTFDSQTDI
SEQ2854	KKNSSNFEQINMVLRLNTKIVEDMEKVKATERFLPTHPTGLLKTGTTDRHQKTFDSQTDI
SEQ2855	KKNSSNFEQINMVLRLNTKIVEDMEKVKATERFLPTHPTGLLKTGTTDRHQKTFDSQTDI
SEQ2856	KKNSSNFEQINMVLRLNTKIVEDMEKVKATERFLPTHPTGLLKTGTTDRHQKTFDSQTDI
SEQ2857	-----
SEQ2858	KKNSSNFEQINMVLRLNTKIVEDMEKVKATERFLPTHPTGLLKTGTTDRHQKTFDSQTDI
SEQ2859	KKNSSNFEQINMVLRLNTKIVEDMEKVKATERFLPTHPTGLLKTGTTDRHQKTFDSQTDI
SEQ2860	KKNSSNFEQINMVLRLNTKIVEDMEKVKATERFLPTHPTGLLKTGTTDRHQKTFDSQTDI
SEQ2850	FGKDFIEVRIPWQLLNFSDPSSQKIHDDYFKHYGVKELEIESIALGLGANSKENTLIK
SEQ2851	FGKDFIEVRIPWQLLNFSDPSSQKIHDDYFKHYGVKELEIESIALGLGANSKENTLIK
SEQ2852	FGKDFIEVRIPWQLLNFSDPSSQKIHDDYFKHYGVKELEIESIALGLGANSKENTLIK
SEQ2853	FGKDFIEVRIPWQLLNFSDPSSQKIHDDYFKHYGVKELENEPLLDVLI AKKTHRWQIIIV
SEQ2854	FGKDFIEVRIPWQLLNFSDPSSQKIHDDYFKHYGVKELENEPLLDVLI AKKTHRWQIIIV
SEQ2855	FGKDFIEVRIPWQLLNFSDPSSQKIHDDYFKHYGVKELEIESIALGLGANSKENTLIK
SEQ2856	FGKDFIEVRIPWQLLNFSDPSSQKIHDDYFKHYGVKELEIESIALGLGANSKENTLIK
SEQ2857	-----
SEQ2858	FGKDFIEVRIPWQLLNFSDPSSQKIHDDYFKHYGVKELEIESIALGLGANSKENTLIK
SEQ2859	FGKDFIEVRIPWQLLNFSDPSSQKIHDDYFKHYGVKELEIESIALGLGANSKENTLIK
SEQ2860	FGKDFIEVRIPWQLLNFSDPSSQKIHDDYFKHYGVKELEIESIALGLGANSKENTLIK
SEQ2850	DYRLKNWERPDTKTFLKDSYYSIER-----
SEQ2851	DYRLKNWERPDTKTFLKDSYVVLRK-----
SEQ2852	DYRLKNWERPDTKTFLKDSYYSIKKEWSKERERTYGP
SEQ2853	IGRDPIPKPFK-----
SEQ2854	IGRDPIPKPFK-----
SEQ2855	DYRLKNWERPDTKTFLKDSYVVLRK-----
SEQ2856	DYRLKNWERPDTKTFLKD-----
SEQ2857	-----
SEQ2858	DYRLKNWERPDTKTFLKDSYYSIKK-----
SEQ2859	DYRLKNWERPDTKTFLKDSYYSIK-----
SEQ2860	DYRLKNWERPDTKTFLKDSYYSIKKEW-----

**Table 29: Comparative Sequences relating to SAG1641 (YaeC family protein)****SEQ ID NO. 2901: SAG1641 FROM THE 090 GBS TYPE Ia STRAIN**

AATCAAGAAGTTTCAGCAAGCTCAACTTCAAGTAAAGTTGTTAAAGTTGGTGTATGACCTTTCTGACACTGAAAAA  
 GCACGTTGGGATAAAATTGAAAAGCTAGTAGGCGATAAAGCTAAAATCAAATTCACAGAATTTACAGATTATACACAA  
 CCAAATCAAGCGACAGCCAATAAGGATGTGGATATTAATGCCTTTCAACATTACAATTTCTTAGAAAACTGGAATAAG  
 GAAAAAAGAAAACTTAATCCACTTGAAAAGACTTACTTAGCCCCAATTCGTATCTATTCTGAGAAGGTAAAAATCT  
 CTTAAAAAATTGAAAAAGGAGCCACTATTGCAATTCCAAATGATGCAACAAATGGTAGCCGTGCATTGTATGTCCTT  
 CAGTCAGCAGGTTTAATCAAATTGAATGTTTCTGGTAAGAAGGTTGCAACAGTTGCTAATATCACATCTAATAAAAAA  
 GATATTAATATTACAGGAGTTAGATGCGAGTCAAACACCACGTGCACTCAAAGATGTAGATGCAGCTATTATTAATAAT  
 ACATACATTGAGCAAGCTAATTTAAACCTTCAGATGCTATCTTTGTTGAGAAATCAGATAAAAAATTCAAAACAATGG  
 ATTAATATCATTGCGGGACGTAAAAATTGAAAAAGCAAAAGAACGCTAAAGCTATCCAAGCTATCTTGGATGCTTAT  
 CACACAGATGAAGTAAAAAAGTTATCAAAGATACTTCAGCTGATATTCCACAATGAACCCAGCTTTCTGTACAA

**SEQ ID NO. 2902: SAG1641 FROM THE 1169NT1 GBS TYPE V STRAIN  
(REVERSE COMPLEMENT)**

ATCAAGAAGTTTCAGCAAGCTCAACTTCAAGTAAAGTTGTTAAAGTTGGTGTATGACCTTTCTGACACTGAAAAAG  
 CACGTTGGGATAAAATTGAAAAGCTAGTAGGTGATAAAGCTAAAATCAAATTTACAGAATTTACAGATTATACACAAC  
 CAAATCAAGCGACAGCCAATAAGGATGTGGATATTAATGCCTTTCAACATTACAATTTCTTAGAAAACTGGAATAAG  
 AAAATAAGAAAACTTAATCCACTTGAAAAGACTTACTTAGCTCCAATTCGTATCTATTCTGAGAAGGTAAAAATCTC  
 TTAATAAATTGAAAAAGGAGCCACTATTGCAATTCCAAATGATGCAACAAATGGTAGCCGTGCATTGTATGTCCTTC  
 AGTCAGCAGGTTTAATCAAATTGAATGTTTCTGGTAAGAAGGTTGCAACAGTTGCTAATATCACATCTAATAAAAAAG  
 ATATTAATATTACAGGAGTTAGATGCGAGTCAAACACCACGTGCACTCAAAGATGTAGATGCAGCTATTATTAATAAT  
 CATACATTGAGCAAGCTAATTTAAACCTTCAGATGCTATCTTTGTTGAGAAATCAGATAAAAAATTCAAAACAATGGA  
 TTAATATCATTGCGGGACGTAAAAATTGAAAAAGCAAAAGAACGCTAAAGCTATCCAAGCTATCTTGGATGCTTATC  
 ACACAGATGAAGTAAAAAAGTTATCAAAGATACTTCAGCTGATATTCCACAATGG

**SEQ ID NO. 2903: SAG1641 FROM THE 18RS21 GBS TYPE II STRAIN**

AATCAAGAAGTTTCAGCAAGCTCAACTTCAAGTAAAGTTGTTAAAGTTGGTGTATGACCTTTCTGACACTGAAAAA  
 GCACGTTGGGATAAAATTGAAAAGCTAGTAGGTGATAAAGCTAAAATCAAATTTACAGAATTTACAGATTATACACAA  
 CCAAATCAAGCGACAGCCAATAAGGATGTGGATATTAATGCCTTTCAACATTACAATTTCTTAGAAAACTGGAATAAG  
 GAAAAAAGAAAACTTAATCCACTTGAAAAGACTTACTTAGCTCCAATTCGTATCTATTCTGAGAAGGTAAAAATCT  
 CTTAAAAAATTGAAAAAGGAGCCACTATTGCAATTCCAAATGATGCAACAAATGGTAGCCGTGCATTGTATGTCCTT  
 CAGTCAGCAGGTTTAATCAAATTGAATGTTTCTGGTAAGAAGGTTGCAACAGTTGCTAATATCACATCTAATAAAAAAG  
 GATATTAATATTACAGGAGTTAGATGCGAGTCAAACACCACGTGCACTCAAAGATGTAGATGCAGCTATTATTAATAAT  
 ACATACATTGAGCAAGCTAATTTAAACCTTCAGATGCTATCTTTGTTGAGAAATCAGATAAAAAATTCAAAACAATGG  
 ATTAATATCATTGCGGGACGTAAAAATTGAAAAAGCAAAAGAACGCTAAAGCTATCCAAGCTATCTTGGATGCTTAT  
 CACACAGATGAAGTAAAAAAGTTATCAAAGATACTTCAGCTGATATTCCAC

**SEQ ID NO. 2904: SAG1641 FROM THE 2603 V/R GBS TYPE V STRAIN**

AATCAAGAAGTTTCAGCAAGCTCAACTTCAAGTAAAGTTGTTAAAGTTGGTGTATGACCTTTCTGACACTGAAAAA  
 GCACGTTGGGATAAAATTGAAAAGCTAGTAGGTGATAAAGCTAAAATCAAATTTACAGAATTTACAGATTATACACAA  
 CCAAATCAAGCGACAGCCAATAAGGATGTGGATATTAATGCCTTTCAACATTACAATTTCTTAGAAAACTGGAATAAG  
 GAAAAAAGAAAACTTAATCCACTTGAAAAGACTTACTTAGCTCCAATTCGTATCTATTCTGAGAAGGTAAAAATCT  
 CTTAAAAAATTGAAAAAGGAGCCACTATTGCAATTCCAAATGATGCAACAAATGGTAGCCGTGCATTGTATGTCCTT  
 CAGTCAGCAGGTTTAATCAAATTGAATGTTTCTGGTAAGAAGGTTGCAACAGTTGCTAATATCACATCTAATAAAAAAG  
 GATATTAATATTACAGGAGTTAGATGCGAGTCAAACACCACGTGCACTCAAAGATGTAGATGCAGCTATTATTAATAAT  
 ACATACATTGAGCAAGCTAATTTAAACCTTCAGATGCTATCTTTGTTGAGAAATCAGATAAAAAATTCAAAACAATGG  
 ATTAATATCATTGCGGGACGTAAAAATTGAAAAAGCAAAAGAACGCTAAAGCTATCCAAGCTATCTTGGATGCTTAT  
 CACACAGATGAAGTAAAAAAGTTATCAAAGATACTTCAGCTGATATTCCACAATGG

**SEQ ID NO. 2905: SAG1641 FROM THE A909 GBS TYPE Ia STRAIN**

AATCAAGAAGTTTCAGCAAGCTCAACTTCAAGTAAAGTTGTTAAAGTTGGTGTATGACCTTTCTGACACTGAAAAA  
 GCACGTTGGGATAAAATTGAAAAGCTAGTAGGTGATAAAGCTAAAATCAAATTTACAGAATTTACAGATTATACACAA  
 CCAAATCAAGCGACAGCCAATAAGGATGTGGATATTAATGCCTTTCAACATTACAATTTCTTAGAAAACTGGAATAAG  
 GAAAAAAGAAAACTTAATCCACTTGAAAAGACTTACTTAGCTCCAATTCGTATCTATTCTGAGAAGGTAAAAATCT  
 CTTAAAAAATTGAAAAAGGAGCCACTATTGCAATTCCAAATGATGCAACAAATGGTAGCCGTGCATTGTATGTCCTT  
 CAGTCAGCAGGTTTAATCAAATTGAATGTTTCTGGTAAGAAGGTTGCAACAGTTGCTAATATCACATCTAATAAAAAAG  
 GATATTAATATTACAGGAGTTAGATGCGAGTCAAACACCACGTGCACTCAAAGATGTAGATGCAGCTATTATTAATAAT  
 ACATACATTGAGCAAGCTAATTTAAACCTTCAGATGCTATCTTTGTTGAGAAATCAGATAAAAAATTCAAAACAATGG  
 ATTAATATCATTGCGGGACGTAAAAATTGAAAAAGCAAAAGAACGCTAAAGCTATCCAAGCTATCTTGGATGCTTAT  
 CACACAGATGAAGTAAAAAAGTTATCAAAGATACTTCAGCTGATATTCCACAATGG

Table 29: Comparative Sequences relating to SAG1641 (YaeC family protein)

## SEQ ID NO. 2906: SAG1641 FROM THE CJB110 GBS NONTYPEABLE STRAIN

AAGTAAAGTTGTTAAAGTTGGTGTTATGACCTTTTCTGACACTGAAAAAGCACGTTGGGATAAAATTGAAAAGCTAGT  
 AGGCGATAAAGCTAAAATCAAATTCACAGAAATTTACAGATTATACACAACCAAATCAAGCGACAGCCAATAAGGATGT  
 GGATATTAATGCCTTTCAACATTACAATTTCTTAGAAAACCTGGAATAAGGAAAATAAGAAAACTTAATTCACCTTGA  
 AAAGACTTACTTAGCCCCAATTCGTATCTATTCTGAGAAGGTAAAATCTCTTAAAAAATTGAAAAAAGGAGCCACTAT  
 TGCAATTCCAAATGATGCAACAAATGGTAGCCGTGCATTGTATGTCCTTCAGTCAGCAGGTTTAATCAAATTTGAATGT  
 TTCTGGTAAGAAGGTTGCAACAGTTGCTAATATCACATCTAATAAAAAAGATATTAATATTCAGGAGTTAGATGCGAG  
 TCAACACACCACGTGCACCTCAAAGATGTAGATGCAGCTATTATTAATAATACATACATTGAGCAAGCTAATTTAAACC  
 TTCAGATGCTATCTTTGTTGAGAAATCAGATAAAAAATTCAAAACAATGGATTAATATCATTGCGGGACGTAAAAATTG  
 GAAAAAGCAAAAGAACGCTAAAGCTATCCAAGCTATCTTGGATGCTTATCACACAGATGAAGTGAAAAAGTTATCAA  
 AGATACTTCAGCTGATATTCACAATGGAA

SEQ ID NO. 2907: SAG1641 FROM THE COH1 GBS TYPE III STRAIN  
(REVERSE COMPLEMENT)

AGTTTCAGCAAGCTCAACTTCAAGTAAAGTTGTTAAAGTTGGTGTTATGACCTTTTCTGACACTGAAAAAGCACGTTG  
 GGATAAAATTGAAAAGCTAGTAGGTGATAAAGCTAAAATCAAATTTACAGAAATTTACAGATTATACACAACCAAATCA  
 AGCGACAGCCAATAAGGATGTGGATATTAATGCCTTTCAACATTACAATTTCTTAGAAAACCTGGAATAAGGAAAATAA  
 GAAAACTTAATTCACCTTGAAGAAGACTTACTTAGCTCCAATTCGTATCTATTCTGAGAAGGTAAAATCTCTTAAAAA  
 ATTGAAAAAAGGAGCCACTATTGCAATTCCAAATGATGCAACAAATGGTAGCCGTGCATTGTATGTACTTCAGTCAGC  
 AGGTTTAATCAAATTTGAATGTTTCTGGTAAGAAGGTTGCAACAGTTGCTAATATCACATCTAATAAAAAAGGATATTA  
 TATTCAGGAGTTAGATGCGAGTCAAACACCACGTGCACCTCAAAGATGTAGATGCAGCTATTATTAATAATACATACAT  
 TGAGCAAGCTAATTTAAACCTTCAGATGCTATCTTTGTTGAGAAATCAGATAAAAAATTCAAAACAATGGATTAATAT  
 CATTGCGGGACGTAAAAATTGAAAAAGCAAAAGAACGCTAAAGCTATCCAAGCTATCTTGGATGCTTATCACACAGA  
 TGAAGTGAAAAAGTTATCAAAGATACTTCAGCTGATATTCACAATGG

## SEQ ID NO. 2908: SAG1641 FROM THE H36b GBS TYPE Ib STRAIN

AAGAAGTTTCAGCAAGCTCAACTTCAAGTAAAGTTGTTAAAGTTGGTGTTATGACCTTTTCTGACACTGAAAAAGCAC  
 GTTGGGATAAAATTGAAAAGCTAGTAGGTGATAAAGCTAAAATCAAATTTACAGAAATTTACAGATTATACACAACCAA  
 ATCAAGCGACAGCCAATAAGGATGTGGATATTAATGCCTTTCAACATTACAATTTCTTAGAAAACCTGGAATAAGGAAA  
 ATAAGAAAACTTAATTCACCTTGAAGAAGACTTACTTAGCTCCAATTCGTATCTATTCTGAGAAGGTAAAATCTCTTA  
 AAAAAATTGAAAAAAGGAGCCACTATTGCAATTCCAAATGATGCAACAAATGGTAGCCGTGCATTGTATGTCCTTCAGT  
 CAGCAGGTTTAATCAAATTTGAATGTTTCTGGTAAGAAGGTTGCAACAGTTGCTAATATCACATCTAATAAAAAAGGATA  
 TTAATATTCAGGAGTTAGATGCGAGTCAAACACCACGTGCACCTCAAAGATGTAGATGCAGCTATTATTAATAATACAT  
 ACATTGAGCAAGCTAATTTAAACCTTCAGATGCTATCTTTGTTGAGAAATCAGATAAAAAATTCAAAACAATGGATTA  
 ATATCATTGCGGGACGTAAAAATTGAAAAAGCAAAAGAACGCTAAAGCTATCCAAGCTATCTTGGATGCTTATCACAC  
 CAGATGAAGTGAAAAAGTTATCAAAGATACTTCAGCTGATATTCACAATGG

## SEQ ID NO. 2909: SAG1641 FROM THE JM3190013 GBS TYPE VIII STRAIN

TTCAAGCAAGCTCAACTTCAAGTAAAGTTGTTAAAGTTGGTGTTATGACCTTTTCTGACACTGAAAAAGCACGTTGGGA  
 TAAAATTGAAAAGCTAGTAGGTGATAAAGCTAAAATCAAATTTACAGAAATTTACAGATTATACACAACCAAATCAAGC  
 GACAGCCAATAAGGATGTGGATATTAATGCCTTTCAACATTACAATTTCTTAGAAAACCTGGAATAAGGAAAATAAGAA  
 AACTTAATTCACCTTGAAGAAGACTTACTTAGCTCCAATTCGTATCTATTCTGAGAAGGTAAAATCTCTTAAAAAATT  
 GAAAAAAGGAGCCACTATTGCAATTCCAAATGATGCAACAAATGGTAGCCGTGCATTGTATGTCCTTCAGTCAGCAGG  
 TTTAATCAAATTTGAATGTTTCTGGTAAGAAGGTTGCAACAGTTGCTAATATCACATCTAATAAAAAAGGATATTAATAT  
 TCAGGAGTTAGATGCGAGTCAAACACCACGTGCACCTCAAAGATGTAGATGCAGCTATTATTAATAATACATACATTGA  
 GCAAGCTAATTTAAACCTTCAGATGCTATCTTTGTTGAGAAATCAGATAAAAAATTCAAAACAATGGATTAATATCAT  
 TCGGGACGTAAAAATTGAAAAAGCAAAAGAACGCTAAAGCTATCCAAGCTATCTTGGATGCTTATCACACAGATGA  
 AGTGAAAAAGTTATCAAAGATACTTCAGCTGATATTCACAATGG

## SEQ ID NO. 2910: SAG1641 FROM THE M732 GBS TYPE III STRAIN

AATCAAGAAGTTTCAGCAAGCTCAACTTCAAGTAAAGTTGTTAAAGTTGGTGTTATGACCTTTTCTGACACTGAAAAA  
 GCACGTTGGGATAAAATTGAAAAGCTAGTAGGTGATAAAGCTAAAATCAAATTTACAGAAATTTACAGATTATACACAA  
 CCAAATCAAGCGACAGCCAATAAGGATGTGGATATTAATGCCTTTCAACATTACAATTTCTTAGAAAACCTGGAATAAG  
 GAAAATAAGAAAACTTAATTCACCTTGAAGAAGACTTACTTAGCTCCAATTCGTATCTATTCTGAGAAGGTAAAATCT  
 CTTAAAAAATTGAAAAAAGGAGCCACTATTGCAATTCCAAATGATGCAACAAATGGTAGCCGTGCATTGTATGTCCTT  
 CAGTCAGCAGGTTTAATCAAATTTGAATGTTTCTGGTAAGAAGGTTGCAACAGTTGCTAATATCACATCTAATAAAAA  
 GATATTAATATTCAGGAGTTAGATGCGAGTCAAACACCACGTGCACCTCAAAGATGTAGATGCAGCTATTATTAATAAT  
 ACATACATTGAGCAAGCTAATTTAAACCTTCAGATGCTATCTTTGTTGAGAAATCAGATAAAAAATTCAAAACAATGG  
 ATTAATATCATTTGCGGGACGTAAAAATTGAAAAAGCAAAAGAACGCTAAAGCTATCCAAGCTATCTTGGATGCTTAT  
 CACACAGATGAAGTGAAAAAGTTATCAAAGATACTTCAGCTGATATTCACAATGG

Table 29: Comparative Sequences relating to SAG1641 (YaeC family protein)

SEQ ID NO. 2911: SAG1641 FROM THE M781 GBS TYPE III STRAIN

AGTTTCAGCAAGCTCAACTTCAAGTAAAGTTGTTAAAGTTGGTGTATGACCTTTTCTGACACTGAAAAAGCACGTTG  
 GGATAAAATTGAAAAGCTAGTAGGTGATAAAGCTAAATTCAAATTTACAGAATTTACAGATTATACACAACCAAATCA  
 AGCGACAGCCAATTAAGGATGTGGATATTAATGCCCTTTCAACATTACAATTTCTAGAAAACCTGGAATAAGGAAAAATAA  
 GAAAACTTAATTCACCTTGAAAAGACTTACTTAGCTCCAATTCGTATCTATTCTGAGAAGGTAAATCTCTTAAAAA  
 ATTGAAAAAAGGAGCCACTATTGCAATTCCAAATGATGCAACAAATGGTAGCCCTGCATTGTATGTCTTCACTCAGC  
 AGGTTTAATCAAATTGAATGTTTCTGGTAAGAAGGTTGCAACAGTTGCTAATATCACATCTAATAAAAAGGATATTAA  
 TATTCAAGAGTTAGATGCGAGTCAAACACCACGTGCACTCAAAGATGTAGATGCAGCTATTATTAATAATACATACAT  
 TGAGCAAGCTAAATTAAAACTTTCAGATGCTATCTTTGTTGAGAAATCAGATAAAAAATTCAAACAATGGATTAAATAT  
 CATTGCGGGACGTAAAAATTGAAAAAGCAAAAGACGCTAAAGCTATCCAAGCTATCTGGGATGCTTATCACACAGA  
 TGAAGTAAAAAAGTTATCAAAGATACTTCAGCTGATATTCACCAATGG

SEQ2901 ATCAAGAAGTTTCAGCAAGCTCAACTTCAAGTAAAGTTGTTAAAGTTGGTGTATGACC  
 SEQ2902 ATCAAGAAGTTTCAGCAAGCTCAACTTCAAGTAAAGTTGTTAAAGTTGGTGTATGACC  
 SEQ2903 ATCAAGAAGTTTCAGCAAGCTCAACTTCAAGTAAAGTTGTTAAAGTTGGTGTATGACC  
 SEQ2904 ATCAAGAAGTTTCAGCAAGCTCAACTTCAAGTAAAGTTGTTAAAGTTGGTGTATGACC  
 SEQ2905 ATCAAGAAGTTTCAGCAAGCTCAACTTCAAGTAAAGTTGTTAAAGTTGGTGTATGACC  
 SEQ2906 -----AAGTAAAGTTGTTAAAGTTGGTGTATGACC  
 SEQ2907 -----AGTTTCAGCAAGCTCAACTTCAAGTAAAGTTGTTAAAGTTGGTGTATGACC  
 SEQ2908 ---AAGAAGTTTCAGCAAGCTCAACTTCAAGTAAAGTTGTTAAAGTTGGTGTATGACC  
 SEQ2909 -----TTCAGCAAGCTCAACTTCAAGTAAAGTTGTTAAAGTTGGTGTATGACC  
 SEQ2910 ATCAAGAAGTTTCAGCAAGCTCAACTTCAAGTAAAGTTGTTAAAGTTGGTGTATGACC  
 SEQ2911 -----AGTTTCAGCAAGCTCAACTTCAAGTAAAGTTGTTAAAGTTGGTGTATGACC

SEQ2901 TTTTCTGACACTGAAAAAGCACGTTGGGATAAAATTGAAAAGCTAGTAGGCGATAAAGCT  
 SEQ2902 TTTTCTGACACTGAAAAAGCACGTTGGGATAAAATTGAAAAGCTAGTAGGCGATAAAGCT  
 SEQ2903 TTTTCTGACACTGAAAAAGCACGTTGGGATAAAATTGAAAAGCTAGTAGGCGATAAAGCT  
 SEQ2904 TTTTCTGACACTGAAAAAGCACGTTGGGATAAAATTGAAAAGCTAGTAGGCGATAAAGCT  
 SEQ2905 TTTTCTGACACTGAAAAAGCACGTTGGGATAAAATTGAAAAGCTAGTAGGCGATAAAGCT  
 SEQ2906 TTTTCTGACACTGAAAAAGCACGTTGGGATAAAATTGAAAAGCTAGTAGGCGATAAAGCT  
 SEQ2907 TTTTCTGACACTGAAAAAGCACGTTGGGATAAAATTGAAAAGCTAGTAGGCGATAAAGCT  
 SEQ2908 TTTTCTGACACTGAAAAAGCACGTTGGGATAAAATTGAAAAGCTAGTAGGCGATAAAGCT  
 SEQ2909 TTTTCTGACACTGAAAAAGCACGTTGGGATAAAATTGAAAAGCTAGTAGGCGATAAAGCT  
 SEQ2910 TTTTCTGACACTGAAAAAGCACGTTGGGATAAAATTGAAAAGCTAGTAGGCGATAAAGCT  
 SEQ2911 TTTTCTGACACTGAAAAAGCACGTTGGGATAAAATTGAAAAGCTAGTAGGCGATAAAGCT

SEQ2901 AAAATCAAATTCACAGAATTTACAGATTATACACAACCAAATCAAGCGACAGCCAATAAG  
 SEQ2902 AAAATCAAATTCACAGAATTTACAGATTATACACAACCAAATCAAGCGACAGCCAATAAG  
 SEQ2903 AAAATCAAATTCACAGAATTTACAGATTATACACAACCAAATCAAGCGACAGCCAATAAG  
 SEQ2904 AAAATCAAATTCACAGAATTTACAGATTATACACAACCAAATCAAGCGACAGCCAATAAG  
 SEQ2905 AAAATCAAATTCACAGAATTTACAGATTATACACAACCAAATCAAGCGACAGCCAATAAG  
 SEQ2906 AAAATCAAATTCACAGAATTTACAGATTATACACAACCAAATCAAGCGACAGCCAATAAG  
 SEQ2907 AAAATCAAATTCACAGAATTTACAGATTATACACAACCAAATCAAGCGACAGCCAATAAG  
 SEQ2908 AAAATCAAATTCACAGAATTTACAGATTATACACAACCAAATCAAGCGACAGCCAATAAG  
 SEQ2909 AAAATCAAATTCACAGAATTTACAGATTATACACAACCAAATCAAGCGACAGCCAATAAG  
 SEQ2910 AAAATCAAATTCACAGAATTTACAGATTATACACAACCAAATCAAGCGACAGCCAATAAG  
 SEQ2911 AAAATCAAATTCACAGAATTTACAGATTATACACAACCAAATCAAGCGACAGCCAATAAG

SEQ2901 GATGTGGATATTAATGCCCTTTCAACATTACAATTTCTTAGAAAACTGGAATAAGGAAAAAT  
 SEQ2902 GATGTGGATATTAATGCCCTTTCAACATTACAATTTCTTAGAAAACTGGAATAAGGAAAAAT  
 SEQ2903 GATGTGGATATTAATGCCCTTTCAACATTACAATTTCTTAGAAAACTGGAATAAGGAAAAAT  
 SEQ2904 GATGTGGATATTAATGCCCTTTCAACATTACAATTTCTTAGAAAACTGGAATAAGGAAAAAT  
 SEQ2905 GATGTGGATATTAATGCCCTTTCAACATTACAATTTCTTAGAAAACTGGAATAAGGAAAAAT  
 SEQ2906 GATGTGGATATTAATGCCCTTTCAACATTACAATTTCTTAGAAAACTGGAATAAGGAAAAAT  
 SEQ2907 GATGTGGATATTAATGCCCTTTCAACATTACAATTTCTTAGAAAACTGGAATAAGGAAAAAT  
 SEQ2908 GATGTGGATATTAATGCCCTTTCAACATTACAATTTCTTAGAAAACTGGAATAAGGAAAAAT  
 SEQ2909 GATGTGGATATTAATGCCCTTTCAACATTACAATTTCTTAGAAAACTGGAATAAGGAAAAAT  
 SEQ2910 GATGTGGATATTAATGCCCTTTCAACATTACAATTTCTTAGAAAACTGGAATAAGGAAAAAT  
 SEQ2911 GATGTGGATATTAATGCCCTTTCAACATTACAATTTCTTAGAAAACTGGAATAAGGAAAAAT

SEQ2901 AAGAAAACTTAATTCACCTTGAAAAGACTTACTTAGCCCCAATTCGTATCTATTCTGAG  
 SEQ2902 AAGAAAACTTAATTCACCTTGAAAAGACTTACTTAGCTCCAAATTCGTATCTATTCTGAG  
 SEQ2903 AAGAAAACTTAATTCACCTTGAAAAGACTTACTTAGCTCCAAATTCGTATCTATTCTGAG  
 SEQ2904 AAGAAAACTTAATTCACCTTGAAAAGACTTACTTAGCTCCAAATTCGTATCTATTCTGAG  
 SEQ2905 AAGAAAACTTAATTCACCTTGAAAAGACTTACTTAGCTCCAAATTCGTATCTATTCTGAG  
 SEQ2906 AAGAAAACTTAATTCACCTTGAAAAGACTTACTTAGCTCCAAATTCGTATCTATTCTGAG  
 SEQ2907 AAGAAAACTTAATTCACCTTGAAAAGACTTACTTAGCTCCAAATTCGTATCTATTCTGAG  
 SEQ2908 AAGAAAACTTAATTCACCTTGAAAAGACTTACTTAGCTCCAAATTCGTATCTATTCTGAG

Table 29: Comparative Sequences relating to SAG1641 (YaeC family protein)

SEQ2909	AAGAAAACTTAATTCACCTTGAAAAGACTTACTTAGCTCCAATTCGTATCTATTCTGAG
SEQ2910	AAGAAAACTTAATTCACCTTGAAAAGACTTACTTAGCTCCAATTCGTATCTATTCTGAG
SEQ2911	AAGAAAACTTAATTCACCTTGAAAAGACTTACTTAGCTCCAATTCGTATCTATTCTGAG
SEQ2901	AAGGTAAATCTCTTAAAAAATTGAAAAAAGGAGCCACTATTGCAATTCCAAATGATGCA
SEQ2902	AAGGTAAATCTCTTAAAAAATTGAAAAAAGGAGCCACTATTGCAATTCCAAATGATGCA
SEQ2903	AAGGTAAATCTCTTAAAAAATTGAAAAAAGGAGCCACTATTGCAATTCCAAATGATGCA
SEQ2904	AAGGTAAATCTCTTAAAAAATTGAAAAAAGGAGCCACTATTGCAATTCCAAATGATGCA
SEQ2905	AAGGTAAATCTCTTAAAAAATTGAAAAAAGGAGCCACTATTGCAATTCCAAATGATGCA
SEQ2906	AAGGTAAATCTCTTAAAAAATTGAAAAAAGGAGCCACTATTGCAATTCCAAATGATGCA
SEQ2907	AAGGTAAATCTCTTAAAAAATTGAAAAAAGGAGCCACTATTGCAATTCCAAATGATGCA
SEQ2908	AAGGTAAATCTCTTAAAAAATTGAAAAAAGGAGCCACTATTGCAATTCCAAATGATGCA
SEQ2909	AAGGTAAATCTCTTAAAAAATTGAAAAAAGGAGCCACTATTGCAATTCCAAATGATGCA
SEQ2910	AAGGTAAATCTCTTAAAAAATTGAAAAAAGGAGCCACTATTGCAATTCCAAATGATGCA
SEQ2911	AAGGTAAATCTCTTAAAAAATTGAAAAAAGGAGCCACTATTGCAATTCCAAATGATGCA
SEQ2901	ACAAATGGTAGCCGTGCATTGTATGTCCTTCAGTCAGCAGGTTTAATCAAATTGAATGTT
SEQ2902	ACAAATGGTAGCCGTGCATTGTATGTCCTTCAGTCAGCAGGTTTAATCAAATTGAATGTT
SEQ2903	ACAAATGGTAGCCGTGCATTGTATGTCCTTCAGTCAGCAGGTTTAATCAAATTGAATGTT
SEQ2904	ACAAATGGTAGCCGTGCATTGTATGTCCTTCAGTCAGCAGGTTTAATCAAATTGAATGTT
SEQ2905	ACAAATGGTAGCCGTGCATTGTATGTCCTTCAGTCAGCAGGTTTAATCAAATTGAATGTT
SEQ2906	ACAAATGGTAGCCGTGCATTGTATGTCCTTCAGTCAGCAGGTTTAATCAAATTGAATGTT
SEQ2907	ACAAATGGTAGCCGTGCATTGTATGTCCTTCAGTCAGCAGGTTTAATCAAATTGAATGTT
SEQ2908	ACAAATGGTAGCCGTGCATTGTATGTCCTTCAGTCAGCAGGTTTAATCAAATTGAATGTT
SEQ2909	ACAAATGGTAGCCGTGCATTGTATGTCCTTCAGTCAGCAGGTTTAATCAAATTGAATGTT
SEQ2910	ACAAATGGTAGCCGTGCATTGTATGTCCTTCAGTCAGCAGGTTTAATCAAATTGAATGTT
SEQ2911	ACAAATGGTAGCCGTGCATTGTATGTCCTTCAGTCAGCAGGTTTAATCAAATTGAATGTT
SEQ2901	TCTGGTAAGAAGGTTGCAACAGTTGCTAATATCACATCTAATAAAAAGGATATTAATATT
SEQ2902	TCTGGTAAGAAGGTTGCAACAGTTGCTAATATCACATCTAATAAAAAGGATATTAATATT
SEQ2903	TCTGGTAAGAAGGTTGCAACAGTTGCTAATATCACATCTAATAAAAAGGATATTAATATT
SEQ2904	TCTGGTAAGAAGGTTGCAACAGTTGCTAATATCACATCTAATAAAAAGGATATTAATATT
SEQ2905	TCTGGTAAGAAGGTTGCAACAGTTGCTAATATCACATCTAATAAAAAGGATATTAATATT
SEQ2906	TCTGGTAAGAAGGTTGCAACAGTTGCTAATATCACATCTAATAAAAAGGATATTAATATT
SEQ2907	TCTGGTAAGAAGGTTGCAACAGTTGCTAATATCACATCTAATAAAAAGGATATTAATATT
SEQ2908	TCTGGTAAGAAGGTTGCAACAGTTGCTAATATCACATCTAATAAAAAGGATATTAATATT
SEQ2909	TCTGGTAAGAAGGTTGCAACAGTTGCTAATATCACATCTAATAAAAAGGATATTAATATT
SEQ2910	TCTGGTAAGAAGGTTGCAACAGTTGCTAATATCACATCTAATAAAAAGGATATTAATATT
SEQ2911	TCTGGTAAGAAGGTTGCAACAGTTGCTAATATCACATCTAATAAAAAGGATATTAATATT
SEQ2901	CAGGAGTTAGATGCGAGTCAAACACCAAGTGCCTCAAAGATGTAGATGCAGCTATTATT
SEQ2902	CAGGAGTTAGATGCGAGTCAAACACCAAGTGCCTCAAAGATGTAGATGCAGCTATTATT
SEQ2903	CAGGAGTTAGATGCGAGTCAAACACCAAGTGCCTCAAAGATGTAGATGCAGCTATTATT
SEQ2904	CAGGAGTTAGATGCGAGTCAAACACCAAGTGCCTCAAAGATGTAGATGCAGCTATTATT
SEQ2905	CAGGAGTTAGATGCGAGTCAAACACCAAGTGCCTCAAAGATGTAGATGCAGCTATTATT
SEQ2906	CAGGAGTTAGATGCGAGTCAAACACCAAGTGCCTCAAAGATGTAGATGCAGCTATTATT
SEQ2907	CAGGAGTTAGATGCGAGTCAAACACCAAGTGCCTCAAAGATGTAGATGCAGCTATTATT
SEQ2908	CAGGAGTTAGATGCGAGTCAAACACCAAGTGCCTCAAAGATGTAGATGCAGCTATTATT
SEQ2909	CAGGAGTTAGATGCGAGTCAAACACCAAGTGCCTCAAAGATGTAGATGCAGCTATTATT
SEQ2910	CAGGAGTTAGATGCGAGTCAAACACCAAGTGCCTCAAAGATGTAGATGCAGCTATTATT
SEQ2911	CAGGAGTTAGATGCGAGTCAAACACCAAGTGCCTCAAAGATGTAGATGCAGCTATTATT
SEQ2901	AATAATACATACATTGAGCAAGCTAATTTAAAACCTTCAGATGCTATCTTTGTTGAGAAA
SEQ2902	AATAATACATACATTGAGCAAGCTAATTTAAAACCTTCAGATGCTATCTTTGTTGAGAAA
SEQ2903	AATAATACATACATTGAGCAAGCTAATTTAAAACCTTCAGATGCTATCTTTGTTGAGAAA
SEQ2904	AATAATACATACATTGAGCAAGCTAATTTAAAACCTTCAGATGCTATCTTTGTTGAGAAA
SEQ2905	AATAATACATACATTGAGCAAGCTAATTTAAAACCTTCAGATGCTATCTTTGTTGAGAAA
SEQ2906	AATAATACATACATTGAGCAAGCTAATTTAAAACCTTCAGATGCTATCTTTGTTGAGAAA
SEQ2907	AATAATACATACATTGAGCAAGCTAATTTAAAACCTTCAGATGCTATCTTTGTTGAGAAA
SEQ2908	AATAATACATACATTGAGCAAGCTAATTTAAAACCTTCAGATGCTATCTTTGTTGAGAAA
SEQ2909	AATAATACATACATTGAGCAAGCTAATTTAAAACCTTCAGATGCTATCTTTGTTGAGAAA
SEQ2910	AATAATACATACATTGAGCAAGCTAATTTAAAACCTTCAGATGCTATCTTTGTTGAGAAA
SEQ2911	AATAATACATACATTGAGCAAGCTAATTTAAAACCTTCAGATGCTATCTTTGTTGAGAAA

Table 29: Comparative Sequences relating to SAG1641 (YaeC family protein)

SEQ2901	TCAGATAAAAAATTCAAAAAATGGATTAAATATCATTGCGGGACGTAAAAATTGGAAAAAG
SEQ2902	TCAGATAAAAAATTCAAAAAATGGATTAAATATCATTGCGGGACGTAAAAATTGGAAAAAG
SEQ2903	TCAGATAAAAAATTCAAAAAATGGATTAAATATCATTGCGGGACGTAAAAATTGGAAAAAG
SEQ2904	TCAGATAAAAAATTCAAAAAATGGATTAAATATCATTGCGGGACGTAAAAATTGGAAAAAG
SEQ2905	TCAGATAAAAAATTCAAAAAATGGATTAAATATCATTGCGGGACGTAAAAATTGGAAAAAG
SEQ2906	TCAGATAAAAAATTCAAAAAATGGATTAAATATCATTGCGGGACGTAAAAATTGGAAAAAG
SEQ2907	TCAGATAAAAAATTCAAAAAATGGATTAAATATCATTGCGGGACGTAAAAATTGGAAAAAG
SEQ2908	TCAGATAAAAAATTCAAAAAATGGATTAAATATCATTGCGGGACGTAAAAATTGGAAAAAG
SEQ2909	TCAGATAAAAAATTCAAAAAATGGATTAAATATCATTGCGGGACGTAAAAATTGGAAAAAG
SEQ2910	TCAGATAAAAAATTCAAAAAATGGATTAAATATCATTGCGGGACGTAAAAATTGGAAAAAG
SEQ2911	TCAGATAAAAAATTCAAAAAATGGATTAAATATCATTGCGGGACGTAAAAATTGGAAAAAG
SEQ2901	CAAAGAACGCTAAAGCTATCCAAGCTATCTTGGATGCTTATCACACAGATGAAGTGAAA
SEQ2902	CAAAGAACGCTAAAGCTATCCAAGCTATCTTGGATGCTTATCACACAGATGAAGTGAAA
SEQ2903	CAAAGAACGCTAAAGCTATCCAAGCTATCTTGGATGCTTATCACACAGATGAAGTGAAA
SEQ2904	CAAAGAACGCTAAAGCTATCCAAGCTATCTTGGATGCTTATCACACAGATGAAGTGAAA
SEQ2905	CAAAGAACGCTAAAGCTATCCAAGCTATCTTGGATGCTTATCACACAGATGAAGTGAAA
SEQ2906	CAAAGAACGCTAAAGCTATCCAAGCTATCTTGGATGCTTATCACACAGATGAAGTGAAA
SEQ2907	CAAAGAACGCTAAAGCTATCCAAGCTATCTTGGATGCTTATCACACAGATGAAGTGAAA
SEQ2908	CAAAGAACGCTAAAGCTATCCAAGCTATCTTGGATGCTTATCACACAGATGAAGTGAAA
SEQ2909	CAAAGAACGCTAAAGCTATCCAAGCTATCTTGGATGCTTATCACACAGATGAAGTGAAA
SEQ2910	CAAAGAACGCTAAAGCTATCCAAGCTATCTTGGATGCTTATCACACAGATGAAGTGAAA
SEQ2911	CAAAGAACGCTAAAGCTATCCAAGCTATCTTGGATGCTTATCACACAGATGAAGTGAAA
SEQ2901	AAAGTTATCAAAGATACTTCAGCTGATATTCCACAATGGAACCCAGCTTTCTGTACAA
SEQ2902	AAAGTTATCAAAGATACTTCAGCTGATATTCCACAATGG-----
SEQ2903	AAAGTTATCAAAGATACTTCAGCTGATATTCCAC-----
SEQ2904	AAAGTTATCAAAGATACTTCAGCTGATATTCCACAATGG-----
SEQ2905	AAAGTTATCAAAGATACTTCAGCTGATATTCCACAATGG-----
SEQ2906	AAAGTTATCAAAGATACTTCAGCTGATATTCCACAATGG-----
SEQ2907	AAAGTTATCAAAGATACTTCAGCTGATATTCCACAATGG-----
SEQ2908	AAAGTTATCAAAGATACTTCAGCTGATATTCCACAATGG-----
SEQ2909	AAAGTTATCAAAGATACTTCAGCTGATATTCCACAATGG-----
SEQ2910	AAAGTTATCAAAGATACTTCAGCTGATATTCCACAATGG-----
SEQ2911	AAAGTTATCAAAGATACTTCAGCTGATATTCCACAATGG-----

>SEQ ID NO 2950: 35\_090 frame: 1

NQEVSSASTSSKVVKGVMFSDTEKARWDKIEKLVGDKAKIKFTEFTDYPNQATANK  
DVDINAFQHYNFLENWKNENKKNLI PLEKTYLAPIRIYSEKVKSLKKLKKGATIAIPNDA  
TNGSRALYVLQSAGLIKLVSGKKVATVANITSNKKDINIQLDASQTPRALKDVDAAII  
NNTYIEQANLKPDAIFVEKSDKNSKQWINIIAGRKNWKKQKNAKAIQAILDAYHTDEVK  
KVIKDTSDIPQWNPFLY

>SEQ ID NO 2951: 35\_1169NT frame: 3

QEVSSASTSSKVVKGVMFSDTEKARWDKIEKLVGDKAKIKFTEFTDYPNQATANKD  
VDINAFQHYNFLENWKNENKKNLI PLEKTYLAPIRIYSEKVKSLKKLKKGATIAIPNDAT  
NGSRALYVLQSAGLIKLVSGKKVATVANITSNKKDINIQLDASQTPRALKDVDAAIIN  
NNTYIEQANLKPDAIFVEKSDKNSKQWINIIAGRKNWKKQKNAKAIQAILDAYHTDEVKK  
VIKDTSDIPQW

>SEQ ID NO 2952: 35\_18RS21 frame: 1

NQEVSSASTSSKVVKGVMFSDTEKARWDKIEKLVGDKAKIKFTEFTDYPNQATANK  
DVDINAFQHYNFLENWKNENKKNLI PLEKTYLAPIRIYSEKVKSLKKLKKGATIAIPNDA  
TNGSRALYVLQSAGLIKLVSGKKVATVANITSNKKDINIQLDASQTPRALKDVDAAII  
NNTYIEQANLKPDAIFVEKSDKNSKQWINIIAGRKNWKKQKNAKAIQAILDAYHTDEVK  
KVIKDTSDIP

>SEQ ID NO 2953: 35\_2603 frame: 1

NQEVSSASTSSKVVKGVMFSDTEKARWDKIEKLVGDKAKIKFTEFTDYPNQATANK  
DVDINAFQHYNFLENWKNENKKNLI PLEKTYLAPIRIYSEKVKSLKKLKKGATIAIPNDA  
TNGSRALYVLQSAGLIKLVSGKKVATVANITSNKKDINIQLDASQTPRALKDVDAAII  
NNTYIEQANLKPDAIFVEKSDKNSKQWINIIAGRKNWKKQKNAKAIQAILDAYHTDEVK  
KVIKDTSDIPQW

Table 29: Comparative Sequences relating to SAG1641 (YaeC family protein)

>SEQ ID NO 2954:35\_A909 frame: 1  
 NQEVSA SSTSSKVVKG VMTFS DTEKARWDKIEKLVGDKAKIKFTEFTDY TQPNQATANK  
 DVDINAFQHYNFLENW NKENKKNLI PLEKTYLAPIRIYSEKVKSLK LKKGATIAIPNDA  
 TNGSRALYVLQ SAGLIKLVN VSGKKVATVANITSNKKDINI QELDASQTPRALKD VDAAI I  
 NNTYIEQANLKPSDAIFVEKSDKNSKQWINIIAGRKNWKKQKNAKAIQAILDAYHTDEVK  
 KVIKDT SADIPQW

>SEQ ID NO 2955:35\_CJB110 frame: 2  
 SKVVKG VMTFS DTEKARWDKIEKLVGDKAKIKFTEFTDY TQPNQATANKDVDINAFQHYN  
 NFLENW NKENKKNLI PLEKTYLAPIRIYSEKVKSLK LKKGATIAIPNDATNGSRALYVL  
 QSAGLIKLVN VSGKKVATVANITSNKKDINI QELDASQTPRALKD VDAAI I NNTYIEQANL  
 KPSDAIFVEKSDKNSKQWINIIAGRKNWKKQKNAKAIQAILDAYHTDEVK KVIKDT SADI  
 PQW

>SEQ ID NO 2956:35\_COH1 frame: 2  
 VSASSTSSKVVKG VMTFS DTEKARWDKIEKLVGDKAKIKFTEFTDY TQPNQATANKDVD  
 INAFQHYNFLENW NKENKKNLI PLEKTYLAPIRIYSEKVKSLK LKKGATIAIPNDATNG  
 SRALYVLQ SAGLIKLVN VSGKKVATVANITSNKKDINI QELDASQTPRALKD VDAAI I NNT  
 YIEQANLKPSDAIFVEKSDKNSKQWINIIAGRKNWKKQKNAKAIQAILDAYHTDEVK KVI  
 KDT SADI PQW

>SEQ ID NO 2957:35\_H36B frame: 3  
 EVSASSTSSKVVKG VMTFS DTEKARWDKIEKLVGDKAKIKFTEFTDY TQPNQATANKDV  
 DINAFQHYNFLENW NKENKKNLI PLEKTYLAPIRIYSEKVKSLK LKKGATIAIPNDATNG  
 GSRALYVLQ SAGLIKLVN VSGKKVATVANITSNKKDINI QELDASQTPRALKD VDAAI I NNT  
 YIEQANLKPSDAIFVEKSDKNSKQWINIIAGRKNWKKQKNAKAIQAILDAYHTDEVK KVI  
 IKDT SADI PQW

>SEQ ID NO 2958:35\_JM9130013 frame: 2  
 SASSTSSKVVKG VMTFS DTEKARWDKIEKLVGDKAKIKFTEFTDY TQPNQATANKDVDI  
 NAFQHYNFLENW NKENKKNLI PLEKTYLAPIRIYSEKVKSLK LKKGATIAIPNDATNGS  
 RALYVLQ SAGLIKLVN VSGKKVATVANITSNKKDINI QELDASQTPRALKD VDAAI I NNTY  
 IEQANLKPSDAIFVEKSDKNSKQWINIIAGRKNWKKQKNAKAIQAILDAYHTDEVK KVIK  
 DTSADI PQW

>SEQ ID NO 2959:35\_M732 frame: 1  
 NQEVSA SSTSSKVVKG VMTFS DTEKARWDKIEKLVGDKAKIKFTEFTDY TQPNQATANK  
 DVDINAFQHYNFLENW NKENKKNLI PLEKTYLAPIRIYSEKVKSLK LKKGATIAIPNDA  
 TNGSRALYVLQ SAGLIKLVN VSGKKVATVANITSNKKDINI QELDASQTPRALKD VDAAI I  
 NNTYIEQANLKPSDAIFVEKSDKNSKQWINIIAGRKNWKKQKNAKAIQAILDAYHTDEVK  
 KVIK

>SEQ ID NO 2960:35\_M781 frame: 2  
 VSASSTSSKVVKG VMTFS DTEKARWDKIEKLVGDKAKIKFTEFTDY TQPNQATANKDVD  
 INAFQHYNFLENW NKENKKNLI PLEKTYLAPIRIYSEKVKSLK LKKGATIAIPNDATNG  
 SRALYVLQ SAGLIKLVN VSGKKVATVANITSNKKDINI QELDASQTPRALKD VDAAI I NNT  
 YIEQANLKPSDAIFVEKSDKNSKQWINIIAGRKNWKKQKNAKAIQAIWDAYHTDEVK KVI  
 KDT SADI PQW

SEQ2950	QEVSA SSTSSKVVKG VMTFS DTEKARWDKIEKLVGDKAKIKFTEFTDY TQPNQATANK
SEQ2951	QEVSA SSTSSKVVKG VMTFS DTEKARWDKIEKLVGDKAKIKFTEFTDY TQPNQATANK
SEQ2952	QEVSA SSTSSKVVKG VMTFS DTEKARWDKIEKLVGDKAKIKFTEFTDY TQPNQATANK
SEQ2953	QEVSA SSTSSKVVKG VMTFS DTEKARWDKIEKLVGDKAKIKFTEFTDY TQPNQATANK
SEQ2954	QEVSA SSTSSKVVKG VMTFS DTEKARWDKIEKLVGDKAKIKFTEFTDY TQPNQATANK
SEQ2955	-----SKVVKG VMTFS DTEKARWDKIEKLVGDKAKIKFTEFTDY TQPNQATANK
SEQ2956	--VSASSTSSKVVKG VMTFS DTEKARWDKIEKLVGDKAKIKFTEFTDY TQPNQATANK
SEQ2957	-EVSASSTSSKVVKG VMTFS DTEKARWDKIEKLVGDKAKIKFTEFTDY TQPNQATANK
SEQ2958	---SASSTSSKVVKG VMTFS DTEKARWDKIEKLVGDKAKIKFTEFTDY TQPNQATANK
SEQ2959	QEVSA SSTSSKVVKG VMTFS DTEKARWDKIEKLVGDKAKIKFTEFTDY TQPNQATANK
SEQ2960	--VSASSTSSKVVKG VMTFS DTEKARWDKIEKLVGDKAKIKFTEFTDY TQPNQATANK
SEQ2950	DVDINAFQHYNFLENW NKENKKNLI PLEKTYLAPIRIYSEKVKSLK LKKGATIAIPNDA
SEQ2951	DVDINAFQHYNFLENW NKENKKNLI PLEKTYLAPIRIYSEKVKSLK LKKGATIAIPNDA
SEQ2952	DVDINAFQHYNFLENW NKENKKNLI PLEKTYLAPIRIYSEKVKSLK LKKGATIAIPNDA
SEQ2953	DVDINAFQHYNFLENW NKENKKNLI PLEKTYLAPIRIYSEKVKSLK LKKGATIAIPNDA
SEQ2954	DVDINAFQHYNFLENW NKENKKNLI PLEKTYLAPIRIYSEKVKSLK LKKGATIAIPNDA
SEQ2955	DVDINAFQHYNFLENW NKENKKNLI PLEKTYLAPIRIYSEKVKSLK LKKGATIAIPNDA
SEQ2956	DVDINAFQHYNFLENW NKENKKNLI PLEKTYLAPIRIYSEKVKSLK LKKGATIAIPNDA
SEQ2957	DVDINAFQHYNFLENW NKENKKNLI PLEKTYLAPIRIYSEKVKSLK LKKGATIAIPNDA
SEQ2958	DVDINAFQHYNFLENW NKENKKNLI PLEKTYLAPIRIYSEKVKSLK LKKGATIAIPNDA



Table 29: Comparative Sequences relating to SAG1641 (YaeC family protein)

SEQ2959	DVDINAFQHYNFLENWNKENKKNLIPILEKTYLAPIRIYSEKVKSLKKLKKGATTIAIPNDA
SEQ2960	DVDINAFQHYNFLENWNKENKKNLIPILEKTYLAPIRIYSEKVKSLKKLKKGATTIAIPNDA
SEQ2950	TNGSRALYVLQSAGLIKLVSGKKVATVANITSNKKDINIQLDASQTPRALKDVDAAII
SEQ2951	TNGSRALYVLQSAGLIKLVSGKKVATVANITSNKKDINIQLDASQTPRALKDVDAAII
SEQ2952	TNGSRALYVLQSAGLIKLVSGKKVATVANITSNKKDINIQLDASQTPRALKDVDAAII
SEQ2953	TNGSRALYVLQSAGLIKLVSGKKVATVANITSNKKDINIQLDASQTPRALKDVDAAII
SEQ2954	TNGSRALYVLQSAGLIKLVSGKKVATVANITSNKKDINIQLDASQTPRALKDVDAAII
SEQ2955	TNGSRALYVLQSAGLIKLVSGKKVATVANITSNKKDINIQLDASQTPRALKDVDAAII
SEQ2956	TNGSRALYVLQSAGLIKLVSGKKVATVANITSNKKDINIQLDASQTPRALKDVDAAII
SEQ2957	TNGSRALYVLQSAGLIKLVSGKKVATVANITSNKKDINIQLDASQTPRALKDVDAAII
SEQ2958	TNGSRALYVLQSAGLIKLVSGKKVATVANITSNKKDINIQLDASQTPRALKDVDAAII
SEQ2959	TNGSRALYVLQSAGLIKLVSGKKVATVANITSNKKDINIQLDASQTPRALKDVDAAII
SEQ2960	TNGSRALYVLQSAGLIKLVSGKKVATVANITSNKKDINIQLDASQTPRALKDVDAAII
SEQ2950	NNTYIEQANLKPSDAIFVEKSDKNSKQWINIIAGRKNWKKQKNAKAIQAILDAYHTDEVK
SEQ2951	NNTYIEQANLKPSDAIFVEKSDKNSKQWINIIAGRKNWKKQKNAKAIQAILDAYHTDEVK
SEQ2952	NNTYIEQANLKPSDAIFVEKSDKNSKQWINIIAGRKNWKKQKNAKAIQAILDAYHTDEVK
SEQ2953	NNTYIEQANLKPSDAIFVEKSDKNSKQWINIIAGRKNWKKQKNAKAIQAILDAYHTDEVK
SEQ2954	NNTYIEQANLKPSDAIFVEKSDKNSKQWINIIAGRKNWKKQKNAKAIQAILDAYHTDEVK
SEQ2955	NNTYIEQANLKPSDAIFVEKSDKNSKQWINIIAGRKNWKKQKNAKAIQAILDAYHTDEVK
SEQ2956	NNTYIEQANLKPSDAIFVEKSDKNSKQWINIIAGRKNWKKQKNAKAIQAILDAYHTDEVK
SEQ2957	NNTYIEQANLKPSDAIFVEKSDKNSKQWINIIAGRKNWKKQKNAKAIQAILDAYHTDEVK
SEQ2958	NNTYIEQANLKPSDAIFVEKSDKNSKQWINIIAGRKNWKKQKNAKAIQAILDAYHTDEVK
SEQ2959	NNTYIEQANLKPSDAIFVEKSDKNSKQWINIIAGRKNWKKQKNAKAIQAILDAYHTDEVK
SEQ2960	NNTYIEQANLKPSDAIFVEKSDKNSKQWINIIAGRKNWKKQKNAKAIQAIWDAYHTDEVK
SEQ2950	KVIKDT SADIPQWNPFLY
SEQ2951	KVIKDT SADIPQW-----
SEQ2952	KVIKDT SADIP-----
SEQ2953	KVIKDT SADIPQW-----
SEQ2954	KVIKDT SADIPQW-----
SEQ2955	KVIKDT SADIPQW-----
SEQ2956	KVIKDT SADIPQW-----
SEQ2957	KVIKDT SADIPQW-----
SEQ2958	KVIKDT SADIPQW-----
SEQ2959	KVIKD-----
SEQ2960	KVIKDT SADIPQW-----

**Table 30: Comparative Sequences relating to SAG2147  
(protein of unknown function / lipoprotein, putative)**

**SEQ ID NO. 3001: SAG2147 FROM THE 1169NT1 GBS TYPE V STRAIN  
(REVERSE COMPLEMENT)**

AAAAGTTCACAAGTTACTACTGAATCTTTGTCAAAGCAGATAAAGTTCGCGTAGCC  
AAAAAATCAAAAATGACTAAGGCGACATCTAAATCAAAAGTAGAAGATGTAAACAGGCT  
CCAAAACCTTCTCAGGCATCTAATGAAGTCCCAAAATCAAGTTCTCAATCTACAGAAGCT  
AATTCTCAGCAACAAGTTACTGCGAGTGAAGAGGCGGCTGTAGAACAAGCAGTTGTAACA  
GAAAATACCCCTGTACCAGTCAGGCACAACAACTTATGCTGTTACTGAGACAACCTTAC  
AAACCTGTCTCAACACCAGACAAGTGGCCAAGTATTGAGCAATGGAAATACTGCAGGGGCG  
GTCGGATCTGCTGCTGCAGCAAAATGGCTGCTGCAACAGGAGTCCCTCAGTCTACTTGG  
GAACATATTATTGCCCGTGAATCAAATGGTAATCCTAATGTTGCTAATGCCTCAGGAGCT  
TCAGGACTTTTCCAAACGATGCCAGGTTGGGGTTCAACAGCTACAGTTCAGGATCAAGTT  
AATTCAAGCTATTAAAGCTTATCGTGCTCAAGGTTTATCAGCTTGGGGTTAC

**SEQ ID NO. 3002: SAG2147 FROM THE 18RS21 GBS TYPE II STRAIN  
(REVERSE COMPLEMENT)**

AAAAGTTCACAAGTTACTACTGAATCTTTGTCAAAGCAGATAAAGTTC  
GCGTAGCCAAAAAATCAAAAATGACTAAGGCGACATCTAAATCAAAAGTAGAAGATGTAA  
AACAGGCTCCAAAACCTTCTCAGGCATCTAATGAAGCCCAAAATCAAGTTCTCAATCTA  
CAGAAGCTAATTCTCAGCAACAAGTTACTGCGAGTGAAGAGGCAGCTGTAGAACAAGCAG  
TTGTAACAGAAAAACCCCTGTACCAGTCAGGCACAACAAGCTTATGCTGTTACTGAGA  
CAACTTATAGACCTGCTCAACACCAGACGAGTGGCCAAGTATTGAGTAATGGAAATACTG  
CAGGGGCTATTGGCTCAGCAGCTGCAGCACAAATGGCTGCTGCAACAGGAGTCCCTCAGT  
CTACTTGGGAACATATTATTGCCCGTGAATCAAATGGTAATCCTAATGTTGCTAATGCCT  
CAGGAGCTTCAGGACTTTTCCAAACGATGCCAGGTTGGGGTTCAACAGCTACAGTTCAGG  
ATCAAGTTAATTCAGCTATTAAAGCTTATCGTGCTCAAGGTTTATCAGCTTGGGGTTAC

**SEQ ID NO. 3003: SAG2147 FROM THE 2603 V/R GBS TYPE V STRAIN  
(REVERSE COMPLEMENT)**

AAAAGTTCACAAGTTACTACTGAATCTTTGTCAAAGCAGATAAAGT  
TCGCGTAGCCAAAAAATCAAAAATGACTAAGGCGACATCTAAATCAAAAGTAGAAGATGT  
AAAACAGGCTCCAAAACCTTCTCAGGCATCTAATGAAGCCCAAAATCAAGTTCTCAATC  
TACAGAAGCTAATTCTCAGCAACAAGTTACTGCGAGTGAAGAGGCAGCTGTAGAACAAGC  
AGTTGTAACAGAAAAACCCCTGTACCAGTCAGGCACAACAAGCTTATGCTGTTACTGA  
GACAACTTATAGACCTGCTCAACACCAGACGAGTGGCCAAGTATTGAGTAATGGAAATAC  
TGCAGGGGCTATTGGCTCAGCAGCTGCAGCACAAATGGCTGCTGCAACAGGAGTCCCTCA  
GTCTACTTGGGAACATATTATTGCCCGTGAATCAAATGGTAATCCTAATGTTGCTAATGC  
CTCAGGAGCTTCAGGACTTTTCCAAACGATGCCAGGTTGGGGTTCAACAGCTACAGTTCAG  
GGATCAAGTTAATTCAGCTATTAAAGCTTATCGTGCTCAAGGTTTATCAGCTTGGGGTTAC

**SEQ ID NO. 3004: SAG2147 FROM THE 090 GBS TYPE Ia STRAIN  
(REVERSE COMPLEMENT)**

TAGCCAAAAAATCAAAAATGATTAAAGGCGACATCTAAATCAAAAGTAGAAGATGTAAAC  
AGGCTCCAAAACCTTCTCAGGCATCTAATGAAGCCCAAAATCAAGTTCTCAATCTACAG  
AAGCTAATTCTCAGCAACAAGTTACTGCGAGTGAAGAGGCAGCTGTAGAACAAGCAGTTG  
TAACAGAAAAACCCCTGTACCAGTCAGGCACAACAAGCTTATGCTGTTACTGAGACAA  
CTTATAGACCTGCTCAACACCAGACGAGTGGCCAAGTATTGAGTAATGGAAATACTGCAG  
GGGCTATTGGCTCAGCAGCTGCAGCACAAATGGCTGCTGCAACAGGAGTCCCTCAGTCTA  
CTTGGGAACATATTATTGCCCGTGAATCAAATGGTAATCCTAATGTTGCTAATGCCTCAG  
GAGCTTCAGGACTTTTCCAAACGATGCCAGGTTGGGGTTCAACAGCTACAGTTCAGGA

**SEQ ID NO. 3005: SAG2147 FROM THE A909 GBS TYPE Ia STRAIN  
(REVERSE COMPLEMENT)**

AAGGCGACATCTAAATCAAAAGTAGAAGATGTAAACAGGCTCCAAAACCTTCTCAGGCA  
TCTAATGAAGCCCAAAATCAAGTTCTCAATCTACAGAAGCTAATTCTCAGCAACAAGTT  
ACTGCGAGTGAAGAGGCAGCTGTAGAACAAGCAGTTGTAACAGAAAAACCCCTGTACC  
AGTCAGGCACAACAAGCTTATGCTGTTACTGAGACAACCTTATAGACCTGCTCAACACCAG  
ACAAGTGGCCAAGTATTGAGTAATGGAAATACTGCAGGGGCTATTGGCTCAGCAGCTGCA  
GCACAAATGGCTGCTGCAACAGGAGTCCCTCAGTCTACTTGGGAACATATTATTGCCCGT  
GAATCAAATGGTAATCCTAATGTTGCTAATGCCTCAGGAGCTTCAGGACTTTTCCAAACG  
ATGCCAGGTTGGGGTTCAACAGCTACAGTTCAGAAATCAAGTTAATTCAGCTATTAAAGCT  
TATCGTGCTCAAGGTTTATCA

**Table 30: Comparative Sequences relating to SAG2147  
(protein of unknown function / lipoprotein, putative)**

**SEQ ID NO. 3006: SAG2147 FROM THE CJB110 GBS NONTYPEABLE STRAIN  
(REVERSE COMPLEMENT)**

AAATCTTTGTCAAAAAGCAGATAAAAGTTTCGCGTAGCCAAAAAATCAAAAATGACTAAGGCGA  
CATCTAAATCAAAGTAGAAGATGTAAAACAGGCTCCAAAACCTTCTCAGGCATCTAATG  
AAGCCCCAAATCAAGTTCTCAATCTACAGAAGCTAATTTCTCAGCAACAAGTTACTGCGA  
GTGAAGAGGCAGCTGTAGAACAAGCAGTTGTAACAGAAAAACCCCTGCTACCAGTCAGG  
CACAACAAGCTTATGCTGTTACTGAGACAACTTATAGACCTGCTCAACACCAGACGAGTG  
GCCAAGTATTGAGTAATGGAAATACTGCAGGGGCTATTGGCTCAGCAGCTGCAGCACAAA  
TGGCTGCTGCAACAGGAGTCCCTCAGTCTACTTGGGAACATATTATTGCCCGTGAATCAA  
ATGGTAATCCTAATGTTGCTAATGCCTCAGGAGCTTCAGGACTTTTCCAAACGATGCCAG  
GTTGGGGTTCAACAGCTACAGTTACAGGATCAAGTTAATTCAGCTATTAAAGCTTATCGTG  
CTCAAGTTTATCAGCTTGGGGTTAC

**SEQ ID NO. 3007: SAG2147 FROM THE COH1 GBS TYPE III STRAIN  
(REVERSE COMPLEMENT)**

AAAAGTTCACAAGTTACTACTGAATCTTTGTCAAAAAGCAGATAA  
AGTTTCGCGTAGCCAAAAAATCAAAAATGACTAAGGCGACATCTAAATCAAAGTAGAAGA  
TGTAACAGGCTCCAAAACCTTCTCAGGCATCTAATGAAGCCCCAAATCAAGTTCTCA  
ATCTACAGAAGCTAATTTCTCAGCAACAAGTTACTGCGAGTGAAGAGGCGGCTGTAGAACA  
AGCAGTTGTAACAGAAAAATACCCCTGCTACCAGTCAGGCACAACAACTTATGCTGTAC  
TGAGACAACTTACAAACCTGCTCAACACCAGACAAGTGCCCAAGTATTGAGCAATGGAAA  
TACTGCAGGGGCGGTTCGGATCTGCTGCTGCAGCACAAATGGCTGCTGCAACAGGAGTCCC  
TCAGTCTACTTGGGAACATATTATTGCCCGTGAATCAAATGGTAATCCTAATGTTGCTAA  
TGCCTCAGGAGCTTCAGGACTTTTCCAAACGATGCCAGGTTGGGGTTCAACAGCTACAGT  
TCAGGATCAAGTTAATTCAGCTATTAAAGCTTATCGTGCTCAAGGTTTATCAGCTTGGGG  
TTAC

**SEQ ID NO. 3008: SAG2147 FROM THE H36b GBS TYPE Ib STRAIN  
(REVERSE COMPLEMENT)**

AAAAGTTCACAAGTTACTACTGAATCTTTGTCAAAAAGC  
AGATAAAGTTTCGCGTAGCCAAAAAATCAAAAATGACTAAGGCGACATCTAAATCAAAGT  
AGAAGATGTAAAACAGGCTCCAAAACCTTCTCAGGCATCTAATGAAGCCCCAAATCAAG  
TTCTCAATCTACAGAAGCTAATTTCTCAGCAACAAGTTACTGCGAGTGAAGAGGCAGCTGT  
AGAACAAGCAGTTGTAACAGAAAAACCCCTGCTACCAGTCAGGCACAACAAGCTTATGC  
TGTTACTGAGACAACTTATAGACCTGCTCAACACCAGACAAGTGGCCAAGTATTGAGTAA  
TGGAAATACTGCAGGGGCTATTGGCTCAGCAGCTGCAGCACAAATGGCTGCTGCAACAGG  
AGTCCCTCAGTCTACTTGGGAACATATTATTGCCCGTGAATCAAATGGTAATCCTAATGT  
TGCTAATGCCTCAGGAGCTTCAGGACTTTTCCAAACGATGCCAGGTTGGGGTTCAACAGC  
TACAGTTACAGGATCAAGTTAATTCAGCTATTAAAGCTT

**SEQ ID NO. 3009: SAG2147 FROM THE M732 GBS TYPE III STRAIN  
(REVERSE COMPLEMENT)**

AAAAGTTCACAAGTTACTACTGAATCTTTGTCAAAAAGCAGATAAAAGTTTCGCGTAGC  
CAAAAATCAAAAATGACTAAGGCGACATCTAAATCAAAGTAGAAGATGTAAAACAGGC  
TCCAAAACCTTCTCAGGCATCTAATGAAGCCCCAAATCAAGTTCTCAATCTACAGAAGC  
TAATTTCTCAGCAACAAGTTACTGCGAGTGAAGAGGCGGCTGTAGAACAAGCAGTTGTAAC  
AGAAAATACCCCTGCTACCAGTCAGGCACAACAACTTATGCTGTTACTGAGACAACTTA  
CAAACCTGCTCAACACCAGACAAGTGGCCAAGTATTGAGCAATGGAAATACTGCAGGGGC  
GGTCGGATCTGCTGCTGCAGCACAAATGGCTGCTGCAACAGGAGTCCCTCAGTCTACTTG  
GGAACATATTATTGCCCGTGAATCAAATGGTAATCCTAATGTTGCTAATGCCTCAGGAGC  
TTCAGGACTTTTCCAAACGATGCCAGGTTGGGGTTCAACAGCTACAGTTACAGGATCAAGT  
TAATTCAGCTATTAAAGCTTATCGTGCTCAAGGTTTATCAGCTTGGGGTTA

**Table 30: Comparative Sequences relating to SAG2147  
(protein of unknown function / lipoprotein, putative)**

SEQ ID NO. 3010: SAG2147 FROM THE M781 GBS TYPE III STRAIN

(REVERSE COMPLEMENT)

GTAACCCCAAGCTGATAAACCTTGAGCACGATAAGCTTTAATAGCTGAATTAACCTTGATC  
CTGAAGTGTAGCTGTTGAACCCCAACCTGGCATCGTTTGGAAAAGTCCTGAAGCTCCTGA  
GGCATTAGCAACATTAGGATTACCATTTGATTACAGGGCAATAATATGTTCCCAAGTAGA  
CTGAGGGACTCCTGTTGCAGCAGCCATTTGTGCTGCAGCAGCAGATCCGACCGCCCCGTC  
AGTATTTCCATTGCTCAATACTTGGCCACTTGTCTGGTGTGAGCAGGTTTGTAAGTTGT  
CTCAGTAACAGCATAAGTTTGTGTGCTGACTGGTAGCAGGGGTATTTCTGTTACAAC  
TGCTTGTTCTACAGCCGCCTCTTCACTCGCAGTAACCTGTTGCTGAGAATTAGCTTCTGT  
AGATTGAGAACTTGATTTTGGGGCTTCATTAGATGCCTGAGAAGGTTTGGAGCCTGTTT  
TACATCTTCTACTTTTGATTTAGATGTCGCCTTAGTCATTTTGTATTTTGGCTACGCG  
AACTTTATCTGCTTTTGACAAAGA

SEQ3001 -----  
SEQ3002 -----  
SEQ3003 -----  
SEQ3004 -----  
SEQ3005 AGGCGACATCTAAATCAAAAGTAGAAGATGTAAAACAGGCTCCAAAACCTTCTCAGGCA  
SEQ3007 -----  
SEQ3008 -----  
SEQ3009 -----  
SEQ3010 -----

SEQ3001 -----  
SEQ3002 -----  
SEQ3003 -----  
SEQ3004 -----  
SEQ3005 CTAATGAAGCCCCAAAATCAAGTTCTCAATCTACAGAAGCTAATTCTCAGCAACAAGTT  
SEQ3007 -----  
SEQ3008 -----  
SEQ3009 -----  
SEQ3010 -----

SEQ3001 -----  
SEQ3002 -----  
SEQ3003 -----  
SEQ3004 -----  
SEQ3005 CTGCGAGTGAAGAGGCAGCTGTAGAACAAGCAGTTGTAAACAGAAAACACCCCTGCTACC  
SEQ3007 -----  
SEQ3008 -----  
SEQ3009 -----  
SEQ3010 -----

SEQ3001 -----  
SEQ3002 -----  
SEQ3003 -----  
SEQ3004 -----  
SEQ3005 GTCAGGCACAACAAGCTTATGCTGTTACTGAGACAACCTATAGACCTGCTCAACACCAG  
SEQ3007 -----  
SEQ3008 -----  
SEQ3009 -----  
SEQ3010 -----

SEQ3001 -----  
SEQ3002 -----  
SEQ3003 -----  
SEQ3004 -----  
SEQ3005 CAAGTGGCCAAGTATTGAGTAATGGAAATACTGCAGGGGCTATTGGCTCAGCAGCTGCA  
SEQ3007 -----  
SEQ3008 -----  
SEQ3009 -----  
SEQ3010 -----

**Table 30: Comparative Sequences relating to SAG2147  
(protein of unknown function / lipoprotein, putative)**

SEQ3001	-----
SEQ3002	-----
SEQ3003	-----
SEQ3004	-----
SEQ3005	CACAAATGGCTGCTGCAACAGGAGTCCCTCAGTCTACTTGGGAACATATTATTGCCCGT
SEQ3007	-----
SEQ3008	-----
SEQ3009	-----
SEQ3010	-----
SEQ3001	-----
SEQ3002	-----
SEQ3003	-----
SEQ3004	-----
SEQ3005	AATCAAATGGTAATCCTAATGTTGCTAATGCCTCAGGAGCTTCAGGACTTTTCCAAACG
SEQ3007	-----
SEQ3008	-----
SEQ3009	-----
SEQ3010	-----
SEQ3001	-----
SEQ3002	-----
SEQ3003	-----
SEQ3004	-----
SEQ3005	TGCCAGGTTGGGGTTCAACAGCTACAGTTCAGAATCAAGTTAATTCAGCTATTAAAGCT
SEQ3007	-----
SEQ3008	-----
SEQ3009	-----
SEQ3010	-----
SEQ3001	AAAGTTCACAAGTTACTACTGAATCTTTGTCAAAAGCAGATAAAAGTTCGCGTAGCCAAA
SEQ3002	AAAGTTCACAAGTTACTACTGAATCTTTGTCAAAAGCAGATAAAAGTTCGCGTAGCCAAA
SEQ3003	AAAGTTCACAAGTTACTACTGAATCTTTGTCAAAAGCAGATAAAAGTTCGCGTAGCCAAA
SEQ3004	-----TAGCCAAA
SEQ3005	ATCGTGCTCAAGGTTTATCASAATCTTTGTCAAAAGCAGATAAAAGTTCGCGTAGCCAAA
SEQ3007	AAAGTTCACAAGTTACTACTGAATCTTTGTCAAAAGCAGATAAAAGTTCGCGTAGCCAAA
SEQ3008	AAAGTTCACAAGTTACTACTGAATCTTTGTCAAAAGCAGATAAAAGTTCGCGTAGCCAAA
SEQ3009	AAAGTTCACAAGTTACTACTGAATCTTTGTCAAAAGCAGATAAAAGTTCGCGTAGCCAAA
SEQ3010	-----GTAACCCCAAGCTGA---TAAACCTTGAGCACGATAAGCTTTAATAGTCTGAA
SEQ3001	AATCAAAAATGACTAAGGCGACATCTAAATCAAAAGTAGAAGATGTAAAACAGGCTCCA
SEQ3002	AATCAAAAATGACTAAGGCGACATCTAAATCAAAAGTAGAAGATGTAAAACAGGCTCCA
SEQ3003	AATCAAAAATGACTAAGGCGACATCTAAATCAAAAGTAGAAGATGTAAAACAGGCTCCA
SEQ3004	AATCAAAAATGATTAAAGGCGACATCTAAATCAAAAGTAGAAGATGTAAAACAGGCTCCA
SEQ3005	AATCAAAAATGACTAAGGCGACATCTAAATCAAAAGTAGAAGATGTAAAACAGGCTCCA
SEQ3007	AATCAAAAATGACTAAGGCGACATCTAAATCAAAAGTAGAAGATGTAAAACAGGCTCCA
SEQ3008	AATCAAAAATGACTAAGGCGACATCTAAATCAAAAGTAGAAGATGTAAAACAGGCTCCA
SEQ3009	AATCAAAAATGACTAAGGCGACATCTAAATCAAAAGTAGAAGATGTAAAACAGGCTCCA
SEQ3010	TAACTTGATCCTGAACGTAGCTGTTGAACCCCAACCTGGCATCGTTTGGAAAAGTCTCT
SEQ3001	AACCTTCTCAGGCATCTAATGAAGTCCCAAAATCAAGTTCTCAATCTACAGAAGCTAAT
SEQ3002	AACCTTCTCAGGCATCTAATGAAGCCCCCAAAATCAAGTTCTCAATCTACAGAAGCTAAT
SEQ3003	AACCTTCTCAGGCATCTAATGAAGCCCCCAAAATCAAGTTCTCAATCTACAGAAGCTAAT
SEQ3004	AACCTTCTCAGGCATCTAATGAAGCCCCCAAAATCAAGTTCTCAATCTACAGAAGCTAAT
SEQ3005	AACCTTCTCAGGCATCTAATGAAGCCCCCAAAATCAAGTTCTCAATCTACAGAAGCTAAT
SEQ3007	AACCTTCTCAGGCATCTAATGAAGCCCCCAAAATCAAGTTCTCAATCTACAGAAGCTAAT
SEQ3008	AACCTTCTCAGGCATCTAATGAAGCCCCCAAAATCAAGTTCTCAATCTACAGAAGCTAAT
SEQ3009	AACCTTCTCAGGCATCTAATGAAGCCCCCAAAATCAAGTTCTCAATCTACAGAAGCTAAT
SEQ3010	AAGCTCCTGAGGCATT---AGCAACATTAGGATTAC-CATTTGATTACGGGCAATAAT
SEQ3001	TCTCAGCAACAAGTTACTGCGAGTGAAGAGGCGGCTGTAGAACAAGCAGTTGTAAACAGA
SEQ3002	TCTCAGCAACAAGTTACTGCGAGTGAAGAGGCGAGCTGTAGAACAAGCAGTTGTAAACAGA
SEQ3003	TCTCAGCAACAAGTTACTGCGAGTGAAGAGGCGAGCTGTAGAACAAGCAGTTGTAAACAGA
SEQ3004	TCTCAGCAACAAGTTACTGCGAGTGAAGAGGCGAGCTGTAGAACAAGCAGTTGTAAACAGA
SEQ3005	TCTCAGCAACAAGTTACTGCGAGTGAAGAGGCGAGCTGTAGAACAAGCAGTTGTAAACAGA
SEQ3007	TCTCAGCAACAAGTTACTGCGAGTGAAGAGGCGGCTGTAGAACAAGCAGTTGTAAACAGA
SEQ3008	TCTCAGCAACAAGTTACTGCGAGTGAAGAGGCGAGCTGTAGAACAAGCAGTTGTAAACAGA
SEQ3009	TCTCAGCAACAAGTTACTGCGAGTGAAGAGGCGGCTGTAGAACAAGCAGTTGTAAACAGA
SEQ3010	TGTTCCCAAGTAGACTGAGGGACTCCTGTTGACAGCAGCCATTTGTGCTGCAGCAGCAGA

**Table 30: C mparative Sequences relating to SAG2147  
(protein of unknown function / lipoprotein, putative)**

SEQ3001	--AAATACCCCTGCTACCAAGTCAGGCACAACAACTTATGCTGTTACTGAGACAACTTA
SEQ3002	--AAACACCCCTGCTACCAAGTCAGGCACAACAACTTATGCTGTTACTGAGACAACTTA
SEQ3003	--AAACACCCCTGCTACCAAGTCAGGCACAACAACTTATGCTGTTACTGAGACAACTTA
SEQ3004	--AAACACCCCTGCTACCAAGTCAGGCACAACAACTTATGCTGTTACTGAGACAACTTA
SEQ3005	--AAACACCCCTGCTACCAAGTCAGGCACAACAACTTATGCTGTTACTGAGACAACTTA
SEQ3007	--AAATACCCCTGCTACCAAGTCAGGCACAACAACTTATGCTGTTACTGAGACAACTTA
SEQ3008	--AAACACCCCTGCTACCAAGTCAGGCACAACAACTTATGCTGTTACTGAGACAACTTA
SEQ3009	--AAATACCCCTGCTACCAAGTCAGGCACAACAACTTATGCTGTTACTGAGACAACTTA
SEQ3010	CCGACCGCCCTGCAGTATTTCCATTGCTCAATACTTG-GCCACTTGCTGCTGGTGTGAG
SEQ3001	AAACCTGCTCAACACCAGACAAGTGGC-CAAGTATTGAGCAATGGAAATACTGCAGGGG
SEQ3002	AGACCTGCTCAACACCAGACAAGTGGC-CAAGTATTGAGTAATGGAAATACTGCAGGGG
SEQ3003	AGACCTGCTCAACACCAGACAAGTGGC-CAAGTATTGAGTAATGGAAATACTGCAGGGG
SEQ3004	AGACCTGCTCAACACCAGACAAGTGGC-CAAGTATTGAGTAATGGAAATACTGCAGGGG
SEQ3005	AGACCTGCTCAACACCAGACAAGTGGC-CAAGTATTGAGTAATGGAAATACTGCAGGGG
SEQ3007	AAACCTGCTCAACACCAGACAAGTGGC-CAAGTATTGAGCAATGGAAATACTGCAGGGG
SEQ3008	AGACCTGCTCAACACCAGACAAGTGGC-CAAGTATTGAGTAATGGAAATACTGCAGGGG
SEQ3009	AAACCTGCTCAACACCAGACAAGTGGC-CAAGTATTGAGCAATGGAAATACTGCAGGGG
SEQ3010	AGGTTTGTAAAGTTGTCTCAGTAACAGCATAAGTTTGTGTGCTGACTGGTAGCAGGGG
SEQ3001	GGTCGGATCTGCTGCTGCAGCACAATGGCTGCTGCAACAGGAGTCCCTCAGTCTACTT
SEQ3002	TATTGGCTCAGCAGCTGCAGCACAATGGCTGCTGCAACAGGAGTCCCTCAGTCTACTT
SEQ3003	TATTGGCTCAGCAGCTGCAGCACAATGGCTGCTGCAACAGGAGTCCCTCAGTCTACTT
SEQ3004	TATTGGCTCAGCAGCTGCAGCACAATGGCTGCTGCAACAGGAGTCCCTCAGTCTACTT
SEQ3005	TATTGGCTCAGCAGCTGCAGCACAATGGCTGCTGCAACAGGAGTCCCTCAGTCTACTT
SEQ3007	GGTCGGATCTGCTGCTGCAGCACAATGGCTGCTGCAACAGGAGTCCCTCAGTCTACTT
SEQ3008	TATTGGCTCAGCAGCTGCAGCACAATGGCTGCTGCAACAGGAGTCCCTCAGTCTACTT
SEQ3009	GGTCGGATCTGCTGCTGCAGCACAATGGCTGCTGCAACAGGAGTCCCTCAGTCTACTT
SEQ3010	A-TTT--TCTGTTACAAGTCTGTTGTTTACAGCCGCTCTTCACTCGCAGTAAGTTGTT
SEQ3001	GGGAACATATTATTGCCCGTGAATCAAATGGTAATCCTAATGTTGCTAATGCCTCAGGAG
SEQ3002	GGGAACATATTATTGCCCGTGAATCAAATGGTAATCCTAATGTTGCTAATGCCTCAGGAG
SEQ3003	GGGAACATATTATTGCCCGTGAATCAAATGGTAATCCTAATGTTGCTAATGCCTCAGGAG
SEQ3004	GGGAACATATTATTGCCCGTGAATCAAATGGTAATCCTAATGTTGCTAATGCCTCAGGAG
SEQ3005	GGGAACATATTATTGCCCGTGAATCAAATGGTAATCCTAATGTTGCTAATGCCTCAGGAG
SEQ3007	GGGAACATATTATTGCCCGTGAATCAAATGGTAATCCTAATGTTGCTAATGCCTCAGGAG
SEQ3008	GGGAACATATTATTGCCCGTGAATCAAATGGTAATCCTAATGTTGCTAATGCCTCAGGAG
SEQ3009	GGGAACATATTATTGCCCGTGAATCAAATGGTAATCCTAATGTTGCTAATGCCTCAGGAG
SEQ3010	GCTGAGA-ATTAGCTTCTGTAGATTGAG---AA--CTTGATTTTGGGGCTTCATTAGATG
SEQ3001	CTTCAGGACTTTTCCAAACGATGCCAGGTTGGGGTTCAACAGCTACAGTTCAGGATCAAG
SEQ3002	CTTCAGGACTTTTCCAAACGATGCCAGGTTGGGGTTCAACAGCTACAGTTCAGGATCAAG
SEQ3003	CTTCAGGACTTTTCCAAACGATGCCAGGTTGGGGTTCAACAGCTACAGTTCAGGATCAAG
SEQ3004	CTTCAGGACTTTTCCAAACGATGCCAGGTTGGGGTTCAACAGCTACAGTTCAGGATCAAG
SEQ3005	CTTCAGGACTTTTCCAAACGATGCCAGGTTGGGGTTCAACAGCTACAGTTCAGGATCAAG
SEQ3007	CTTCAGGACTTTTCCAAACGATGCCAGGTTGGGGTTCAACAGCTACAGTTCAGGATCAAG
SEQ3008	CTTCAGGACTTTTCCAAACGATGCCAGGTTGGGGTTCAACAGCTACAGTTCAGGATCAAG
SEQ3009	CTTCAGGACTTTTCCAAACGATGCCAGGTTGGGGTTCAACAGCTACAGTTCAGGATCAAG
SEQ3010	CCTGAGAAGGTTTTT-----GGAGCCTGTTTACATCTTCTACTTTTGATTAGATGTCG
SEQ3001	TAATTCAGCTATTAAAGCTTATCGTGCTCAAGGTTTATCAGCTTGGGGTTAC--
SEQ3002	TAATTCAGCTATTAAAGCTTATCGTGCTCAAGGTTTATCAGCTTGGGGTTAC--
SEQ3003	TAATTCAGCTATTAAAGCTTATCGTGCTCAAGGTTTATCAGCTTGGGGTTAC--
SEQ3004	-----
SEQ3005	TAATTCAGCTATTAAAGCTTATCGTGCTCAAGGTTTATCAGCTTGGGGTTAC--
SEQ3007	TAATTCAGCTATTAAAGCTTATCGTGCTCAAGGTTTATCAGCTTGGGGTTAC--
SEQ3008	TAATTCAGCTATTAAAGCTT-----
SEQ3009	TAATTCAGCTATTAAAGCTTATCGTGCTCAAGGTTTATCAGCTTGGGGTTA--
SEQ3010	TTAGTCA-TTTTGTATTTTGGGCTACGCGAATTTATCTGCTTTTGACAAAGA

**Table 30: Comparative Sequences relating to SAG2147  
(protein of unknown function / lipoprotein, putative)**

>SEQ ID NO 3050: 25\_1169NT frame: 1  
KSSQVTTESLSKADKVRVAKKSKMTKATSKSKVEDVKQAPKPSQASNEVPKSSSQSTEAN  
SQQQVTASEEAAVEQAVVTENTPATSAQQQTYAVTETTYKPAQHQTSGQVLSNGNTAGAV  
GSAAAAQMAAATGVPQSTWEHIIARESNNGNPNVANASGASGLFQTMPGWGSTATVQDQVN  
SAIKAYRAQGLSAWGY

>SEQ ID NO 3051: 25\_18RS21 frame: 1  
KSSQVTTESLSKADKVRVAKKSKMTKATSKSKVEDVKQAPKPSQASNEAPKSSSQSTEAN  
SQQQVTASEEAAVEQAVVTENTPATSAQQQYAVTETTYRPAQHQTSGQVLSNGNTAGAI  
GSAAAAQMAAATGVPQSTWEHIIARESNNGNPNVANASGASGLFQTMPGWGSTATVQDQVN  
SAIKAYRAQGLSAWGY

>SEQ ID NO 3052: 25\_2603 frame: 1  
KSSQVTTESLSKADKVRVAKKSKMTKATSKSKVEDVKQAPKPSQASNEAPKSSSQSTEAN  
SQQQVTASEEAAVEQAVVTENTPATSAQQQYAVTETTYRPAQHQTSGQVLSNGNTAGAI  
GSAAAAQMAAATGVPQSTWEHIIARESNNGNPNVANASGASGLFQTMPGWGSTATVQDQVN  
SAIKAYRAQGLSAWGY

>SEQ ID NO 3053: 25\_090 frame: 3  
AKKSKMIKATSKSKVEDVKQAPKPSQASNEAPKSSSQSTEANSQQQVTASEEAAVEQAVV  
TENTPATSAQQQYAVTETTYRPAQHQTSGQVLSNGNTAGAI GSAAAAQMAAATGVPQST  
WEHIIARESNNGNPNVANASGASGLFQTMPGWGSTATVQ

>SEQ ID NO 3054: 25\_A909 frame: 1  
KATSKSKVEDVKQAPKPSQASNEAPKSSSQSTEANSQQQVTASEEAAVEQAVVTENTPAT  
SAQQQYAVTETTYRPAQHQTSGQVLSNGNTAGAI GSAAAAQMAAATGVPQSTWEHIIAR  
ESNNGNPNVANASGASGLFQTMPGWGSTATVQNVNSAIKAYRAQGLS

>SEQ ID NO 3055: 25\_CJB110 frame: 3  
SLSKADKVRVAKKSKMTKATSKSKVEDVKQAPKPSQASNEAPKSSSQSTEANSQQQVTAS  
EEAAVEQAVVTENTPATSAQQQYAVTETTYRPAQHQTSGQVLSNGNTAGAI GSAAAAQMA  
AATGVPQSTWEHIIARESNNGNPNVANASGASGLFQTMPGWGSTATVQDQVNSAIKAYRA  
QGLSAWGY

>SEQ ID NO 3056: 25\_COH1 frame: 1  
KSSQVTTESLSKADKVRVAKKSKMTKATSKSKVEDVKQAPKPSQASNEAPKSSSQSTEAN  
SQQQVTASEEAAVEQAVVTENTPATSAQQQTYAVTETTYKPAQHQTSGQVLSNGNTAGAV  
GSAAAAQMAAATGVPQSTWEHIIARESNNGNPNVANASGASGLFQTMPGWGSTATVQDQVN  
SAIKAYRAQGLSAWGY

>SEQ ID NO 3057: 25\_H36B frame: 1  
KSSQVTTESLSKADKVRVAKKSKMTKATSKSKVEDVKQAPKPSQASNEAPKSSSQSTEAN  
SQQQVTASEEAAVEQAVVTENTPATSAQQQYAVTETTYRPAQHQTSGQVLSNGNTAGAI  
GSAAAAQMAAATGVPQSTWEHIIARESNNGNPNVANASGASGLFQTMPGWGSTATVQDQVN  
SAIKA

>SEQ ID NO 3058: 25\_M732 frame: 1  
KSSQVTTESLSKADKVRVAKKSKMTKATSKSKVEDVKQAPKPSQASNEAPKSSSQSTEAN  
SQQQVTASEEAAVEQAVVTENTPATSAQQQTYAVTETTYKPAQHQTSGQVLSNGNTAGAV  
GSAAAAQMAAATGVPQSTWEHIIARESNNGNPNVANASGASGLFQTMPGWGSTATVQDQVN  
SAIKAYRAQGLSAWGY

>SEQ ID NO 3059: 25\_M781 frame: 4  
SLSKADKVRVAKKSKMTKATSKSKVEDVKQAPKPSQASNEAPKSSSQSTEANSQQQVTAS  
EEAAVEQAVVTENTPATSAQQQTYAVTETTYKPAQHQTSGQVLSNGNTAGAV GSAAAAQMA  
AATGVPQSTWEHIIARESNNGNPNVANASGASGLFQTMPGWGSTATVQDQVNSAIKAYRA  
QGLSAWGY

SEQ3050	SSQVTTESLSKADKVRVAKKSKMTKATSKSKVEDVKQAPKPSQASNEVPKSSSQSTEAN
SEQ3051	SSQVTTESLSKADKVRVAKKSKMTKATSKSKVEDVKQAPKPSQASNEAPKSSSQSTEAN
SEQ3052	SSQVTTESLSKADKVRVAKKSKMTKATSKSKVEDVKQAPKPSQASNEAPKSSSQSTEAN
SEQ3053	-----AKKSKMIKATSKSKVEDVKQAPKPSQASNEAPKSSSQSTEAN
SEQ3054	-----KATSKSKVEDVKQAPKPSQASNEAPKSSSQSTEAN
SEQ3055	-----SLSKADKVRVAKKSKMTKATSKSKVEDVKQAPKPSQASNEAPKSSSQSTEAN
SEQ3056	SSQVTTESLSKADKVRVAKKSKMTKATSKSKVEDVKQAPKPSQASNEAPKSSSQSTEAN
SEQ3057	SSQVTTESLSKADKVRVAKKSKMTKATSKSKVEDVKQAPKPSQASNEAPKSSSQSTEAN
SEQ3058	SSQVTTESLSKADKVRVAKKSKMTKATSKSKVEDVKQAPKPSQASNEAPKSSSQSTEAN
SEQ3059	-----SLSKADKVRVAKKSKMTKATSKSKVEDVKQAPKPSQASNEAPKSSSQSTEAN

**Table 30: Comparative Sequences relating to SAG2147  
(protein of unknown function / lipoprotein, putative)**

SEQ3050	SQQQVTASEEAAVEQAVVTENTPATSAQQQTYAVTETTYKPAQHQTSGQVLSNGNTAGAV
SEQ3051	SQQQVTASEEAAVEQAVVTENTPATSAQQQAYAVTETTYRPAQHQTSGQVLSNGNTAGAI
SEQ3052	SQQQVTASEEAAVEQAVVTENTPATSAQQQAYAVTETTYRPAQHQTSGQVLSNGNTAGAI
SEQ3053	SQQQVTASEEAAVEQAVVTENTPATSAQQQAYAVTETTYRPAQHQTSGQVLSNGNTAGAI
SEQ3054	SQQQVTASEEAAVEQAVVTENTPATSAQQQAYAVTETTYRPAQHQTSGQVLSNGNTAGAI
SEQ3055	SQQQVTASEEAAVEQAVVTENTPATSAQQQAYAVTETTYRPAQHQTSGQVLSNGNTAGAI
SEQ3056	SQQQVTASEEAAVEQAVVTENTPATSAQQQTYAVTETTYKPAQHQTSGQVLSNGNTAGAV
SEQ3057	SQQQVTASEEAAVEQAVVTENTPATSAQQQAYAVTETTYRPAQHQTSGQVLSNGNTAGAI
SEQ3058	SQQQVTASEEAAVEQAVVTENTPATSAQQQTYAVTETTYKPAQHQTSGQVLSNGNTAGAV
SEQ3059	SQQQVTASEEAAVEQAVVTENTPATSAQQQTYAVTETTYKPAQHQTSGQVLSNGNTAGAV
SEQ3050	GSAAAAQMAAATGVPQSTWEHI IARESNNGNPNVANASGASGLFQTMPGWGSTATVQDQVN
SEQ3051	GSAAAAQMAAATGVPQSTWEHI IARESNNGNPNVANASGASGLFQTMPGWGSTATVQDQVN
SEQ3052	GSAAAAQMAAATGVPQSTWEHI IARESNNGNPNVANASGASGLFQTMPGWGSTATVQDQVN
SEQ3053	GSAAAAQMAAATGVPQSTWEHI IARESNNGNPNVANASGASGLFQTMPGWGSTATVQDQVN
SEQ3054	GSAAAAQMAAATGVPQSTWEHI IARESNNGNPNVANASGASGLFQTMPGWGSTATVQDQVN
SEQ3055	GSAAAAQMAAATGVPQSTWEHI IARESNNGNPNVANASGASGLFQTMPGWGSTATVQDQVN
SEQ3056	GSAAAAQMAAATGVPQSTWEHI IARESNNGNPNVANASGASGLFQTMPGWGSTATVQDQVN
SEQ3057	GSAAAAQMAAATGVPQSTWEHI IARESNNGNPNVANASGASGLFQTMPGWGSTATVQDQVN
SEQ3058	GSAAAAQMAAATGVPQSTWEHI IARESNNGNPNVANASGASGLFQTMPGWGSTATVQDQVN
SEQ3059	GSAAAAQMAAATGVPQSTWEHI IARESNNGNPNVANASGASGLFQTMPGWGSTATVQDQVN
SEQ3050	AIKAYRAQQLSAWGY
SEQ3051	AIKAYRAQQLSAWGY
SEQ3052	AIKAYRAQQLSAWGY
SEQ3053	-----
SEQ3054	AIKAYRAQQLS----
SEQ3055	AIKAYRAQQLSAWGY
SEQ3056	AIKAYRAQQLSAWGY
SEQ3057	AIKA-----
SEQ3058	AIKAYRAQQLSAWG-
SEQ3059	AIKAYRAQQLSAWGY



**Table 31: Comparative Sequences relating to SAG2148  
(LysM domain protein)**

**SEQ ID NO. 3101: SAG2148 FROM THE 1169NT1 GBS TYPE V STRAIN**

GCATCTTATACCGTGAAATCAGGTGATACCTTATCAGCTATTGCTAAAAATCATAAACTACGGTACAAGAGTTAGTG  
TCTCTCAATAGTATCAGTAACGCTGATGTGCATCAGTATAGGTGATGTTTTAAAAATTGGATAATTCTACAGCTAGTCAA  
GCAGAAGCAAAATCTCAACCAACAATTGAAAATTCAATGAATTCCTCATCAAATTTGAGTTCAAGTGATTTCAGCTGCA  
AAAGAAGAAATAGCTCGTCGTGAATCAAATGGTAGTTTACTGCACAGAATGGACAATATTATGGAAGATATCAACTG  
TCTCAATCTTACCTAAATGGCGACTTATCTCCTGAAAATCAAGAAAAAGTAGCGGACAATTATGTGGCTTCTCGTTAC  
GGATCTTGGTCGGCAGCGCTATCATTTTGAATAGTAACGGCTGGTAT

**SEQ ID NO. 3102: SAG2148 FROM THE 18RS21 GBS TYPE II STRAIN**

GCATCTTATACCGTGAAATCAGGTGATACCTTATCAGCTATTGCTAAAAATCATAAACTACGGTACAAGAGTTAGTG  
TCTCTCAATAGTATCAGTAACGCTGATGTGCATCAGTATAGGTGATGTTTTAAAAATTGGATAATTCTACAGCTAGTCAA  
GCAGAAGCAAAATCTCAACCAACAATTGAAAATTCAATGAATTCCTCATCAAATTTGAGTTCAAGTGATTTCAGCCGCA  
AAAGAAGAAATAGCTCGTCGTGAATCAAATGGTAGTTTACTGCACAGAATGGACAATATTATGGAAGATATCAACTG  
TCTCAATCTTACCTAAATGGCGACTTATCTCCTGAAAATCAAGAAAAAGTAGCGGACAATTATGTGGTTTCTCGTTAC  
GGATCTTGGTCGGCAGCGCTATCATTTTGAATAGTAACGGCTGGTAT

**SEQ ID NO. 3103: SAG2148 FROM THE 2603 V/R GBS TYPE V STRAIN**

GCATCTTATACCGTGAAATCAGGTGATACCTTATCAGCTATTGCTAAAAATCATAAACTACGGTACAAGAGTTAGTG  
TCTCTCAATAGTATCAGTAACGCTGATGTGCATCAGTATAGGTGATGTTTTAAAAATTGGATAATTCTACAGCTAGTCAA  
GCAGAAGCAAAATCTCAACCAACAATTGAAAATTCAATGAATTCCTCATCAAATTTGAGTTCAAGTGATTTCAGCCGCA  
AAAGAAGAAATAGCTCGTCGTGAATCAAATGGTAGTTTACTGCACAGAATGGACAATATTATGGAAGATATCAACTG  
TCTCAATCTTACCTAAATGGCGACTTATCTCCTGAAAATCAAGAAAAAGTAGCGGACAATTATGTGGTTTCTCGTTAC  
GGATCTTGGTCGGCAGCGCTATCATTTTGAATAGTAACGGCTGGTAT

**SEQ ID NO. 3104: SAG2148 FROM THE 090 GBS TYPE Ia STRAIN**

GCATCTTATACCGTGAAATCAGGTGATACCTTATCAGCTATTGCTAAAAATCATAAACTACGGTACAAGAGTTAGTG  
TCTCTCAATAGTATCAGTAACGCTGATGTGCATCAGTATAGGTGATGTTTTAAAAATTGGATAATTCTAAAGCTAGTCAA  
GCAGAAGCAAAATCTCAACCAACAATTGAAAATTCAATGAATTCCTCATCAAATTTGAGTTCAAGTGATTTCAGCCGCA  
AAAGAAGAAATAGCTCGTCGTGAATCAAATGGTAGTTTACTGCACAGAATGGACAATATTATGGAAGATATCAACTG  
TCTCAATCTTACCTAAATGGCGACTTATCTCCTGAAAATCAAGAAAAAGTAGCGGACAATTATGTGGTTTCTCGTTAC  
GGATCTTGGTCGGCAGCGCTATCATTTTGAATAGTAACGGCTGGTAT

**SEQ ID NO. 3105: SAG2148 FROM THE A909 GBS TYPE Ia STRAIN**

GCATCTTATACCGTGAAATCAGGTGATACCTTATCAGCTATTGCTAAAAATCATAAACTACGGTACAAGAGTTAGTG  
TCTCTCAATAGTATCAGTAACGCTGATGTGCATCAGTATAGGTGATGTTTTAAAAATTGGATAATTCTACAGCTAGTCAA  
GCAGAAGCAAAATCTCAACCAACAATTGAAAATTCAATGAATTCCTCATCAAATTTGAGTTCAAGTGATTTCAGCCGCA  
AAAGAAGAAATAGCTCGTCGTGAATCAAATGGTAGTTTACTGCACAGAATGGACAATATTATGGAAGATATCAACTG  
TCTCAATCTTACCTAAATGGCGACTTATCTCCTGAAAATCAAGAAAAAGTAGCGGACAATTATGTGGCTTCTCGTTAC  
GGATCTTGGTCGGCAGCGCTATCATTTTGAATAGTAACGGCTGGTAT

**SEQ ID NO. 3106: SAG2148 FROM THE CJB110 GBS NONTYPEABLE STRAIN**

GCATCTTATACCGTGAAATCAGGTGATACCTTATCAGCTATTGCTAAAAATCATAAACTACGGTACAAGAGTTAGTG  
TCTCTCAATAGTATCAGTAACGCTGATGTGCATCAGTATAGGTGATGTTTTAAAAATTGGATAATTCTAAAGCTAGTCAA  
GCAGAAGCAAAATCTCAACCAACAATTGAAAATTCAATGAATTCCTCATCAAATTTGAGTTCAAGTGATTTCAGCCGCA  
AAAGAAGAAATAGCTCGTCGTGAATCAAATGGTAGTTTACTGCACAGAATGGACAATATTATGGAAGATATCAACTG  
TCTCAATCTTACCTAAATGGCGACTTATCTCCTGAAAATCAAGAAAAAGTAGCGGACAATTATGTGGTTTCTCGTTAC  
GGATCTTGGTCGGCAGCGCTATCATTTTGAATAGTAACGGCTGGTAT

**SEQ ID NO. 3107: SAG2148 FROM THE COH1 GBS TYPE III STRAIN**

GCATCTTATACCGTGAAATCAGGTGATACCTTATCAGCTATTGCTAAAAATCATAAACTACGGTACAATAGTTAGTG  
TCTCTCAATAGTATCAGTAACGCTGATGTGCATCAGTATAGGTGATGTTTTAAAAATTGGATAATTCTACAGCTAGTCAA  
GCAGAAGCAAAATCTCAACCAACAATTGAAAATTCAATGAATTCCTCATCAAATTTGAGTTCAAGTGATTTCAGCTGCA  
AAAGAAGAAATAGCTCGTCGTGAATCAAATGGTAGTTTACTGCACAGAATGGACAATATTATGGAAGATATCAACTG  
TCTCAATCTTACCTAAATGGCGACTTATCTCCTGAAAATCAAGAAAAAGTAGCGGACAATTATGTGGCTTCTCGTTAC  
GGATCTTGGTCGGCAGCGCTATCATTTTGAATAGTAACGGCTGGTAT

**Table 31: Comparative Sequences relating to SAG2148  
(LysM domain protein)**

**SEQ ID NO. 3108: SAG2148 FROM THE H36b GBS TYPE Ib STRAIN**

(REVERSE COMPLEMENT)

GCATCTTATACCGTGAAATCAGGTGATACCTTATCAGCTATTGCTAAAAATCATAAACTACGGTACAAGAGTTAGTG  
TCTCTCAATAGTATCAGTAACGCTGATGTCATCAGTATAGGTGATGTTTTAAATTTGGATAATTCTACAGCTAGTCAA  
GCAGAAGCAAAATCTCAACCAACAATTGAAAATTCAATGAATTCCTCATCAAATTTGAGTTCAAGTGATTACAGCCGCA  
AAAGAAGAAATAGCTCGTCGTGAATCAAATGGTAGTTATATCTGCACAGAATGGACAATATTATGGAAGATATCAACTG  
TCTCAATCTTACCTAAATGGCGACTTATCTCCTGAAAATCAAGAAAAAGTAGCGGACAATTATGTGGCTTCTCGTTAC  
GGATCTTGGTCGGCAGCGCTATCATTTTGAATAGTAACGGCTGGTAT

**SEQ ID NO. 3109: SAG2148 FROM THE JM9130013 GBS TYPE VIII STRAIN**

(REVERSE COMPLEMENT)

GCATCTTATACCGTGAAATCAGGTGATACCTTATCAGCTATTGCTAAAAATCATAAACTACGGTACAAGAGTTAGTG  
TCTCTCAATAGTATCAGTAACGCTGACGTATCAGTATAGGTGATGTTTTAAATTTGGATAATTCTACAGCTAGTCAA  
GCAGAAGCAAAATCTCAACCAACAATTGAAAATTCAATGAATTCCTCATCAAATTTGAGTTCAAGTGATTACAGCCGCA  
AAAGAAGAAATAGCTCGTCGTGAATCAAATGGTAGTTATATCTGCACAGAATGGACAATATTATGGAAGATATCAACTG  
TCTCAATCTTACCTAAATGGCGACTTATCTCCTGAAAATCAAGAAAAAGTAGCGGACAATTATGTGGCTTCTCGTTAC  
GGATCTTGGTCGGCAGCGCTATCATTTTGAATAGTAACGGCTGGTAT

**SEQ ID NO. 3110: SAG2148 FROM THE M732 GBS TYPE III STRAIN**

GCATCTTATACCGTGAAATCAGGTGATACCTTATCAGCTATTGCTAAAAATCATAAACTACGGTACAATAGTTAGTG  
TCTCTCAATAGTATCAGTAACGCTGATGTCATCAGTATAGGTGATGTTTTAAATTTGGATAATTCTACAGCTAGTCAA  
GCAGAAGCAAAATCTCAACCAACAATTGAAAATTCAATGAATTCCTCATCAAATTTGAGTTCAAGTGATTACAGCTGCA  
AAAGAAGAAATAGCTCGTCGTGAATCAAATGGTAGTTATATCTGCACAGAATGGACAATATTATGGAAGATATCAACTG  
TCTCAATCTTACCTAAATGGCGACTTATCTCCTGAAAATCAAGAAAAAGTAGCGGACAATTATGTGGCTTCTCGTTAC  
GGATCTTGGTCGGCAGCGCTATCATTTTGAATAGTAACGGCTGGTAT

**SEQ ID NO. 3111: SAG2148 FROM THE M781 GBS TYPE III STRAIN**

(REVERSE COMPLEMENT)

GCATCTTATACCGTGAAATCAGGTGATACCTTATCAGCTATTGCTAAAAATCATAAACTACGGTACAATAGTTAGTG  
TCTCTCAATAGTATCAGTAACGCTGATGTCATCAGTATAGGTGATGTTTTAAATTTGGATAATTCTACAGCTAGTCAA  
GCAGAAGCAAAATCTCAACCAACAATTGAAAATTCAATGAATTCCTCATCAAATTTGAGTTCAAGTGATTACAGCTGCA  
AAAGAAGAAATAGCTCGTCGTGAATCAAATGGTAGTTATATCTGCACAGAATGGACAATATTATGGAAGATATCAACTG  
TCTCAATCTTACCTAAATGGCGACTTATCTCCTGAAAATCAAGAAAAAGTAGCGGACAATTATGTGGCTTCTCGTTAC  
GGATCTTGGTCGGCAGCGCTATCATTTTGAATAGTAACGGCTGGTAT

SEQ3101	GCATCTTATACCGTGAAATCAGGTGATACCTTATCAGCTATTGCTAAAAATCATAAACT
SEQ3102	GCATCTTATACCGTGAAATCAGGTGATACCTTATCAGCTATTGCTAAAAATCATAAACT
SEQ3103	GCATCTTATACCGTGAAATCAGGTGATACCTTATCAGCTATTGCTAAAAATCATAAACT
SEQ3104	GCATCTTATACCGTGAAATCAGGTGATACCTTATCAGCTATTGCTAAAAATCATAAACT
SEQ3105	GCATCTTATACCGTGAAATCAGGTGATACCTTATCAGCTATTGCTAAAAATCATAAACT
SEQ3106	GCATCTTATACCGTGAAATCAGGTGATACCTTATCAGCTATTGCTAAAAATCATAAACT
SEQ3107	GCATCTTATACCGTGAAATCAGGTGATACCTTATCAGCTATTGCTAAAAATCATAAACT
SEQ3108	GCATCTTATACCGTGAAATCAGGTGATACCTTATCAGCTATTGCTAAAAATCATAAACT
SEQ3109	GCATCTTATACCGTGAAATCAGGTGATACCTTATCAGCTATTGCTAAAAATCATAAACT
SEQ3110	GCATCTTATACCGTGAAATCAGGTGATACCTTATCAGCTATTGCTAAAAATCATAAACT
SEQ3111	GCATCTTATACCGTGAAATCAGGTGATACCTTATCAGCTATTGCTAAAAATCATAAACT

SEQ3101	ACGGTACAAGAGTTAGTGTCTCTCAATAGTATCAGTAACGCTGATGTCATCAGTATAGGT
SEQ3102	ACGGTACAAGAGTTAGTGTCTCTCAATAGTATCAGTAACGCTGATGTCATCAGTATAGGT
SEQ3103	ACGGTACAAGAGTTAGTGTCTCTCAATAGTATCAGTAACGCTGATGTCATCAGTATAGGT
SEQ3104	ACGGTACAAGAGTTAGTGTCTCTCAATAGTATCAGTAACGCTGATGTCATCAGTATAGGT
SEQ3105	ACGGTACAAGAGTTAGTGTCTCTCAATAGTATCAGTAACGCTGATGTCATCAGTATAGGT
SEQ3106	ACGGTACAAGAGTTAGTGTCTCTCAATAGTATCAGTAACGCTGATGTCATCAGTATAGGT
SEQ3107	ACGGTACAAGAGTTAGTGTCTCTCAATAGTATCAGTAACGCTGATGTCATCAGTATAGGT
SEQ3108	ACGGTACAAGAGTTAGTGTCTCTCAATAGTATCAGTAACGCTGATGTCATCAGTATAGGT
SEQ3109	ACGGTACAAGAGTTAGTGTCTCTCAATAGTATCAGTAACGCTGATGTCATCAGTATAGGT
SEQ3110	ACGGTACAAGAGTTAGTGTCTCTCAATAGTATCAGTAACGCTGATGTCATCAGTATAGGT
SEQ3111	ACGGTACAAGAGTTAGTGTCTCTCAATAGTATCAGTAACGCTGATGTCATCAGTATAGGT

**Table 31: Comparative Sequences relating to SAG2148  
(LysM domain protein)**

SEQ3101	GATGTTTTAAAATTGGATAATTCTACAGCTAGTCAAGCAGAAGCAAAATCTCAACCAACA
SEQ3102	GATGTTTTAAAATTGGATAATTCTACAGCTAGTCAAGCAGAAGCAAAATCTCAACCAACA
SEQ3103	GATGTTTTAAAATTGGATAATTCTACAGCTAGTCAAGCAGAAGCAAAATCTCAACCAACA
SEQ3104	GATGTTTTAAAATTGGATAATTCTAAAGCTAGTCAAGCAGAAGCAAAATCTCAACCAACA
SEQ3105	GATGTTTTAAAATTGGATAATTCTACAGCTAGTCAAGCAGAAGCAAAATCTCAACCAACA
SEQ3106	GATGTTTTAAAATTGGATAATTCTAAAGCTAGTCAAGCAGAAGCAAAATCTCAACCAACA
SEQ3107	GATGTTTTAAAATTGGATAATTCTACAGCTAGTCAAGCAGAAGCAAAATCTCAACCAACA
SEQ3108	GATGTTTTAAAATTGGATAATTCTACAGCTAGTCAAGCAGAAGCAAAATCTCAACCAACA
SEQ3109	GATGTTTTAAAATTGGATAATTCTACAACTAGTCAAGCAGAAGCAAAATCTCAACCAACA
SEQ3110	GATGTTTTAAAATTGGATAATTCTACAGCTAGTCAAGCAGAAGCAAAATCTCAACCAACA
SEQ3111	GATGTTTTAAAATTGGATAATTCTACAGCTAGTCAAGCAGAAGCAAAATCTCAACCAACA
SEQ3101	ATTGAAAATTCAATGAATTCTTCATCAAATTTGAGTTCAAGTGATTGAGCTGCAAAAGAA
SEQ3102	ATTGAAAATTCAATGAATTCTTCATCAAATTTGAGTTCAAGTGATTGAGCTGCAAAAGAA
SEQ3103	ATTGAAAATTCAATGAATTCTTCATCAAATTTGAGTTCAAGTGATTGAGCTGCAAAAGAA
SEQ3104	ATTGAAAATTCAATGAATTCTTCATCAAATTTGAGTTCAAGTGATTGAGCTGCAAAAGAA
SEQ3105	ATTGAAAATTCAATGAATTCTTCATCAAATTTGAGTTCAAGTGATTGAGCTGCAAAAGAA
SEQ3106	ATTGAAAATTCAATGAATTCTTCATCAAATTTGAGTTCAAGTGATTGAGCTGCAAAAGAA
SEQ3107	ATTGAAAATTCAATGAATTCTTCATCAAATTTGAGTTCAAGTGATTGAGCTGCAAAAGAA
SEQ3108	ATTGAAAATTCAATGAATTCTTCATCAAATTTGAGTTCAAGTGATTGAGCTGCAAAAGAA
SEQ3109	ATTGAAAATTCAATGAATTCTTCATCAAATTTGAGTTCAAGTGATTGAGCTGCAAAAGAA
SEQ3110	ATTGAAAATTCAATGAATTCTTCATCAAATTTGAGTTCAAGTGATTGAGCTGCAAAAGAA
SEQ3111	ATTGAAAATTCAATGAATTCTTCATCAAATTTGAGTTCAAGTGATTGAGCTGCAAAAGAA
SEQ3101	GAAATAGCTCGTCGTGAATCAAATGGTAGTTATACTGCACAGAATGGACAATATTATGGA
SEQ3102	GAAATAGCTCGTCGTGAATCAAATGGTAGTTATACTGCACAGAATGGACAATATTATGGA
SEQ3103	GAAATAGCTCGTCGTGAATCAAATGGTAGTTATACTGCACAGAATGGACAATATTATGGA
SEQ3104	GAAATAGCTCGTCGTGAATCAAATGGTAGTTATACTGCACAGAATGGACAATATTATGGA
SEQ3105	GAAATAGCTCGTCGTGAATCAAATGGTAGTTATACTGCACAGAATGGACAATATTATGGA
SEQ3106	GAAATAGCTCGTCGTGAATCAAATGGTAGTTATACTGCACAGAATGGACAATATTATGGA
SEQ3107	GAAATAGCTCGTCGTGAATCAAATGGTAGTTATACTGCACAGAATGGACAATATTATGGA
SEQ3108	GAAATAGCTCGTCGTGAATCAAATGGTAGTTATACTGCACAGAATGGACAATATTATGGA
SEQ3109	GAAATAGCTCGTCGTGAATCAAATGGTAGTTATACTGCACAGAATGGACAATATTATGGA
SEQ3110	GAAATAGCTCGTCGTGAATCAAATGGTAGTTATACTGCACAGAATGGACAATATTATGGA
SEQ3111	GAAATAGCTCGTCGTGAATCAAATGGTAGTTATACTGCACAGAATGGACAATATTATGGA
SEQ3101	AGATATCAACTGTCTCAATCTTACCTAAATGGCGACTTATCTCCTGAAAATCAAGAAAAA
SEQ3102	AGATATCAACTGTCTCAATCTTACCTAAATGGCGACTTATCTCCTGAAAATCAAGAAAAA
SEQ3103	AGATATCAACTGTCTCAATCTTACCTAAATGGCGACTTATCTCCTGAAAATCAAGAAAAA
SEQ3104	AGATATCAACTGTCTCAATCTTACCTAAATGGCGACTTATCTCCTGAAAATCAAGAAAAA
SEQ3105	AGATATCAACTGTCTCAATCTTACCTAAATGGCGACTTATCTCCTGAAAATCAAGAAAAA
SEQ3106	AGATATCAACTGTCTCAATCTTACCTAAATGGCGACTTATCTCCTGAAAATCAAGAAAAA
SEQ3107	AGATATCAACTGTCTCAATCTTACCTAAATGGCGACTTATCTCCTGAAAATCAAGAAAAA
SEQ3108	AGATATCAACTGTCTCAATCTTACCTAAATGGCGACTTATCTCCTGAAAATCAAGAAAAA
SEQ3109	AGATATCAACTGTCTCAATCTTACCTAAATGGCGACTTATCTCCTGAAAATCAAGAAAAA
SEQ3110	AGATATCAACTGTCTCAATCTTACCTAAATGGCGACTTATCTCCTGAAAATCAAGAAAAA
SEQ3111	AGATATCAACTGTCTCAATCTTACCTAAATGGCGACTTATCTCCTGAAAATCAAGAAAAA
SEQ3101	GTAGCGGACAATTATGTGGCTTCTCGTTACGGATCTTGGTGGCAGCGCTATCATTTTGG
SEQ3102	GTAGCGGACAATTATGTGGCTTCTCGTTACGGATCTTGGTGGCAGCGCTATCATTTTGG
SEQ3103	GTAGCGGACAATTATGTGGCTTCTCGTTACGGATCTTGGTGGCAGCGCTATCATTTTGG
SEQ3104	GTAGCGGACAATTATGTGGCTTCTCGTTACGGATCTTGGTGGCAGCGCTATCATTTTGG
SEQ3105	GTAGCGGACAATTATGTGGCTTCTCGTTACGGATCTTGGTGGCAGCGCTATCATTTTGG
SEQ3106	GTAGCGGACAATTATGTGGCTTCTCGTTACGGATCTTGGTGGCAGCGCTATCATTTTGG
SEQ3107	GTAGCGGACAATTATGTGGCTTCTCGTTACGGATCTTGGTGGCAGCGCTATCATTTTGG
SEQ3108	GTAGCGGACAATTATGTGGCTTCTCGTTACGGATCTTGGTGGCAGCGCTATCATTTTGG
SEQ3109	GTAGCGGACAATTATGTGGCTTCTCGTTACGGATCTTGGTGGCAGCGCTATCATTTTGG
SEQ3110	GTAGCGGACAATTATGTGGCTTCTCGTTACGGATCTTGGTGGCAGCGCTATCATTTTGG
SEQ3111	GTAGCGGACAATTATGTGGCTTCTCGTTACGGATCTTGGTGGCAGCGCTATCATTTTGG

**Table 31: Comparative Sequences relating to SAG2148  
(LysM domain protein)**

SEQ3101 AATAGTAACGGCTGGTAT  
 SEQ3102 AATAGTAACGGCTGGTAT  
 SEQ3103 AATAGTAACGGCTGGTAT  
 SEQ3104 AATAGTAACGGCTGGTAT  
 SEQ3105 AATAGTAACGGCTGGTAT  
 SEQ3106 AATAGTAACGGCTGGTAT  
 SEQ3107 AATAGTAACGGCTGGTAT  
 SEQ3108 AATAGTAACGGCTGGTAT  
 SEQ3109 AATAGTAACGGCTGGTAT  
 SEQ3110 AATAGTAACGGCTGGTAT  
 SEQ3111 AATAGTAACGGCTGGTAT

>SEQ ID NO 3150:15\_1169NT frame: 1  
 ASYTVKSGDTLSAIAKNHKTIVQELVSLNSISNADVISIGDVLKLDNSTASQAEAKSQPT  
 IENSMNSSSNLSSSDSAAKEEIIARRESNGSYTAQNGQYYGRYQLSQSYLNGDLSPENQEK  
 VADNYVASRYGWSAALSFWNSNGWY

>SEQ ID NO 3151:15\_18RS21 frame: 1  
 ASYTVKSGDTLSAIAKNHKTIVQELVSLNSISNADVISIGDVLKLDNSTASQAEAKSQPT  
 IENSMNSSSNLSSSDSAAKEEIIARRESNGSYTAQNGQYYGRYQLSQSYLNGDLSPENQEK  
 VADNYVVSRYGWSAALSFWNSNGWY

>SEQ ID NO 3152:15\_2603 frame: 1  
 ASYTVKSGDTLSAIAKNHKTIVQELVSLNSISNADVISIGDVLKLDNSTASQAEAKSQPT  
 IENSMNSSSNLSSSDSAAKEEIIARRESNGSYTAQNGQYYGRYQLSQSYLNGDLSPENQEK  
 VADNYVVSRYGWSAALSFWNSNGWY

>SEQ ID NO 3153:15\_090 frame: 1  
 ASYTVKSGDTLSAIAKNHKTIVQELVSLNSISNADVISIGDVLKLDNSKASQAEAKSQPT  
 IENSMNSSSNLSSSDSAAKEEIIARRESNGSYTAQNGQYYGRYQLSQSYLNGDLSPENQEK  
 VADNYVVSRYGWSAALSFWNSNGWY

>SEQ ID NO 3154:15\_A909 frame: 1  
 ASYTVKSGDTLSAIAKNHKTIVQELVSLNSISNADVISIGDVLKLDNSTASQAEAKSQPT  
 IENSMNSSSNLSSSDSAAKEEIIARRESNGSYTAQNGQYYGRYQLSQSYLNGDLSPENQEK  
 VADNYVASRYGWSAALSFWNSNGWY

>SEQ ID NO 3155:15\_CJB110 frame: 1  
 ASYTVKSGDTLSAIAKNHKTIVQELVSLNSISNADVISIGDVLKLDNSKASQAEAKSQPT  
 IENSMNSSSNLSSSDSAAKEEIIARRESNGSYTAQNGQYYGRYQLSQSYLNGDLSPENQEK  
 VADNYVVSRYGWSAALSFWNSNGWY

>SEQ ID NO 3156:15\_COH1 frame: 1  
 ASYTVKSGDTLSAIAKNHKTIVQ.LVSLNSISNADVISIGDVLKLDNSTASQAEAKSQPT  
 IENSMNSSSNLSSSDSAAKEEIIARRESNGSYTAQNGQYYGRYQLSQSYLNGDLSPENQEK  
 VADNYVASRYGWSAALSFWNSNGWY

>SEQ ID NO 3157:15\_H36B frame: 1  
 ASYTVKSGDTLSAIAKNHKTIVQELVSLNSISNADVISIGDVLKLDNSTASQAEAKSQPT  
 IENSMNSSSNLSSSDSAAKEEIIARRESNGSYTAQNGQYYGRYQLSQSYLNGDLSPENQEK  
 VADNYVASRYGWSAALSFWNSNGWY

>SEQ ID NO 3158:15\_JM9130013 frame: 1  
 ASYTVKSGDTLSAIAKNHKTIVQELVSLNSISNADVISIGDVLKLDNSTTSQAEAKSQPT  
 IENSMNSSSNLSSSDSAAKEEIIARRESNGSYTAQNGQYYGRYQLSQSYLNGDLSPENQEK  
 VADNYVASRYGWSAALSFWNSNGWY

>SEQ ID NO 3159:15\_M732 frame: 1  
 ASYTVKSGDTLSAIAKNHKTIVQ.LVSLNSISNADVISIGDVLKLDNSTASQAEAKSQPT  
 IENSMNSSSNLSSSDSAAKEEIIARRESNGSYTAQNGQYYGRYQLSQSYLNGDLSPENQEK  
 VADNYVASRYGWSAALSFWNSNGWY

>SEQ ID NO 3160:15\_M781 frame: 1  
 ASYTVKSGDTLSAIAKNHKTIVQ.LVSLNSISNADVISIGDVLKLDNSTASQAEAKSQPT  
 IENSMNSSSNLSSSDSAAKEEIIARRESNGSYTAQNGQYYGRYQLSQSYLNGDLSPENQEK  
 VADNYVASRYGWSAALSFWNSNGWY

**Table 31: Comparative Sequences relating to SAG2148  
(LysM domain protein)**

SEQ3150	ASYTVKSGDTLSAIAKNHKTTVQELVSLNSISNADVISIGDVLKLDNSTASQAEAKSQPT
SEQ3151	ASYTVKSGDTLSAIAKNHKTTVQELVSLNSISNADVISIGDVLKLDNSTASQAEAKSQPT
SEQ3152	ASYTVKSGDTLSAIAKNHKTTVQELVSLNSISNADVISIGDVLKLDNSTASQAEAKSQPT
SEQ3153	ASYTVKSGDTLSAIAKNHKTTVQELVSLNSISNADVISIGDVLKLDNSKASQAEAKSQPT
SEQ3154	ASYTVKSGDTLSAIAKNHKTTVQELVSLNSISNADVISIGDVLKLDNSTASQAEAKSQPT
SEQ3155	ASYTVKSGDTLSAIAKNHKTTVQELVSLNSISNADVISIGDVLKLDNSKASQAEAKSQPT
SEQ3156	ASYTVKSGDTLSAIAKNHKTTVQ-LVSLNSISNADVISIGDVLKLDNSTASQAEAKSQPT
SEQ3157	ASYTVKSGDTLSAIAKNHKTTVQELVSLNSISNADVISIGDVLKLDNSTASQAEAKSQPT
SEQ3158	ASYTVKSGDTLSAIAKNHKTTVQELVSLNSISNADVISIGDVLKLDNSTTSQAEAKSQPT
SEQ3159	ASYTVKSGDTLSAIAKNHKTTVQ-LVSLNSISNADVISIGDVLKLDNSTASQAEAKSQPT
SEQ3160	ASYTVKSGDTLSAIAKNHKTTVQ-LVSLNSISNADVISIGDVLKLDNSTASQAEAKSQPT
SEQ3150	IENSMNSSSNLSSSDSAAKEEIIARRESNGSYTAQNGQYYGRYQLSQSYLNGDLSPENQEK
SEQ3151	IENSMNSSSNLSSSDSAAKEEIIARRESNGSYTAQNGQYYGRYQLSQSYLNGDLSPENQEK
SEQ3152	IENSMNSSSNLSSSDSAAKEEIIARRESNGSYTAQNGQYYGRYQLSQSYLNGDLSPENQEK
SEQ3153	IENSMNSSSNLSSSDSAAKEEIIARRESNGSYTAQNGQYYGRYQLSQSYLNGDLSPENQEK
SEQ3154	IENSMNSSSNLSSSDSAAKEEIIARRESNGSYTAQNGQYYGRYQLSQSYLNGDLSPENQEK
SEQ3155	IENSMNSSSNLSSSDSAAKEEIIARRESNGSYTAQNGQYYGRYQLSQSYLNGDLSPENQEK
SEQ3156	IENSMNSSSNLSSSDSAAKEEIIARRESNGSYTAQNGQYYGRYQLSQSYLNGDLSPENQEK
SEQ3157	IENSMNSSSNLSSSDSAAKEEIIARRESNGSYTAQNGQYYGRYQLSQSYLNGDLSPENQEK
SEQ3158	IENSMNSSSNLSSSDSAAKEEIIARRESNGSYTAQNGQYYGRYQLSQSYLNGDLSPENQEK
SEQ3159	IENSMNSSSNLSSSDSAAKEEIIARRESNGSYTAQNGQYYGRYQLSQSYLNGDLSPENQEK
SEQ3160	IENSMNSSSNLSSSDSAAKEEIIARRESNGSYTAQNGQYYGRYQLSQSYLNGDLSPENQEK
SEQ3150	VADNYVASRYGWSAALSFWNSNGWY
SEQ3151	VADNYVVSRYGWSAALSFWNSNGWY
SEQ3152	VADNYVVSRYGWSAALSFWNSNGWY
SEQ3153	VADNYVVSRYGWSAALSFWNSNGWY
SEQ3154	VADNYVASRYGWSAALSFWNSNGWY
SEQ3155	VADNYVVSRYGWSAALSFWNSNGWY
SEQ3156	VADNYVASRYGWSAALSFWNSNGWY
SEQ3157	VADNYVASRYGWSAALSFWNSNGWY
SEQ3158	VADNYVASRYGWSAALSFWNSNGWY
SEQ3159	VADNYVASRYGWSAALSFWNSNGWY
SEQ3160	VADNYVASRYGWSAALSFWNSNGWY

Table 32: Conversion of ORF R f Nos. with SAG Ref Nos.

ORF R f No.	SAGxxxx R f No.	aa	Annotation
ORF00003	SAG0017	447	PcsB protein
ORF00004	SAG0018	322	ribose-phosphat pyrophosphokinase
ORF00005	SAG0019	391	aminotransferase, class I
ORF00006	SAG0020	253	recombination protein O
ORF00008	SAG0021	283	protease, putative
ORF00009	SAG0022	330	fatty acid/phospholipid synthesis protein PlsX
ORF00010	SAG0023	79	acyl carrier protein
ORF00011	SAG0024	234	phosphoribosylaminoimidazole-succinocarboxamide synthase
ORF00012	SAG0025	1241	phosphoribosylformylglycinamide synthase, putative
ORF00013	SAG0026	484	amidophosphoribosyltransferase
ORF00014	SAG0027	340	phosphoribosylformylglycinamide cyclo-ligase
ORF00015	SAG0028	182	phosphoribosylglycinamide formyltransferase
ORF00016	SAG0029	250	acetyltransferase, GNAT family
ORF00017	SAG0030	515	phosphoribosylaminoimidazolecarboxamide formyltransferase/IMP cyclohydrolase
ORF00018	SAG0031	283	peptidase, M23/M37 family
ORF00020	SAG0032	434	group B streptococcal surface immunogenic protein
ORF00021	SAG0033	232	N-acetylmannosamine-6-P epimerase, putative
ORF00022	SAG0034	438	sugar ABC transporter, sugar-binding protein
ORF00023	SAG0035	295	sugar ABC transporter, permease protein
ORF00024	SAG0036	276	sugar ABC transporter, permease protein
ORF00025	SAG0037	147	conserved hypothetical protein
ORF00026	SAG0038	220	conserved hypothetical protein
ORF00027	SAG0039	305	N-acetylneuraminase lyase, putative
ORF00028	SAG0040	293	ROK family protein
ORF00029	SAG0041	325	acetyl xylan esterase, putative
ORF00030	SAG0042	267	phosphosugar-binding transcriptional regulator, RpiR family, putative
ORF00031	SAG0043	421	phosphoribosylamine-glycine ligase
ORF00032	SAG0044	162	phosphoribosylaminoimidazole carboxylase, catalytic subunit
ORF00033	SAG0045	363	phosphoribosylaminoimidazole carboxylase, ATPase subunit
ORF00035	SAG0046	463	hypothetical protein
ORF00036	SAG0047	432	adenylosuccinate lyase
ORF00037	SAG0048	303	transcriptional regulator, Cro/Ci family
ORF00038	SAG0049	332	Holliday junction DNA helicase RuvB
ORF00039	SAG0050	145	phosphotyrosine protein phosphatase, low molecular weight
ORF00040	SAG0051	126	MORN motif family protein
ORF00041	SAG0052	592	membrane protein, putative
ORF00042	SAG0053	880	aldehyde-alcohol dehydrogenase
ORF00043	SAG0054	338	alcohol dehydrogenase, propanol-preferring
ORF00044	SAG0055	496	threonine synthase
ORF00045	SAG0056	412	MATE efflux family protein
ORF00046	SAG0057	102	ribosomal protein S10
ORF00047	SAG0058	208	ribosomal protein L3
ORF00048	SAG0059	207	ribosomal protein L4
ORF00049	SAG0060	98	ribosomal protein L23
ORF00050	SAG0061	277	ribosomal protein L2
ORF00052	SAG0062	92	ribosomal protein S19
ORF00054	SAG0063	114	ribosomal protein L22
ORF00055	SAG0064	217	ribosomal protein S3

Table 32: Conversion of ORF Ref Nos. with SAG Ref Nos.

ORF Ref No.	SAGxxxx Ref No.	aa	Annotation
ORF00056	SAG0065	137	ribosomal protein L16
ORF00058	SAG0066	68	ribosomal protein L29
ORF00059	SAG0067	86	ribosomal protein S17
ORF00060	SAG0068	122	ribosomal protein L14
ORF00061	SAG0069	101	ribosomal protein L24
ORF00063	SAG0070	180	ribosomal protein L5
ORF00064	SAG0071	61	ribosomal protein S14, putative
ORF00065	SAG0072	132	ribosomal protein S8
ORF00066	SAG0073	178	ribosomal protein L6
ORF00068	SAG0074	118	ribosomal protein L18
ORF00069	SAG0075	164	ribosomal protein S5
ORF00070	SAG0076	59	ribosomal protein L30
ORF00071	SAG0077	146	ribosomal protein L15
ORF00072	SAG0078	434	preprotein translocase, SecY subunit
ORF00073	SAG0079	212	adenylate kinase
ORF00074	SAG0080	72	translation initiation factor IF-1
ORF00075	SAG0081	38	ribosomal protein L36
ORF00077	SAG0082	121	ribosomal protein S13
ORF00078	SAG0083	118	ribosomal protein S11
ORF00080	SAG0084	312	DNA-directed RNA polymerase, alpha subunit
ORF00081	SAG0085	128	ribosomal protein L17
ORF00087	SAG0086	97	hypothetical protein
ORF00088	SAG0087	59	hypothetical protein
ORF00089	SAG0088	56	hypothetical protein
ORF00090	SAG0089	183	conserved hypothetical protein
ORF00091	SAG0090	139	conserved hypothetical protein
ORF00093	SAG0091	144	transcriptional regulator ComX1, putative
ORF00094	SAG0092	230	phosphoglycerate mutase family protein
ORF00095	SAG0093	250	D-alanyl-D-alanine carboxypeptidase family protein
ORF00096	SAG0094	191	N-acetylmuramoyl-L-alanine amidase, family 4 protein
ORF00097	SAG0095	344	heat-inducible transcription repressor HrcA
ORF00098	SAG0096	190	heat shock protein GrpE
ORF00099	SAG0097	609	dnaK protein
ORF00100	SAG0098	379	dnaJ protein
ORF00101	SAG0099	415	transcriptional regulator, GntR family
ORF00102	SAG0100	258	tRNA pseudouridine synthase A
ORF00103	SAG0101	252	phosphomethylpyrimidine kinase, putative
ORF00104	SAG0102	154	conserved hypothetical protein
ORF00105	SAG0103	189	conserved hypothetical protein
ORF00106	SAG0104	280	conserved hypothetical protein
ORF00107	SAG0105	427	trigger factor
ORF00108	SAG0106	191	DNA-directed RNA polymerase, delta subunit, putative
ORF00109	SAG0107	534	CTP synthase
ORF00110	SAG0108	308	conserved hypothetical protein
ORF00111	SAG0109	148	deoxyuridine 5'-triphosphate nucleotidohydrolase
ORF00112	SAG0110	454	DNA repair protein RadA
ORF00113	SAG0111	165	carbonic anhydrase-related protein
ORF00115	SAG0112	439	pyridine nucleotide-disulphide oxidoreductase family protein
ORF00116	SAG0113	484	glutamyl-tRNA synthetase
ORF00117	SAG0114	322	ribose ABC transport r, periplasmic D-ribose-binding protein

Tabl 32: Conv rsion of ORF Ref Nos. with SAG R f Nos.

ORF R f N .	SAGxxxx Ref No.	aa	Ann tation
ORF00118	SAG0115	310	ribose ABC transporter, permease protein
ORF00119	SAG0116	492	ribose ABC transporter, ATP-binding protein
ORF00120	SAG0117	132	ribose ABC transporter protein RbsD
ORF00121	SAG0118	303	ribokinase
ORF00122	SAG0119	328	ribose operon repressor RbsR
ORF00123	SAG0120	32	hypothetical protein
ORF00124	SAG0121	362	permease, putative
ORF00125	SAG0122	228	ABC transporter, ATP-binding protein
ORF00126	SAG0123	223	DNA-binding response regulator
ORF00128	SAG0124	356	sensor histidine kinase
ORF00129	SAG0125	396	argininosuccinate synthase
ORF00130	SAG0126	462	argininosuccinate lyase
ORF00131	SAG0127	293	fructose-bisphosphate aldolase
ORF00132	SAG0128	305	L-2-hydroxyisocaproate dehydrogenase
ORF00133	SAG0129	62	ribosomal protein L28
ORF00134	SAG0130	121	conserved hypothetical protein
ORF00135	SAG0131	543	DAK2 domain protein
ORF00136	SAG0132	294	SPFH domain/Band 7 family protein
ORF00137	SAG0133	38	conserved hypothetical protein
ORF00138	SAG0134	96	hypothetical protein
ORF00141	SAG0135	246	amino acid ABC transporter, ATP-binding protein
ORF00142	SAG0136	516	amino acid ABC transporter, amino acid-binding protein/permease protein
ORF00143	SAG0137	627	conserved hypothetical protein
ORF00145	SAG0138	279	undecaprenol kinase, putative
ORF00146	SAG0139	251	negative regulator of competence MecA, putative
ORF00148	SAG0140	386	glycosyl transferase, group 4 family protein
ORF00149	SAG0141	256	ABC transporter, ATP-binding protein
ORF00150	SAG0142	420	conserved hypothetical protein
ORF00151	SAG0143	410	selenocysteine lyase
ORF00152	SAG0144	147	NifU family protein
ORF00153	SAG0145	472	conserved hypothetical protein
ORF00154	SAG0146	395	penicillin-binding protein 4, putative
ORF00155	SAG0147	411	D-alanyl-D-alanine carboxypeptidase
ORF00156	SAG0148	551	oligopeptide ABC transporter, substrate binding protein, putative
ORF00157	SAG0149	304	oligopeptide ABC transporter, permease protein
ORF00158	SAG0150	343	oligopeptide ABC transporter, permease protein
ORF00160	SAG0151	348	oligopeptide ABC transporter, ATP-binding protein
ORF00161	SAG0152	310	oligopeptide ABC transporter, ATP-binding protein
ORF00166	SAG0153	283	4-diphosphocytidyl-2C-methyl-D-erythritol kinase
ORF00167	SAG0154	147	adc operon repressor AdcR
ORF00168	SAG0155	236	zinc ABC transporter, ATP-binding protein
ORF00169	SAG0156	270	zinc ABC transporter, permease protein
ORF00172	SAG0158	419	tyrosyl-tRNA synthetase
ORF00173	SAG0159	765	penicillin-binding protein 1B, putative
ORF00174	SAG0160	1191	DNA-directed RNA polymerase, beta subunit
ORF00176	SAG0161	1216	DNA-directed RNA polymerase beta' subunit
ORF00178	SAG0162	121	conserved hypothetical protein
ORF00179	SAG0163	323	competence protein CglA
ORF00180	SAG0164	282	competence protein CglB
ORF00181	SAG0165	151	conserved hypothetical protein
ORF00182	SAG0166	123	conserved domain protein



Table 32: Conversion of ORF Ref Nos. with SAG Ref Nos.

ORF R f No.	SAGxxxx R f No.	aa	Annotation
ORF00183	SAG0167	324	conserved hypothetical protein
ORF00184	SAG0168	397	ac tate kinase
ORF00186	SAG0169	68	transcriptional regulator, Cro/Ci family
ORF00187	SAG0170	45	hypothetical protein
ORF00188	SAG0171	151	hypothetical protein
ORF00189	SAG0172	221	protease, putative
ORF00190	SAG0173	256	pyrroline-5-carboxylate reductase
ORF00191	SAG0174	355	glutamyl-aminopeptidase
ORF00192	SAG0175	79	hypothetical protein
ORF00193	SAG0176	94	conserved hypothetical protein
ORF00194	SAG0177	107	thioredoxin family protein
ORF00195	SAG0178	208	tRNA binding domain protein
ORF00196	SAG0179	238	conserved hypothetical protein
ORF00198	SAG0180	131	single-strand binding protein
ORF00199	SAG0181	214	hydrolase, haloacid dehalogenase-like family
ORF00200	SAG0182	581	sensor histidine kinase, putative
ORF00201	SAG0183	246	response regulator
ORF00203	SAG0184	151	conserved hypothetical protein
ORF00204	SAG0185	242	membrane protein, putative
ORF00205	SAG0186	36	hypothetical protein
ORF00206	SAG0187	542	oligopeptide ABC transporter, oligopeptide-binding protein
ORF00207	SAG0188	325	oligopeptide ABC transporter, permease protein
ORF00208	SAG0189	273	oligopeptide ABC transporter, permease protein
ORF00209	SAG0190	267	peptide ABC transporter, ATP-binding protein
ORF00210	SAG0191	208	peptide ABC transporter, ATP-binding protein
ORF00211	SAG0192	676	PTS system, IIBC components
ORF00212	SAG0193	541	alpha amylase family protein
ORF00214	SAG0194	639	transcriptional antiterminator, BglG family
ORF00216	SAG0195	377	IS1548, transposase
ORF00217	SAG0196	66	conserved domain protein
ORF00218	SAG0197	94	PTS system, IIB component, putative
ORF00219	SAG0198	451	PTS system, IIC component, putative
ORF00220	SAG0199	285	transketolase, N-terminal subunit
ORF00221	SAG0200	309	transketolase, C-terminal subunit
ORF00223	SAG0201	419	oxidoreductase, putative
ORF00224	SAG0202	89	ribosomal protein S15
ORF00225	SAG0203	709	polyribonucleotide nucleotidyltransferase
ORF00226	SAG0204	250	conserved hypothetical protein
ORF00227	SAG0205	194	serine O-acetyltransferase
ORF00228	SAG0206	60	hypothetical protein
ORF00229	SAG0207	447	cysteinyl-tRNA synthetase
ORF00230	SAG0208	128	conserved hypothetical protein
ORF00231	SAG0209	251	RNA methyltransferase, TrmH family, group 3
ORF00232	SAG0210	172	conserved hypothetical protein
ORF00233	SAG0211	286	DegV family protein
ORF00234	SAG0212	32	hypothetical protein
ORF00235	SAG0213	39	hypothetical protein
ORF00236	SAG0214	148	ribosomal protein L13
ORF00237	SAG0215	130	ribosomal protein S9
ORF00238	SAG0216	33	hypothetical protein
ORF00239	SAG0217	384	site-specific recombinase, phage integrase family
ORF00240	SAG0218	158	transcriptional regulator, Cro/Ci family
ORF00241	SAG0219	101	hypothetical protein

Table 32: Conversion of ORF Ref Nos. with SAG Ref Nos.

ORF Ref No.	SAGxxxx Ref No.	aa	Annotation
ORF00242	SAG0220	92	conserved hypothetical protein
ORF00243	SAG0221	76	hypothetical protein
ORF00244	SAG0222	108	conserved domain protein
ORF00245	SAG0223	209	conserved hypothetical protein, fusion
ORF00246	SAG0224	332	replication initiation protein, putative
ORF00247	SAG0225	144	hypothetical protein
ORF00248	SAG0226	418	recombination protein
ORF00249	SAG0227	156	hypothetical protein
ORF00250	SAG0228	111	conserved hypothetical protein
ORF00251	SAG0229	95	conserved hypothetical protein
ORF00252	SAG0230	96	conserved hypothetical protein
ORF00253	SAG0231	135	hypothetical protein
ORF00254	SAG0232	186	hypothetical protein
ORF00255	SAG0233	226	hypothetical protein
ORF00256	SAG0234	128	hypothetical protein
ORF00257	SAG0235	93	hypothetical protein
ORF00258	SAG0236	32	hypothetical protein
ORF00259	SAG0237	34	hypothetical protein
ORF00260	SAG0238	41	hypothetical protein
ORF00261	SAG0239	286	transcriptional regulator MutR family
ORF00262	SAG0240	393	transporter, putative
ORF00263	SAG0241	213	amino acid ABC transporter, permease protein
ORF00264	SAG0242	308	amino acid ABC transporter, amino acid-binding protein
ORF00265	SAG0243	211	amino acid ABC transporter, permease protein
ORF00266	SAG0244	381	amino acid ABC transporter, ATP-binding protein
ORF00272	SAG0245	152	hypothetical protein
ORF00273	SAG0246	268	hypothetical protein
ORF00274	SAG0247	116	hypothetical protein
ORF00275	SAG0248	90	hypothetical protein
ORF00276	SAG0249	116	hypothetical protein
ORF00278	SAG0250	193	hypothetical protein
ORF00279	SAG0251	72	transcriptional regulator, Cro/C1 family
ORF00280	SAG0252	186	acetyltransferase, GNAT family
ORF00281	SAG0253	192	acetyltransferase, GNAT family
ORF00282	SAG0254	226	acetyltransferase, GNAT family
ORF00283	SAG0255	315	conserved hypothetical protein
ORF00284	SAG0256	163	RNA polymerase sigma factor, ECF subfamily
ORF00285	SAG0257	53	hypothetical protein
ORF00287	SAG0258	202	transcriptional regulator, TetR family
ORF00288	SAG0259	365	ABC transporter efflux protein, DrrB family, putative
ORF00289	SAG0260	238	ABC transporter, ATP-binding protein
ORF00290	SAG0261	129	IS1381, transposase OrfB
ORF00291	SAG0262	127	IS1381, transposase OrfA
ORF00292	SAG0263	171	hypothetical protein
ORF00293	SAG0264	103	conserved hypothetical protein
ORF00294	SAG0265	235	conserved hypothetical protein
ORF00295	SAG0266	382	N-acetylglucosamine-6-phosphate deacetylase
ORF00296	SAG0267	180	conserved hypothetical protein
ORF00297	SAG0268	304	glycyl-tRNA synthetase, alpha subunit
ORF00298	SAG0269	213	acyl carrier protein phosphodiesterase, putative
ORF00299	SAG0270	679	glycyl-tRNA synthetase; beta subunit
ORF00300	SAG0271	85	conserved hypothetical protein
ORF00301	SAG0272	87	membrane protein, putative

Tabl 32: Conv rsion of ORF R f Nos. with SAG Ref Nos.

ORF Ref No.	SAGxxxx Ref No.	aa	Annotati n
ORF00302	SAG0273	502	glyc rol kinase
ORF00303	SAG0274	609	alpha-glycerophosphate oxidase
ORF00304	SAG0275	232	glycerol uptake facilitator protein
ORF00305	SAG0276	445	NADH oxidase, putative
ORF00306	SAG0277	476	conserved hypothetical protein
ORF00307	SAG0278	661	transketolase
ORF00308	SAG0279	101	conserved hypothetical protein
ORF00309	SAG0280	244	ABC transporter, ATP-binding protein
ORF00310	SAG0281	534	membrane protein, putative
ORF00313	SAG0282	461	PTS system, IIBC components
ORF00314	SAG0283	267	glutamate 5-kinase
ORF00315	SAG0284	417	gamma-glutamyl phosphate reductase
ORF00316	SAG0285	298	conserved hypothetical protein TIGR00006
ORF00317	SAG0286	108	cell division protein FtsL, putative
ORF00318	SAG0287	752	penicillin-binding protein 2X
ORF00319	SAG0288	336	phospho-N-acetylmuramoyl-pentapeptide-transferase
ORF00320	SAG0289	447	ATP-dependent RNA helicase, DEAD/DEAH box family
ORF00321	SAG0290	270	ABC transporter, substrate-binding protein
ORF00322	SAG0291	267	amino acid ABC transporter, permease protein
ORF00323	SAG0292	247	amino acid ABC transporter, ATP-binding protein
ORF00324	SAG0293	74	conserved hypothetical protein
ORF00325	SAG0294	304	thioredoxin reductase
ORF00326	SAG0295	486	conserved hypothetical protein
ORF00327	SAG0296	273	NAD synthetase
ORF00328	SAG0297	444	aminopeptidase C
ORF00329	SAG0298	750	penicillin-binding protein 1A
ORF00330	SAG0299	199	recombination protein U
ORF00331	SAG0300	172	conserved hypothetical protein
ORF00332	SAG0301	40	hypothetical protein
ORF00333	SAG0302	110	conserved hypothetical protein
ORF00335	SAG0303	384	conserved hypothetical protein
ORF00336	SAG0304	487	conserved hypothetical protein
ORF00337	SAG0305	160	autoinducer-2 production protein LuxS
ORF00338	SAG0306	535	KH domain protein
ORF00340	SAG0307	33	hypothetical protein
ORF00341	SAG0308		ABC transporter, ATP-binding protein, FRAMESHIFT
ORF00343	SAG0309	246	ABC transporter, permease protein, putative
ORF00344	SAG0310	361	conserved hypothetical protein
ORF00345	SAG0311		DNA-binding response regulator POINT MUTATION
ORF00347	SAG0312	234	conserved hypothetical protein
ORF00348	SAG0313	209	guanylate kinase
ORF00349	SAG0314	104	DNA-directed RNA polymerase, omega subunit, putative
ORF00350	SAG0315	796	primosomal protein N'
ORF00351	SAG0316	311	methionyl-tRNA formyltransferase
ORF00352	SAG0317	440	Sun protein
ORF00353	SAG0318	245	serine/threonine phosphatase, putative
ORF00354	SAG0319	651	serine/threonine protein kinase
ORF00355	SAG0320	231	conserved hypothetical protein
ORF00356	SAG0321	339	s nsor histidine kinase, putative
ORF00358	SAG0322	213	DNA-binding response regulator

Table 32: Conversion of ORF Ref Nos. with SAG Ref Nos.

ORF Ref No.	SAGxxxx Ref No.	aa	Annotati n
ORF00359	SAG0323	466	hydrolase, haloacid dehalogenase family/p ptidyl-prolyl cis-trans isomerase, cyclophilin type
ORF00360	SAG0324	124	general stress protein, putative
ORF00361	SAG0325	258	pyruvate formate-lyase-activating enzyme
ORF00362	SAG0326	251	transcriptional regulator, DeoR family
ORF00363	SAG0327	327	transcriptional regulator, putative
ORF00364	SAG0328	107	PTS system, cellobiose-specific IIA component
ORF00366	SAG0329	106	PTS system, cellobiose-specific IIB component
ORF00367	SAG0330	433	PTS system, cellobiose-specific IIC component
ORF00368	SAG0331	818	formate acetyltransferase
ORF00369	SAG0332	222	transaldolase family protein
ORF00371	SAG0333	362	glycerol dehydrogenase
ORF00372	SAG0334	308	cysteine synthase A
ORF00373	SAG0335	214	conserved hypothetical protein TIGR00257
ORF00374	SAG0336	429	helicase, putative
ORF00375	SAG0337	221	competence protein F, putative
ORF00376	SAG0338	184	ribosomal subunit interface protein
ORF00382	SAG0339	450	aspartate kinase family protein
ORF00383	SAG0340	216	hydrolase, haloacid dehalogenase-like family
ORF00384	SAG0341	49	hypothetical protein
ORF00385	SAG0342	263	enoyl-CoA hydratase/isomerase family protein
ORF00386	SAG0343	144	transcriptional regulator, MarR family
ORF00387	SAG0344	323	3-oxoacyl-(acyl-carrier-protein) synthase III
ORF00388	SAG0345	74	acyl carrier protein
ORF00390	SAG0346	319	enoyl-(acyl-carrier-protein) reductase II
ORF00391	SAG0347	308	malonyl CoA-acyl carrier protein transacylase
ORF00392	SAG0348	244	3-oxoacyl-[acyl-carrier protein] reductase
ORF00393	SAG0349	410	3-oxoacyl-(acyl-carrier-protein) synthase II
ORF00394	SAG0350	166	acetyl-CoA carboxylase, biotin carboxyl carrier protein
ORF00395	SAG0351	140	(3R)-hydroxymyristoyl-(acyl-carrier-protein) dehydratase
ORF00396	SAG0352	456	acetyl-CoA carboxylase, biotin carboxylase
ORF00397	SAG0353	291	acetyl-CoA carboxylase, carboxyl transferase, beta subunit
ORF00398	SAG0354	257	acetyl-CoA carboxylase, carboxyl transferase, alpha subunit
ORF00399	SAG0355	210	conserved hypothetical protein
ORF00400	SAG0356	425	seryl-tRNA synthetase
ORF00402	SAG0357	330	hypothetical protein
ORF00403	SAG0358	120	conserved hypothetical protein
ORF00404	SAG0359	303	PTS system, mannose-specific IID component
ORF00405	SAG0360	270	PTS system, mannose-specific IIC component
ORF00406	SAG0361	336	PTS system, mannose-specific IIB components
ORF00407	SAG0362	270	hydrolase, haloacid dehalogenase-like family
ORF00408	SAG0363	194	hypothetical protein
ORF00409	SAG0364	203	membrane protein, putative
ORF00410	SAG0365	473	xanthine/uracil permease family protein
ORF00411	SAG0366	169	conserved hypothetical protein TIGR00150, putative
ORF00412	SAG0367	186	acetyltransferase, GNAT family
ORF00413	SAG0368	435	transcriptional regulator, putative
ORF00414	SAG0369	98	conserved hypothetical protein
ORF00415	SAG0370	139	HIT family protein
ORF00416	SAG0371	167	hypothetical protein
ORF00417	SAG0372	85	hypothetical protein

Tabl 32: Conv rsion of ORF Ref Nos. with SAG Ref Nos.

ORF R f No.	SAGxxxx R f No.	aa	Annotati n
ORF00419	SAG0373	241	ABC transporter, ATP-binding protein
ORF00421	SAG0374	344	ABC transporter, permease protein
ORF00422	SAG0375	266	conserved hypothetical protein
ORF00423	SAG0376	211	conserved hypothetical protein TIGR00091
ORF00424	SAG0377	127	conserved hypothetical protein, POINT MUTATION
ORF00425	SAG0378	379	N utilization substance protein A
ORF00426	SAG0379	98	conserved hypothetical protein
ORF00427	SAG0380	100	ribosomal protein L7A family
ORF00428	SAG0381	927	translation initiation factor IF-2
ORF00429	SAG0382	122	ribosome-binding factor A
ORF00430	SAG0383	334	conserved hypothetical protein
ORF00431	SAG0384	138	transcriptional repressor CopY
ORF00432	SAG0385	744	copper-transporter ATPase CopA
ORF00433	SAG0386	68	copper-transporter protein CopZ
ORF00434	SAG0387	204	conserved hypothetical protein
ORF00435	SAG0388	270	hydrolase, haloacid dehalogenase-like family
ORF00436	SAG0389	880	DNA polymerase I
ORF00437	SAG0390	146	CoA binding domain protein
ORF00438	SAG0391	159	transcriptional regulator, Fur family
ORF00439	SAG0392	521	cell wall surface anchor family protein
ORF00440	SAG0393	228	DNA-binding response regulator
ORF00441	SAG0394	345	sensor histidine kinase
ORF00442	SAG0395	246	conserved hypothetical protein
ORF00443	SAG0396	380	queuine tRNA-ribosyltransferase
ORF00444	SAG0397	102	conserved hypothetical protein
ORF00445	SAG0398	179	bioY family protein
ORF00446	SAG0399	258	AtsA/ElaC family protein
ORF00447	SAG0400	168	cytidine/deoxycytidylate deaminase family protein
ORF00448	SAG0401	44	hypothetical protein
ORF00449	SAG0402	449	glucose-6-phosphate isomerase
ORF00450	SAG0403	175	5-formyltetrahydrofolate cyclo-ligase family protein
ORF00451	SAG0404	225	rhomboid family protein
ORF00452	SAG0405	347	lipoprotein
ORF00453	SAG0406	299	UTP-glucose-1-phosphate uridylyltransferase
ORF00454	SAG0407	338	glycerol-3-phosphate dehydrogenase (NAD(P)+)
ORF00455	SAG0408	109	ribonuclease P protein component
ORF00456	SAG0409	271	SpoIIJ family protein
ORF00458	SAG0410	273	R3H domain protein
ORF00463	SAG0411	177	conserved hypothetical protein
ORF00464	SAG0412	258	RecX protein
ORF00465	SAG0413	451	RNA methyltransferase, TrmA family
ORF00466	SAG0414	153	conserved hypothetical protein
ORF00467	SAG0415	142	acetyltransferase, GNAT family
ORF00468	SAG0416	1233	protease, putative
ORF00469	SAG0417	302	glycosyl transferase, group 2 family protein
ORF00470	SAG0418	336	ribonucleoside-diphosphate reductase 2, beta subunit
ORF00471	SAG0419	137	nrdI protein
ORF00472	SAG0420	721	ribonucleoside-diphosphate reductase 2, alpha subunit
ORF00473	SAG0421	1055	cons rved hypothetical protein
ORF00474	SAG0422	129	conserved hypothetical protein
ORF00475	SAG0423	132	conserved domain protein

Tabl 32: Conversion of ORF Ref Nos. with SAG Ref Nos.

ORF Ref No.	SAGxxxx Ref No.	aa	Annotati n
ORF00476	SAG0424	94	hypothetical protein
ORF00478	SAG0425	105	carboxymuconolactone decarboxylase family protein
ORF00479	SAG0426	131	conserved hypothetical protein
ORF00480	SAG0427	129	transcriptional regulator, MerR family
ORF00482	SAG0428	345	alcohol dehydrogenase, zinc-containing
ORF00483	SAG0429	284	oxidoreductase, aldo/keto reductase family
ORF00484	SAG0430	287	cation efflux system protein
ORF00485	SAG0431	174	transcriptional regulator, TetR family
ORF00486	SAG0432	397	transcriptional regulator, AraC family
ORF00487	SAG0433	1389	surface protein Rib
ORF00488	SAG0434	61	transposase, IS256 family, truncation
ORF00489	SAG0435	97	DNA-damage-inducible protein J, putative
ORF00490	SAG0436	62	hypothetical protein
ORF00491	SAG0437	123	hypothetical protein
ORF00493	SAG0438	145	bacteriophage L54a, integrase, truncation
ORF00495	SAG0439		conserved hypothetical protein, FRAMESHIFT
ORF00496	SAG0440	84	conserved hypothetical protein
ORF00497	SAG0441	103	conserved domain protein
ORF00499	SAG0442	189	acetyltransferase, GNAT family
ORF00500	SAG0443	194	acetyltransferase, GNAT family
ORF00501	SAG0444	188	conserved hypothetical protein
ORF00502	SAG0445	883	valyl-tRNA synthetase
ORF00503	SAG0446	319	oxidoreductase, Gfo/ldh/MocA family
ORF00504	SAG0447	287	magnesium transporter, CorA family
ORF00506	SAG0448	391	transposase, IS256 family
ORF00507	SAG0449	354	conserved hypothetical protein
ORF00508	SAG0450	330	aspartate--ammonia ligase
ORF00510	SAG0451	149	bacteriocin transport accessory protein, putative
ORF00511	SAG0452	179	type II DNA modification methyltransferase, putative
ORF00512	SAG0453	96	hypothetical protein
ORF00513	SAG0454	161	phosphopantetheine adenylyltransferase
ORF00515	SAG0455	357	conserved hypothetical protein
ORF00518	SAG0456		conserved hypothetical protein, degenerate
ORF00519	SAG0457	192	conserved hypothetical protein
ORF00520	SAG0458	368	conserved hypothetical protein TIGR00048
ORF00521	SAG0459	171	VanZF domain protein
ORF00522	SAG0460	581	ABC transporter, ATP-binding/permease protein
ORF00523	SAG0461	579	ABC transporter, ATP-binding/permease protein
ORF00524	SAG0462	188	anthranilate synthase component II
ORF00525	SAG0463	179	bioY family protein
ORF00526	SAG0464	330	biotin synthetase
ORF00527	SAG0465	164	hypothetical protein
ORF00528	SAG0466	371	thiolase
ORF00531	SAG0467	409	AMP-binding enzyme domain protein
ORF00532	SAG0468	210	endonuclease III
ORF00533	SAG0469	131	type IV prepilin peptidase-related protein
ORF00534	SAG0470	69	conserved hypothetical protein
ORF00535	SAG0471	322	glucokinase
ORF00536	SAG0472	126	rhodanese domain protein
ORF00537	SAG0473	613	elongation factor Tu family protein
ORF00538	SAG0474	81	cons rved hyp th tical protein
ORF00540	SAG0475	451	UDP-N-acetylmuramoylalanine--D-glutamate ligase

Tabl 32: Conv rsion of ORF Ref Nos. with SAG R f Nos.

ORF Ref No.	SAGxxxx R f No.	aa	Annotation
ORF00541	SAG0476	358	UDP-N-acetylglucosamine-N-acetylmuramyl-(pentapeptide) pyrophosphoryl-undecaprenol N-acetylglucosamine transferase
ORF00542	SAG0477	378	cell division protein DivIB, putative
ORF00544	SAG0478	429	cell division protein FtsA
ORF00545	SAG0479	426	cell division protein FtsZ
ORF00546	SAG0480	224	ylmE protein, putative
ORF00547	SAG0481	201	ylmF protein
ORF00548	SAG0482	84	YGGT family protein
ORF00549	SAG0483	262	ylmH protein
ORF00550	SAG0484	256	cell division protein DivIVA, putative
ORF00552	SAG0485	930	isoleucyl-tRNA synthetase
ORF00553	SAG0486	100	conserved hypothetical protein
ORF00554	SAG0487	151	MutT/nudix family protein
ORF00555	SAG0488	753	ATP-dependent Clp protease, ATP-binding subunit
ORF00556	SAG0489	34	hypothetical protein
ORF00557	SAG0490	76	conserved hypothetical protein
ORF00558	SAG0491	230	amino acid ABC transporter, permease protein
ORF00559	SAG0492	244	amino acid ABC transporter, ATP-binding protein
ORF00560	SAG0493	564	phosphoglucomutase/phosphomannomutase family protein
ORF00562	SAG0494	284	methylenetetrahydrofolate dehydrogenase/methenyltetrahydrofolate cyclohydrolase
ORF00563	SAG0495	278	conserved hypothetical protein
ORF00564	SAG0496	446	exodeoxyribonuclease VII, large subunit
ORF00565	SAG0497	71	exodeoxyribonuclease VII, small subunit
ORF00566	SAG0498	290	geranyltranstransferase, putative
ORF00567	SAG0499	275	hemolysin A
ORF00568	SAG0500	157	arginine repressor ArgR, putative
ORF00570	SAG0501	552	DNA repair protein RecN
ORF00571	SAG0502	278	DegV family protein
ORF00572	SAG0503	279	Lipase/Acylhydrolase, putative
ORF00573	SAG0504	200	conserved hypothetical protein
ORF00574	SAG0505	91	DNA-binding protein HU
ORF00575	SAG0506	65	hypothetical protein
ORF00576	SAG0507	310	dihydroorotate dehydrogenase A
ORF00577	SAG0508	411	beta-lactam resistance factor
ORF00578	SAG0509	403	beta-lactam resistance factor
ORF00579	SAG0510	406	murM protein, putative
ORF00580	SAG0511	270	hydrolase, haloacid dehalogenase-like family
ORF00581	SAG0512	438	HD domain protein
ORF00582	SAG0513	128	conserved hypothetical protein
ORF00583	SAG0514	894	cation-transporting ATPase, E1-E2 family
ORF00584	SAG0515	286	conserved hypothetical protein
ORF00585	SAG0516	643	fructose-1,6-bisphosphatase, putative
ORF00586	SAG0517	374	iron-sulfur cluster-binding protein, putative
ORF00587	SAG0518		peptide chain release factor 2, FRAMESHIFT
ORF00588	SAG0519	230	cell division ABC transporter, ATP-binding protein FtsE
ORF00589	SAG0520	309	cell division ABC transporter, permease protein FtsX
ORF00590	SAG0521	236	carboxymethylenebutenolidase-related protein
ORF00591	SAG0522	232	metallo-beta-lactamase superfamily protein

Tabl 32: Conversion of ORF R f Nos. with SAG Ref Nos.

ORF R f No.	SAGxxxx Ref No.	aa	Annotati n
ORF00592	SAG0523	254	oxidoreductase, short chain dehydrogenase/reductase family
ORF00593	SAG0524	835	DNA polymerase III, epsilon subunit/ATP-dependent helicase DinG
ORF00595	SAG0525	397	aspartate aminotransferase
ORF00596	SAG0526	448	asparaginyl-tRNA synthetase
ORF00597	SAG0527	185	conserved hypothetical protein
ORF00598	SAG0528	327	inosine-uridine preferring nucleoside hydrolase
ORF00599	SAG0529	38	hypothetical protein
ORF00600	SAG0530	137	OsmC/Ohr family protein
ORF00601	SAG0531	296	conserved hypothetical protein
ORF00602	SAG0532	324	conserved hypothetical protein
ORF00603	SAG0533	303	Uncharacterized BCR, COG1481
ORF00604	SAG0534	465	dipeptidase
ORF00605	SAG0535	506	zinc ABC transporter, zinc-binding adhesion liprotein
ORF00606	SAG0536	86	ribosomal protein L31
ORF00607	SAG0537	311	DHH family protein
ORF00608	SAG0538	340	adenosine deaminase, putative
ORF00609	SAG0539	147	flavodoxin
ORF00610	SAG0540	91	chorismate mutase, putative
ORF00611	SAG0541	398	voltage-gated chloride channel family protein
ORF00612	SAG0542	127	IS1381, transposase OrfA
ORF00613	SAG0543	129	IS1381, transposase OrfB
ORF00614	SAG0544	115	ribosomal protein L19
ORF00615	SAG0545	359	site-specific recombinase, phage integrase family
ORF00617	SAG0546	67	conserved domain protein
ORF00618	SAG0547	185	hypothetical protein
ORF00619	SAG0548	265	repressor protein, putative
ORF00620	SAG0549	47	hypothetical protein
ORF00621	SAG0550	74	conserved hypothetical protein
ORF00622	SAG0551	52	conserved hypothetical protein
ORF00623	SAG0552	62	hypothetical protein
ORF00624	SAG0553	268	hypothetical protein
ORF00626	SAG0554	63	transcriptional regulator, Cro/Ci family
ORF00627	SAG0555	249	antirepressor, putative
ORF00628	SAG0556	47	hypothetical protein
ORF00630	SAG0557	76	hypothetical protein
ORF00632	SAG0558	74	hypothetical protein
ORF00633	SAG0559	286	conserved hypothetical protein
ORF00634	SAG0560	77	conserved hypothetical protein
ORF00635	SAG0561	46	hypothetical protein
ORF00636	SAG0562	84	hypothetical protein
ORF00637	SAG0563	53	hypothetical protein
ORF00638	SAG0564	160	conserved hypothetical protein
ORF00639	SAG0565	224	conserved domain protein
ORF00640	SAG0566	138	single-strand binding protein
ORF00641	SAG0567	439	reverse transcriptase/maturase family protein
ORF00642	SAG0568	67	conserved hypothetical protein
ORF00643	SAG0569	158	conserved hypothetical protein
ORF00644	SAG0570	115	hypothetical protein
ORF00645	SAG0571	43	hypothetical protein
ORF00646	SAG0572	138	conserved hypothetical protein
ORF00647	SAG0573	54	hypothetical prot in



Tabl 32: Conv rsion of ORF Ref Nos. with SAG Ref Nos.

ORF R f No.	SAGxxxx R f N .	aa	Annotation
ORF00648	SAG0574	89	conserved hypothetical protein
ORF00649	SAG0575	110	hypothetical protein
ORF00650	SAG0576	43	hypothetical protein
ORF00652	SAG0577	177	conserved hypothetical protein
ORF00653	SAG0578	88	conserved hypothetical protein
ORF00654	SAG0581	118	conserved hypothetical protein
ORF00655	SAG0582	422	conserved hypothetical protein
ORF00656	SAG0583	406	conserved hypothetical protein
ORF00657	SAG0584	62	conserved hypothetical protein, truncation
ORF00658	SAG0585	471	conserved hypothetical protein
ORF00659	SAG0586	154	conserved hypothetical protein
ORF00660	SAG0587	300	structural protein, putative
ORF00661	SAG0588	71	conserved hypothetical protein
ORF00662	SAG0589	143	conserved hypothetical protein
ORF00663	SAG0590	112	conserved hypothetical protein
ORF00664	SAG0591	78	conserved hypothetical protein
ORF00665	SAG0592	111	conserved hypothetical protein
ORF00666	SAG0593	185	structural protein
ORF00667	SAG0594	81	conserved hypothetical protein
ORF00668	SAG0595	123	conserved hypothetical protein
ORF00669	SAG0596	670	PblA, internal deletion
ORF00670	SAG0597	506	minor structural protein, putative
ORF00671	SAG0598	1374	minor structural protein, putative
ORF00672	SAG0599	668	minor structural protein, putative
ORF00673	SAG0600	109	hypothetical protein
ORF00674	SAG0601	70	hypothetical protein
ORF00675	SAG0602	100	conserved hypothetical protein
ORF00676	SAG0603	111	holin, putative
ORF00677	SAG0604	239	lysin, putative
ORF00678	SAG0605	323	conserved hypothetical protein
ORF00679	SAG0606	66	conserved hypothetical protein
ORF00681	SAG0607	56	conserved hypothetical protein
ORF00682	SAG0608	59	hypothetical protein
ORF00683	SAG0609	193	site-specific recombinase, phage integrase family
ORF00685	SAG0610	134	conserved hypothetical protein
ORF00687	SAG0611		transposase, degenerate FRAMESHIFT
ORF00689	SAG0612	53	conserved hypothetical protein, FRAMESHIFT
ORF00690	SAG0613	425	transmembrane protein Vexp1
ORF00691	SAG0614	218	ABC transporter, ATP-binding protein Vexp2
ORF00692	SAG0615	458	transmembrane protein Vexp3
ORF00693	SAG0616	217	DNA-binding response regulator VncR
ORF00694	SAG0617	439	sensor histidine kinase VncS
ORF00695	SAG0618	195	transposase OrfB, IS3 family, truncation
ORF00697	SAG0619	66	conserved hypothetical protein
ORF00698	SAG0620	62	hypothetical protein
ORF00699	SAG0621	401	rod shape-determining protein RodA, putative□
ORF00700	SAG0622	186	hydrolase, haloacid dehalogenase-like family
ORF00701	SAG0623	650	DNA gyrase, B subunit
ORF00702	SAG0624	574	septation ring formation regulator EzrA, putative
ORF00703	SAG0625	213	phosphoserine phosphatase SerB
ORF00704	SAG0626	161	MutT/nudix family protein
ORF00705	SAG0627	161	conserved hypothetical protein
ORF00706	SAG0628	435	enolase
ORF00707	SAG0629	354	conserved domain protein

Tabl 32: Conv rsion f ORF R f Nos. with SAG Ref Nos.

ORF R f No.	SAGxxxx Ref No.	aa	Annotation
ORF00708	SAG0630	427	3-phosphoshikimate 1-carboxyvinyltransferase
ORF00709	SAG0631	170	shikimate kinase
ORF00710	SAG0632	457	psr protein
ORF00711	SAG0633	451	RNA methyltransferase, TrmA family
ORF00712	SAG0634	70	hypothetical protein
ORF00713	SAG0635	245	acid phosphatase precursor, class B
ORF00714	SAG0636	172	conserved hypothetical protein
ORF00717	SAG0637		transcriptional regulator, TetR family, putative, FRAMESHIFT
ORF00718	SAG0638	109	cell wall surface anchor family protein
ORF00720	SAG0639	273	transposase OrfB, IS3 family
ORF00721	SAG0640	91	transposase OrfA, IS3 family
ORF00722	SAG0641		Tn5252, Orf 10 protein, degenerate POINT MUTATION
ORF00723	SAG0642	59	hypothetical protein
ORF00725	SAG0643		chaperonin, 33 kDa DEGENERATE
ORF00726	SAG0644	402	transcriptional regulator, AraC family
ORF00727	SAG0645	554	cell wall surface anchor family protein, putative
ORF00728	SAG0646	307	cell wall surface anchor family protein
ORF00729	SAG0647	305	sortase family protein
ORF00731	SAG0648	260	sortase family protein
ORF00732	SAG0649	890	cell wall surface anchor family protein, putative
ORF00734	SAG0650	189	sortase family protein, FRAMESHIFT
ORF00735	SAG0651	201	hypothetical protein
ORF00737	SAG0653	76	conserved hypothetical protein, DEGENERATE
ORF00738	SAG0654	34	hypothetical protein
ORF00740	SAG0656	36	hypothetical protein
ORF00741	SAG0657	89	hypothetical protein
ORF00742	SAG0658	383	lipoprotein, putative
ORF00743	SAG0659	330	ABC transporter, ATP-binding protein
ORF00744	SAG0660	272	membrane protein
ORF00745	SAG0661	261	conserved hypothetical protein
ORF00747	SAG0663	282	cylD protein
ORF00748	SAG0664	240	cylG protein
ORF00749	SAG0665	101	acyl carrier protein AcpC
ORF00750	SAG0666	158	cylZ protein FRAMESHIFT
ORF00751	SAG0667	309	cylA protein
ORF00752	SAG0668	292	cylB protein
ORF00753	SAG0669	667	cylE protein
ORF00754	SAG0670	317	cylF protein
ORF00755	SAG0671	731	cylI protein
ORF00756	SAG0672	403	cylJ protein
ORF00757	SAG0673	191	cylK protein
ORF00758	SAG0674	113	hypothetical protein
ORF00759	SAG0675	171	surface protein antigen-related protein
ORF00760	SAG0676	885	serine protease, subtilase family, putative
ORF00761	SAG0677	1062	hypothetical protein
ORF00762	SAG0678		endopeptidase O DEGENERATE
ORF00766	SAG0679	286	hydrolase, alpha/beta fold family, putative
ORF00767	SAG0680	339	hypothetical protein
ORF00768	SAG0681	353	conserved domain protein
ORF00769	SAG0682	409	p rmeas , putative
ORF00770	SAG0683		transmembrane protein Vexp3, putative FRAMESHIFT
ORF00774	SAG0684	223	ABC transporter, ATP-binding protein

Table 32: Conversion of ORF Ref Nos. with SAG R f Nos.

ORF R f No.	SAGxxx R f No.	aa	Annotation
ORF00775	SAG0685	472	cons rved hypothetical protein
ORF00776	SAG0686	261	DNA-entry nuclease, putative
ORF00777	SAG0687	212	DedA family protein, putative
ORF00778	SAG0688	218	ABC transporter, ATP-binding protein
ORF00779	SAG0689	257	membrane protein, putative
ORF00780	SAG0690	272	conserved hypothetical protein
ORF00781	SAG0691	294	transcriptional regulator, LysR family
ORF00783	SAG0692	193	regulatory protein, putative
ORF00785	SAG0693	377	IS1548, transposase
ORF00786	SAG0694	173	regulatory protein, putative, truncation
ORF00787	SAG0695	330	D-lactate dehydrogenase
ORF00788	SAG0696	516	sodium:galactoside symporter family protein, putative
ORF00789	SAG0697	341	2-keto-3-deoxygluconate kinase
ORF00790	SAG0698	599	beta-glucuronidase
ORF00791	SAG0699	223	transcriptional regulator, GntR family
ORF00792	SAG0700	205	2-dehydro-3-deoxyphosphogluconate aldolase/4-hydroxy-2-oxoglutarate aldolase
ORF00793	SAG0701	466	Glucuronate isomerase
ORF00794	SAG0702	348	mannonate dehydratase
ORF00795	SAG0703	279	D-mannonate oxidoreductase
ORF00796	SAG0704	270	hydrolase, haloacid dehalogenase-like family
ORF00797	SAG0705	596	glycosyl hydrolase, family 3
ORF00798	SAG0706	361	proline dipeptidase
ORF00799	SAG0707	334	transcriptional regulator, RegM family
ORF00800	SAG0708	488	alpha amylase family protein
ORF00801	SAG0709	332	glycosyl transferase, group 1 family protein
ORF00802	SAG0710	444	glycosyl transferase, group 1 family protein
ORF00803	SAG0711	647	threonyl-tRNA synthetase
ORF00804	SAG0712	234	DNA-binding response regulator
ORF00805	SAG0713	339	conserved hypothetical protein
ORF00806	SAG0714	188	conserved hypothetical protein
ORF00807	SAG0715	216	amino acid ABC transporter, permease protein
ORF00808	SAG0716	231	amino acid ABC transporter, permease protein
ORF00809	SAG0717	266	amino acid ABC transporter, amino acid-binding protein
ORF00810	SAG0718	251	amino acid ABC transporter, ATP-binding protein
ORF00811	SAG0719	236	DNA-binding response regulator
ORF00812	SAG0720	449	sensory box histidine kinase
ORF00813	SAG0721	269	metallo-beta-lactamase family protein
ORF00814	SAG0722	122	conserved hypothetical protein
ORF00815	SAG0723	236	ribonuclease III
ORF00816	SAG0724	1179	SMC family protein
ORF00817	SAG0725	265	hydrolase, haloacid dehalogenase-like family
ORF00818	SAG0726	274	hydrolase, haloacid dehalogenase-like family
ORF00819	SAG0727	536	signal recognition particle-docking protein FtsY
ORF00820	SAG0728	270	ABC transporter, substrate-binding protein
ORF00821	SAG0729	300	ABC transporter, permease protein, putative
ORF00822	SAG0730	42	ABC transporter, ATP-binding protein
ORF00823	SAG0731	347	bacterial luciferase family protein
ORF00824	SAG0732	720	transcriptional accessory protein Tex, putative
ORF00825	SAG0733	142	conserved hypothetical protein
ORF00826	SAG0734	87	phag shock protein C, putative
ORF00827	SAG0735	44	hypothetical protein
ORF00828	SAG0736	311	HPr(Ser) kinase/phosphatase

Table 32: Conversion of ORF Ref Nos. with SAG Ref Nos.

ORF Ref No.	SAGxxxx Ref N .	aa	Annotation
ORF00830	SAG0737	257	prolipoprotein diacylglycerol transferase
ORF00832	SAG0738	132	conserved hypothetical protein
ORF00833	SAG0739	143	conserved hypothetical protein
ORF00834	SAG0740	91	conserved hypothetical protein
ORF00835	SAG0741	303	peptidase, U32 family, putative
ORF00836	SAG0742	428	peptidase, U32 family
ORF00837	SAG0743	70	conserved hypothetical protein
ORF00838	SAG0744	265	membrane protein, putative
ORF00839	SAG0745	446	Mn2+/Fe2+ transporter, NRAMP family
ORF00840	SAG0746	369	riboflavin biosynthesis protein RibD
ORF00841	SAG0747	208	riboflavin synthase, alpha subunit
ORF00842	SAG0748	397	riboflavin biosynthesis protein RibA
ORF00843	SAG0749	156	riboflavin synthase, beta subunit
ORF00844	SAG0750	496	lysyl-tRNA synthetase
ORF00845	SAG0751	300	hydrolase, haloacid dehalogenase-like family
ORF00846	SAG0752	213	phosphoglycerate mutase family protein
ORF00847	SAG0753	157	ebsC family protein, putative
ORF00848	SAG0754	205	conserved domain protein
ORF00850	SAG0755	282	peptidase, U32 family
ORF00852	SAG0756	174	conserved hypothetical protein
ORF00853	SAG0757	129	lipoprotein, putative
ORF00855	SAG0758	599	oligoendopeptidase F, putative
ORF00856	SAG0759	931	phosphoenolpyruvate carboxylase
ORF00857	SAG0760	377	IS1548, transposase
ORF00859	SAG0761	422	cell division protein, FtsW/RodA/SpoVE family
ORF00861	SAG0762	398	translation elongation factor Tu
ORF00863	SAG0763	252	triosephosphate isomerase
ORF00865	SAG0764	230	phosphoglycerate mutase
ORF00866	SAG0765	681	penicillin-binding protein 2b
ORF00867	SAG0766	198	recombination protein RecR
ORF00868	SAG0767	348	D-alanine-D-alanine ligase
ORF00869	SAG0768	455	UDP-N-acetylmuramoylalanyl-D-glutamyl-2,6-diaminopimelate-D-alanyl-D-alanyl ligase
ORF00870	SAG0769	406	oxalate:formate antiporter
ORF00871	SAG0770	228	conserved hypothetical protein
ORF00872	SAG0771	512	cell wall surface anchor family protein
ORF00873	SAG0772	514	peptide chain release factor 3
ORF00874	SAG0773	126	conserved hypothetical protein
ORF00876	SAG0774	244	ABC transporter, ATP-binding protein
ORF00878	SAG0775	220	ABC transporter, permease protein
ORF00879	SAG0776	276	lipoprotein, putative
ORF00880	SAG0777	528	ATP-dependent RNA helicase, DEAD/DEAH box family
ORF00882	SAG0778	88	conserved hypothetical protein
ORF00883	SAG0779	254	conserved hypothetical protein
ORF00884	SAG0780	246	acyltransferase family protein
ORF00885	SAG0781	217	competence protein CeaA
ORF00887	SAG0782	745	DNA internalization-related competence protein ComEC/Rec2
ORF00888	SAG0783	269	hydrolase, haloacid dehalogenase-like family
ORF00889	SAG0784	314	sugar-binding transcriptional regulator, LacI family
ORF00890	SAG0785	330	conserved hypothetical protein
ORF00891	SAG0786	242	conserved domain protein
ORF00892	SAG0787	345	DNA polymerase III, delta subunit, putative□

Tabl 32: Conv rsion of ORF Ref Nos. with SAG Ref Nos.

ORF Ref N .	SAGxxxx R f N .	aa	Annotati n
ORF00893	SAG0788	202	superoxide dismutase, Fe-Mn
ORF00894	SAG0789	283	transcriptional antiterminator LicT
ORF00895	SAG0790	622	PTS system, beta-glucosides-specific IIABC components
ORF00896	SAG0791	475	6-phospho-beta-glucosidase
ORF00898	SAG0792	364	conserved hypothetical protein
ORF00899	SAG0793	380	conserved hypothetical protein TIGR00045
ORF00900	SAG0794	418	permease, GntP family
ORF00902	SAG0795	354	conserved hypothetical protein
ORF00903	SAG0796	147	transcriptional regulator, MarR family
ORF00904	SAG0797	342	S-adenosylmethionine:tRNA ribosyltransferase-isomerase
ORF00905	SAG0798	226	membrane protein, putative
ORF00906	SAG0799	233	glucosamine-6-phosphate isomerase
ORF00907	SAG0800	318	Glutathione S-transferases domain protein
ORF00908	SAG0801	239	ribosomal small subunit pseudouridine synthase
ORF00909	SAG0802	38	hypothetical protein
ORF00910	SAG0803	383	major facilitator family protein
ORF00911	SAG0804	315	competence protein CuiA
ORF00912	SAG0805	601	oligoendopeptidase B
ORF00913	SAG0806	208	hydrolase, haloacid dehalogenase-like family
ORF00914	SAG0807	235	O-methyltransferase family protein
ORF00916	SAG0808	309	protease maturation protein, putative
ORF00918	SAG0809	161	conserved hypothetical protein
ORF00919	SAG0810	872	alanyl-tRNA synthetase
ORF00921	SAG0811	238	membrane protein, putative
ORF00922	SAG0812	272	glycosyl transferase, family 8
ORF00923	SAG0813	81	hypothetical protein
ORF00924	SAG0814	95	conserved domain protein
ORF00925	SAG0815	71	transcriptional regulator, Cro/Ci family
ORF00926	SAG0816	253	conserved hypothetical protein
ORF00927	SAG0817	187	conserved hypothetical protein
ORF00928	SAG0818	319	ribonucleoside-diphosphate reductase 2, beta subunit
ORF00929	SAG0819	719	ribonucleoside-diphosphate reductase 2, alpha subunit
ORF00930	SAG0820	74	ribonucleoside-diphosphate reductase 2, NrdH-redoxin
ORF00931	SAG0821	87	phosphocarrier protein HPr
ORF00932	SAG0822	577	phosphoenolpyruvate-protein phosphotransferase
ORF00933	SAG0823	475	glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase, NADP-dependent
ORF00934	SAG0824	417	polysaccharide deacetylase family protein
ORF00935	SAG0825	360	ATP-dependent RNA helicase, DEAD/DEAH box family
ORF00936	SAG0826	209	uridine kinase
ORF00937	SAG0827	165	conserved hypothetical protein
ORF00938	SAG0828	554	DNA polymerase III, gamma and tau subunits
ORF00939	SAG0829	64	conserved hypothetical protein
ORF00940	SAG0830	311	biotin-acetyl-CoA-carboxylase ligase
ORF00941	SAG0831	398	S-adenosylmethionine synthetase
ORF00942	SAG0832	753	hypothetical protein
ORF00943	SAG0833	181	hypothetical protein
ORF00944	SAG0834	42	hypothetical protein
ORF00945	SAG0835	188	conserved hypothetical protein

Table 32: Conversion of ORF Ref Nos. with SAG Ref Nos.

ORF Ref No.	SAGxxxx Ref No.	aa	Annotation
ORF00946	SAG0836	184	conserved hypothetical protein
ORF00948	SAG0837	428	ABC transporter, ATP-binding protein
ORF00950	SAG0838	233	hypothetical protein
ORF00951	SAG0839	226	transcriptional regulator, TenA family
ORF00952	SAG0840	265	phosphomethylpyrimidine kinase
ORF00953	SAG0841	256	hydroxyethylthiazole kinase
ORF00954	SAG0842	223	thiamine-phosphate pyrophosphorylase
ORF00955	SAG0843	419	UDP-N-acetylglucosamine 1-carboxyvinyltransferase
ORF00956	SAG0844	184	acetyltransferase, GNAT family
ORF00957	SAG0845	427	CBS domain protein
ORF00958	SAG0846	286	methionine aminopeptidase, type I
ORF00959	SAG0847	306	ribonuclease BN, putative
ORF00961	SAG0848	151	GtrA family protein
ORF00962	SAG0849	169	conserved hypothetical protein
ORF00963	SAG0850	652	DNA ligase, NAD-dependent
ORF00964	SAG0851	339	BmrU protein, putative
ORF00966	SAG0852	766	pullulanase, putative
ORF00967	SAG0853	622	1,4-alpha-glucan branching enzyme
ORF00968	SAG0854	379	glucose-1-phosphate adenylyltransferase
ORF00969	SAG0855		glycogen biosynthesis protein GlgD FRAMESHIFT
ORF00971	SAG0856	476	glycogen synthase
ORF00972	SAG0857	66	ATP synthase F0, C subunit
ORF00973	SAG0858	238	ATP synthase F0, A subunit
ORF00974	SAG0859	165	ATP synthase F0, B subunit
ORF00975	SAG0860	178	ATP synthase F1, delta subunit
ORF00976	SAG0861	501	ATP synthase F1, alpha subunit
ORF00977	SAG0862	293	ATP synthase F1, gamma subunit
ORF00978	SAG0863	468	ATP synthase F1, beta subunit
ORF00979	SAG0864	137	ATP synthase F1, epsilon subunit
ORF00980	SAG0865	76	conserved hypothetical protein
ORF00981	SAG0866	423	UDP-N-acetylglucosamine 1-carboxyvinyltransferase
ORF00982	SAG0867	63	conserved hypothetical protein
ORF00983	SAG0868	285	DNA-entry nuclease
ORF00984	SAG0869	346	phenylalanyl-tRNA synthetase, alpha subunit
ORF00985	SAG0870	173	acetyltransferase, GNAT family
ORF00986	SAG0871	801	phenylalanyl-tRNA synthetase, beta subunit
ORF00987	SAG0872	300	conserved hypothetical protein
ORF00988	SAG0873	1077	exonuclease RexB
ORF00989	SAG0874	1207	exonuclease RexA
ORF00990	SAG0875	305	magnesium transporter, CorA family, putative
ORF00991	SAG0876	458	tRNA modification GTPase TrmE
ORF00992	SAG0877	636	ABC transporter, ATP-binding protein
ORF00993	SAG0878	322	acetoin dehydrogenase, thymine PPI dependent, E1 component, alpha subunit
ORF00994	SAG0879	332	acetoin dehydrogenase, thymine PPI dependent, E1 component, beta subunit
ORF00995	SAG0880	462	acetoin dehydrogenase, thymine PPI dependent, E2 component, dihydrolipoamide acetyltransferase
ORF00996	SAG0881	585	acetoin dehydrogenase, thymine PPI dependent, E3 component, dihydrolipoamide dehydrogenase
ORF00997	SAG0882	329	lipoate-protein ligase A
ORF00998	SAG0883	261	cobalamin synthase, putative

Table 32: Conversion of ORF Ref Nos. with SAG Ref Nos.

ORF Ref No.	SAGxxxx Ref No.	aa	Annotation
ORF00999	SAG0884	447	mur ligase family protein
ORF01000	SAG0885	283	conserved hypothetical protein TIGR00159
ORF01001	SAG0886	319	Gram-positive signal peptide, YSIRK family domain protein
ORF01002	SAG0887	450	phosphoglucomutase/phosphomannomutase family protein
ORF01003	SAG0888	123	conserved hypothetical protein
ORF01004	SAG0889	126	conserved hypothetical protein
ORF01005	SAG0890	376	oxygen-independent coproporphyrinogen III oxidase, putative
ORF01006	SAG0891	245	conserved hypothetical protein
ORF01007	SAG0892	256	hydrolase, haloacid dehalogenase-like family
ORF01008	SAG0893	218	conserved hypothetical protein
ORF01009	SAG0894	1370	conserved hypothetical protein
ORF01010	SAG0895	289	lipoyl-binding domain protein
ORF01011	SAG0896	108	oxidoreductase, putative
ORF01012	SAG0897	221	conserved hypothetical protein
ORF01013	SAG0898	83	hypothetical protein
ORF01014	SAG0899	57	hypothetical protein
ORF01015	SAG0900	56	hypothetical protein
ORF01016	SAG0901	127	hypothetical protein
ORF01018	SAG0902	45	hypothetical protein
ORF01019	SAG0903	44	hypothetical protein
ORF01021	SAG0904	56	hypothetical protein
ORF01022	SAG0905	138	nucleoside diphosphate kinase
ORF01023	SAG0906	610	GTP-binding protein LepA
ORF01024	SAG0907	877	streptococcal histidine triad family protein
ORF01025	SAG0908	203	HD domain protein
ORF01026	SAG0909	154	acetyltransferase, GNAT family
ORF01027	SAG0910	144	PilB-related protein
ORF01030	SAG0911	930	cation-transporting ATPase, E1-E2 family
ORF01031	SAG0912	367	nucleoside diphosphate kinase domain protein
ORF01032	SAG0913	212	chloramphenicol acetyltransferase
ORF01033	SAG0914	203	conserved hypothetical protein
ORF01034	SAG0915	405	Tn916, transposase
ORF01035	SAG0916	67	Tn916, excisionase
ORF01037	SAG0918	76	Tn916, hypothetical protein
ORF01038	SAG0919	157	Tn916, hypothetical protein
ORF01039	SAG0921	117	Tn916, transcriptional regulator, putative
ORF01040	SAG0923	639	Tn916, tetracycline resistance protein
ORF01041	SAG0925	310	Tn916, hypothetical protein
ORF01042	SAG0926	333	Tn916, NLP/P60 family protein
ORF01044	SAG0927	725	Tn916, hypothetical protein FRAMESHIFT
ORF01047	SAG0928		Tn916, hypothetical protein FRAMESHIFT
ORF01048	SAG0929	168	Tn916, hypothetical protein
ORF01049	SAG0930	165	Tn916, hypothetical protein
ORF01050	SAG0931	73	Tn916, hypothetical protein
ORF01051	SAG0932	401	Tn916, transcriptional regulator, putative
ORF01052	SAG0933	461	Tn916, FtsK/SpoIIIE family protein
ORF01053	SAG0934	128	Tn916, hypothetical protein
ORF01054	SAG0935	104	Tn916, hypothetical protein
ORF01056	SAG0937		ABC transporter, ATP-binding protein, FRAMESHIFT
ORF01057	SAG0938	122	transcriptional regulator, GntR family
ORF01058	SAG0939	1034	DNA polymerase III, alpha subunit

Tabl 32: Conv rsion of ORF Ref Nos. with SAG R f Nos.

ORF R f No.	SAGxxxx Ref No.	aa	Annotation
ORF01059	SAG0940	340	6-phosphofructokinase
ORF01060	SAG0941	500	pyruvate kinase
ORF01061	SAG0942	185	signal peptidase I, putative
ORF01062	SAG0943	47	hypothetical protein
ORF01063	SAG0944	604	glucosamine--fructose-6-phosphate aminotransferase (isomerizing)
ORF01064	SAG0945	377	IS1548, transposase
ORF01066	SAG0946	109	phnA protein
ORF01068	SAG0947	213	amino acid ABC transporter, permease protein
ORF01069	SAG0948	209	amino acid ABC transporter, ATP-binding protein
ORF01070	SAG0949	276	amino acid ABC transporter, amino acid-binding protein
ORF01072	SAG0950	82	ribosomal protein S20
ORF01073	SAG0951	306	pantothenate kinase
ORF01074	SAG0952	196	conserved hypothetical protein
ORF01075	SAG0953	129	cytidine deaminase
ORF01076	SAG0954	349	lipoprotein
ORF01077	SAG0955	511	sugar ABC transporter, ATP-binding protein
ORF01078	SAG0956	353	sugar ABC transporter, permease protein, putative
ORF01079	SAG0957	318	sugar ABC transporter, permease protein, putative
ORF01080	SAG0958	456	NADH oxidase
ORF01081	SAG0959	329	L-lactate dehydrogenase
ORF01082	SAG0960	819	DNA gyrase, A subunit
ORF01083	SAG0961	247	sortase SrtA
ORF01084	SAG0962	137	glyoxylase family protein
ORF01085	SAG0963	320	conserved hypothetical protein
ORF01086	SAG0964	375	Na <sup>+</sup> /H <sup>+</sup> exchanger family protein
ORF01087	SAG0965	127	IS1381, transposase OrfA
ORF01088	SAG0966	129	IS1381, transposase OrfB
ORF01089	SAG0967	520	GMP synthase
ORF01090	SAG0968	232	transcriptional regulator, GntR family
ORF01091	SAG0969	444	gid protein
ORF01092	SAG0970	247	acetyltransferase, GNAT family
ORF01093	SAG0971	282	lipoprotein, putative
ORF01095	SAG0972		conserved hypothetical protein, FRAMESHIFT
ORF01096	SAG0973	320	nisin-resistance protein, putative
ORF01097	SAG0974	250	ABC transporter, ATP-binding protein
ORF01098	SAG0975	651	ABC transporter, permease protein, putative
ORF01099	SAG0976	222	DNA-binding response regulator
ORF01100	SAG0977	312	sensor histidine kinase
ORF01101	SAG0978	356	site-specific recombinase, phage integrase family
ORF01102	SAG0979	553	ABC transporter, substrate binding protein, putative
ORF01103	SAG0980	257	conserved hypothetical protein
ORF01104	SAG0981	228	SatD
ORF01106	SAG0982	521	signal recognition particle protein
ORF01108	SAG0983	110	conserved hypothetical protein
ORF01109	SAG0984	437	sensor histidine kinase CiaH
ORF01110	SAG0985	226	DNA-binding response regulator CiaR
ORF01111	SAG0986	849	amin peptidase N
ORF01112	SAG0987	217	phosphate transport system regulatory protein PhoU



Tabl 32: Conversion of ORF Ref Nos. with SAG R f Nos.

ORF Ref No.	SAGxxxx Ref No.	aa	Annotation
ORF01113	SAG0988	252	phosphate ABC transporter, ATP-binding protein PstB, putative
ORF01114	SAG0989	267	phosphate ABC transporter, ATP-binding protein PstB, putative
ORF01115	SAG0990	295	phosphate ABC transporter, permease protein PstA, putative
ORF01116	SAG0991	305	phosphate ABC transporter, permease protein
ORF01117	SAG0992	286	phosphate ABC transporter, phosphate-binding protein
ORF01118	SAG0993	436	NOL1/NOP2/sun family protein
ORF01119	SAG0994	254	inositol monophosphatase family protein
ORF01120	SAG0995	93	conserved hypothetical protein
ORF01121	SAG0996	137	conserved hypothetical protein
ORF01122	SAG0997	310	macrolide-efflux protein mreA/riboflavin biosynthesis protein RibF
ORF01123	SAG0998	294	tRNA pseudouridine synthase B
ORF01124	SAG0999	143	acetyltransferase, GNAT family
ORF01125	SAG1000	423	conserved hypothetical protein
ORF01126	SAG1001	196	conserved hypothetical protein
ORF01127	SAG1002	292	protease, putative
ORF01128	SAG1003	876	permease, putative
ORF01129	SAG1004	233	ABC transporter, ATP-binding protein
ORF01131	SAG1005	706	DNA topoisomerase I
ORF01132	SAG1006	280	DprA/SMF protein, putative DNA processing factor
ORF01133	SAG1007	342	iron-compound ABC transporter, iron-compound-binding protein
ORF01134	SAG1008	253	iron compound ABC transporter, ATP-binding protein
ORF01135	SAG1009	324	iron compound ABC transporter, permease protein
ORF01136	SAG1010	320	iron compound ABC transporter, permease protein
ORF01137	SAG1011	182	acetyltransferase, CysE/LacA/LpxA/NodL family
ORF01138	SAG1012	253	ribonuclease HII
ORF01139	SAG1013	283	GTP-binding protein
ORF01140	SAG1014	190	conserved hypothetical protein
ORF01142	SAG1015	494	carbon starvation protein CstA, putative
ORF01143	SAG1016	244	response regulator
ORF01144	SAG1017	579	sensor histidine kinase, putative
ORF01145	SAG1018	40	hypothetical protein
ORF01146	SAG1019	39	conserved hypothetical protein, FRAMESHIFT
ORF01148	SAG1020	227	hypothetical protein
ORF01149	SAG1021	107	hypothetical protein
ORF01150	SAG1022	177	hypothetical protein
ORF01151	SAG1023	48	hypothetical protein
ORF01152	SAG1024	183	hypothetical protein
ORF01153	SAG1025	149	hypothetical protein
ORF01156	SAG1026		immunogenic secreted protein, DEGENERATE
ORF01157	SAG1027	84	conserved hypothetical protein
ORF01158	SAG1028	196	hypothetical protein
ORF01159	SAG1029	101	hypothetical protein
ORF01160	SAG1030	304	conserved hypothetical protein
ORF01161	SAG1031	120	extracellular prot in, putative POINT MUTATION
ORF01162	SAG1032	85	conserved hypothetical protein
ORF01164	SAG1033	1309	FtsK/SpoIIIE family protein
ORF01166	SAG1034	55	hypothetical protein

Tabl 32: Conv rsion of ORF Ref Nos. with SAG Ref N s.

ORF Ref No.	SAGxxxx Ref No.	aa	Annotati n
ORF01167	SAG1035	424	conserved hypothetical protein
ORF01168	SAG1036	80	conserved hypothetical protein
ORF01169	SAG1037	157	hypothetical protein
ORF01172	SAG1038	1003	phage infection protein, putative
ORF01173	SAG1039	96	conserved hypothetical protein
ORF01174	SAG1040	260	conserved domain protein
ORF01175	SAG1041	107	hypothetical protein
ORF01176	SAG1042	1060	carbamoyl-phosphate synthase, large subunit
ORF01177	SAG1043	358	carbamoyl-phosphate synthase, small subunit
ORF01178	SAG1044	307	aspartate carbamoyltransferase
ORF01179	SAG1045	430	dihydroorotase, multifunctional complex type
ORF01180	SAG1046	209	orotate phosphoribosyltransferase
ORF01181	SAG1047	233	orotidine 5'-phosphate decarboxylase
ORF01182	SAG1048	410	membrane protein, putative
ORF01183	SAG1049	513	ABC transporter, ATP-binding protein
ORF01184	SAG1050	112	ribonucleotide reductase, truncation
ORF01185	SAG1051	358	aspartate-semialdehyde dehydrogenase
ORF01186	SAG1052	47	cell wall surface anchor family protein, putative
ORF01187	SAG1053	30	hypothetical protein
ORF01188	SAG1054	531	cardiolipin synthetase
ORF01189	SAG1055	556	formate-tetrahydrofolate ligase
ORF01190	SAG1056	339	lipoate-protein ligase A
ORF01191	SAG1057	292	conserved hypothetical protein
ORF01192	SAG1058	272	conserved hypothetical protein
ORF01193	SAG1059	110	glycine cleavage system H protein, putative
ORF01194	SAG1060	328	bacterial luciferase family protein
ORF01195	SAG1061	399	oxidoreductase, FMN-binding
ORF01197	SAG1062	282	lipoate-protein ligase A family protein
ORF01198	SAG1063	228	flavoprotein-related protein
ORF01199	SAG1064	180	flavoprotein family protein
ORF01200	SAG1065	190	membrane protein, putative
ORF01201	SAG1066	572	phosphoglucomutase
ORF01202	SAG1067	178	IS861, transposase OrfA
ORF01203	SAG1068	277	IS861, transposase OrfB
ORF01204	SAG1069	65	hypothetical protein
ORF01205	SAG1070	577	ABC transporter, ATP-binding/permease protein
ORF01206	SAG1071	573	ABC transporter, ATP-binding/permease protein
ORF01207	SAG1072	200	conserved hypothetical protein
ORF01208	SAG1073	325	conserved hypothetical protein
ORF01209	SAG1074	418	Serine hydroxymethyltransferase
ORF01210	SAG1075	183	Sua5/YciO/YrdC/YwIC family protein
ORF01211	SAG1076	276	modification methylase, HemK family
ORF01212	SAG1077	359	peptide chain release factor 1
ORF01213	SAG1078	189	thymidine kinases
ORF01214	SAG1079	60	4-oxalocrotonate tautomerase
ORF01215	SAG1080	47	hypothetical protein
ORF01216	SAG1081	312	ApbE family protein
ORF01217	SAG1082	200	conserved hypothetical protein
ORF01218	SAG1083	411	conserved hypothetical protein
ORF01219	SAG1084	262	formate/nitrite transporter family protein
ORF01220	SAG1085	424	xanthine permease
ORF01221	SAG1086	193	xanthine phosphoribosyltransferase
ORF01222	SAG1087	327	guanosine monophosphat reductas
ORF01223	SAG1088	446	drug resistance transporter, EmrB/QacA family, putative

**Table 32: Conversion of ORF Ref Nos. with SAG Ref Nos.**

ORF Ref No.	SAGxxx Ref No.	aa	Annotation
ORF01224	SAG1089	230	conserved hypothetical protein
ORF01225	SAG1090	666	potassium uptake protein, putative
ORF01226	SAG1091	216	oxidoreductase, short chain dehydrogenase/reductase family, FRAMESHIFT
ORF01227	SAG1092	330	phosphate acetyltransferase
ORF01228	SAG1093	294	ribosomal large subunit pseudouridine synthase, RluD subfamily
ORF01229	SAG1094	278	conserved hypothetical protein
ORF01230	SAG1095	223	GTP pyrophosphokinase family protein
ORF01231	SAG1096	190	conserved hypothetical protein
ORF01232	SAG1097	324	ribose-phosphate pyrophosphokinase
ORF01233	SAG1098	371	cysteine desulphurase
ORF01234	SAG1099	115	conserved hypothetical protein
ORF01235	SAG1100	210	DNA-binding protein
ORF01236	SAG1101	226	DNA repair protein RadC
ORF01237	SAG1102	377	membrane protein, putative
ORF01238	SAG1103	478	6-phospho-beta-glucosidase
ORF01239	SAG1104	204	platelet activating factor, putative
ORF01240	SAG1105	273	hydrolase, haloacid dehalogenase-like family
ORF01241	SAG1106	309	transcriptional regulator, AraC family, putative
ORF01242	SAG1107	510	voltage-gated chloride channel family protein
ORF01243	SAG1108	357	spermidine/putrescine ABC transporter, spermidine/putrescine-binding protein
ORF01244	SAG1109	258	spermidine/putrescine ABC transporter, permease protein
ORF01245	SAG1110	264	spermidine/putrescine ABC transporter, permease protein
ORF01246	SAG1111	384	spermidine/putrescine ABC transporter, ATP-binding protein
ORF01247	SAG1112	300	UDP-N-acetylenolpyruvoylglucosamine reductase
ORF01248	SAG1113	162	2-amino-4-hydroxy-6-hydroxymethyldihydropteridine pyrophosphokinase
ORF01249	SAG1114	120	dihydroneopterin aldolase
ORF01250	SAG1115	267	dihydropteroate synthase
ORF01251	SAG1116	187	GTP cyclohydrolase I
ORF01252	SAG1117	420	folylpolyglutamate synthase
ORF01253	SAG1118	295	rarD protein
ORF01254	SAG1119	288	homoserine kinase
ORF01255	SAG1120	427	homoserine dehydrogenase
ORF01256	SAG1121	295	polysaccharide deacetylase family protein
ORF01257	SAG1122	515	transporter, BCCT family protein
ORF01258	SAG1123	34	hypothetical protein
ORF01259	SAG1124	458	aldehyde dehydrogenase family protein
ORF01260	SAG1125	335	membrane protein
ORF01261	SAG1126	228	conserved hypothetical protein
ORF01262	SAG1127	113	conserved hypothetical protein, FRAMESHIFT
ORF01263		187	hypothetical protein
ORF01264	SAG1128	65	transcriptional regulator, Cro/C1 family
ORF01265	SAG1129	36	hypothetical protein
ORF01266	SAG1130	49	hypothetical protein
ORF01268	SAG1131	164	thiol peroxidase
ORF01269	SAG1132	219	conserved hypothetical protein
ORF01272	SAG1133	254	conserved hypothetical protein

Table 32: Conversion of ORF Ref Nos. with SAG Ref Nos.

ORF Ref No.	SAGxxx Ref No.	aa	Annotation
ORF01273	SAG1134	213	transcriptional regulator, GntR family/potassium uptake protein, TrkA family
ORF01274	SAG1135	183	gls24 protein, putative
ORF01275	SAG1136		conserved hypothetical protein FRAMESHIFT
ORF01276	SAG1137	180	gls24 protein, putative
ORF01277	SAG1138	64	conserved hypothetical protein
ORF01279	SAG1139	193	conserved hypothetical protein
ORF01280	SAG1140	82	conserved hypothetical protein
ORF01281	SAG1141	112	conserved hypothetical protein
ORF01282	SAG1142	759	ATP-dependent DNA helicase PcrA
ORF01283	SAG1143	100	conserved hypothetical protein, FRAMESHIFT
ORF01284	SAG1144	441	uracil permease
ORF01285	SAG1145	448	sodium:alanine symporter family protein
ORF01286	SAG1146	411	cation efflux family protein
ORF01287	SAG1147	130	conserved hypothetical protein
ORF01288	SAG1148	231	membrane protein, putative
ORF01289	SAG1149	207	conserved hypothetical protein
ORF01290	SAG1150	400	ribosomal protein S1
ORF01291	SAG1151	76	conserved hypothetical protein
ORF01292	SAG1152	340	branched-chain amino acid aminotransferase
ORF01294	SAG1153	819	DNA topoisomerase IV, A subunit
ORF01295	SAG1154	653	DNA topoisomerase IV, B subunit
ORF01296	SAG1155	207	conserved hypothetical protein TIGR00023
ORF01297	SAG1156	217	uracil-DNA glycosylase
ORF01298	SAG1157	161	conserved hypothetical protein
ORF01299	SAG1158	413	CMP-N-acetylneuraminic acid synthetase NeuA
ORF01300	SAG1159	209	neuD protein
ORF01301	SAG1160	384	UDP-N-acetylglucosamine-2-epimerase NeuC
ORF01302	SAG1161	341	N-acetyl neuraminic acid synthetase NeuB
ORF01303	SAG1162	466	cpsL protein
ORF01304	SAG1163	318	cpsVK protein
ORF01305	SAG1164	321	cpsVJ protein
ORF01306	SAG1165	327	cpsVO protein
ORF01307	SAG1166	295	cpsVN protein
ORF01308	SAG1167	241	cpsVM protein
ORF01309	SAG1168	364	cpsVH protein
ORF01310	SAG1169	163	CpsVG
ORF01311	SAG1170	149	CpsF
ORF01312	SAG1171	462	CpsE
ORF01313	SAG1172	229	CpsD protein
ORF01314	SAG1173	230	cpsC protein
ORF01315	SAG1174	243	capsular polysaccharide biosynthesis protein CpsB
ORF01316	SAG1175	485	capsular polysaccharide biosynthesis protein CpsA
ORF01317	SAG1176	290	capsular polysaccharide synthesis operon transcriptional regulator CpsY
ORF01318	SAG1177	255	cpslaS protein
ORF01319	SAG1178	236	purine nucleoside phosphorylase
ORF01320	SAG1179	418	voltage-gated chloride channel family protein, putative
ORF01321	SAG1180	269	purine nucleoside phosphorylase
ORF01322	SAG1181	135	arsenate reductase
ORF01323	SAG1182	403	phosphopentomutase
ORF01324	SAG1183	223	ribose 5-phosphate isomerase

Table 32: Conversion of ORF Ref Nos. with SAG Ref Nos.

ORF Ref No.	SAGxxxx Ref No.	aa	Annotation
ORF01326	SAG1184	236	conserved hypothetical protein
ORF01327	SAG1185	262	tributylin esterase
ORF01328	SAG1186	553	metallo-beta-lactamase superfamily protein
ORF01329	SAG1187	253	ABC transporter, ATP-binding protein
ORF01330	SAG1188	287	ABC transporter, permease protein
ORF01331	SAG1189	334	conserved hypothetical protein
ORF01332	SAG1190	551	adherence and virulence protein A
ORF01333	SAG1191	239	alpha-acetolactate decarboxylase
ORF01334	SAG1192	560	acetolactate synthase, catabolic
ORF01335	SAG1193	408	TPR domain protein
ORF01336	SAG1194	396	membrane protein
ORF01337	SAG1195	153	MutT/nudix family protein
ORF01338	SAG1196	160	mutator MutT protein
ORF01339	SAG1197	1072	hyaluronidase
ORF01340	SAG1198	348	dTDP-glucose 4,6-dehydratase
ORF01341	SAG1199	197	dTDP-4-dehydrorhamnose 3,5-epimerase
ORF01342	SAG1200	289	glucose-1-phosphate thymidyltransferase
ORF01343	SAG1201	367	iminodiacetate oxidase, putative
ORF01344	SAG1202	262	conserved hypothetical protein TIGR00486
ORF01345	SAG1203	227	conserved hypothetical protein
ORF01346	SAG1204	226	DNA replication protein Dnad, putative
ORF01347	SAG1205	172	adenine phosphoribosyltransferase
ORF01348	SAG1206	854	conserved domain protein
ORF01349	SAG1207	32	hypothetical protein
ORF01350	SAG1208	732	single-stranded-DNA-specific exonuclease RecJ
ORF01351	SAG1209	253	oxidoreductase, short chain dehydrogenase/reductase family
ORF01352	SAG1210	309	metallo-beta-lactamase superfamily protein
ORF01353	SAG1211	215	conserved hypothetical protein
ORF01354	SAG1212	412	GTP-binding protein HflX
ORF01355	SAG1213	296	tRNA delta(2)-isopentenylpyrophosphate transferase
ORF01356	SAG1214	58	hypothetical protein
ORF01357	SAG1215	305	exfoliative toxin A, putative
ORF01358	SAG1216	1252	pullulanase, putative
ORF01361	SAG1217		conserved hypothetical protein, FRAMESHIFT
ORF01362	SAG1218	194	conserved hypothetical protein
ORF01363	SAG1219	468	peptidase, M20/M25/M40 family
ORF01364	SAG1220	200	nitroreductase family protein
ORF01365	SAG1221		glycerophosphoryl diester phosphodiesterase, putative, POINT MUTATION
ORF01367	SAG1222	593	excinuclease ABC, C subunit
ORF01368	SAG1223	255	conserved hypothetical protein
ORF01369	SAG1224	446	MATE efflux family protein
ORF01370	SAG1225	136	conserved hypothetical protein
ORF01371	SAG1226	165	conserved hypothetical protein
ORF01372	SAG1227	198	conserved hypothetical protein
ORF01373	SAG1228	96	ISSdy1, transposase OrfA
ORF01374	SAG1229	259	ISSdy1, transposase OrfB
ORF01375	SAG1230	96	conserved hypothetical protein
ORF01377	SAG1231		transposase OrfB, IS3 family, degenerate FRAMESHIFT
ORF01379	SAG1232	77	transposase OrfB, IS3 family, truncation
ORF01380	SAG1233	822	streptococcal histidine triad family protein
ORF01381	SAG1234	306	laminin-binding surface protein

Tabl 32: Conversion of ORF Ref Nos. with SAG Ref Nos.

ORF Ref No.	SAGxxxx Ref No.	aa	Annotation
ORF01382	SAG1235	425	GBS11, group II intron, maturase
ORF01383	SAG1236		c5a peptidase precursor FRAMESHIFT
ORF01384	SAG1237	444	hypothetical protein
ORF01385	SAG1238	202	hypothetical protein
ORF01386	SAG1239	76	conserved hypothetical protein
ORF01387	SAG1240	125	conserved hypothetical protein, truncation
ORF01388	SAG1241	78	transposase OrfA, IS3 family
ORF01389	SAG1242	67	transposase OrfB, IS3 family, truncation
ORF01390	SAG1243	96	ISSdy1, transposase OrfA FRAMESHIFT
ORF01391	SAG1244	259	ISSdy1, transposase OrfB
ORF01392	SAG1245	38	hypothetical protein
ORF01393	SAG1246	389	hypothetical protein
ORF01394	SAG1247	399	Integrase, phage family
ORF01395	SAG1248	75	conserved hypothetical protein
ORF01396	SAG1249	74	transcriptional regulator, Cro/C1 family
ORF01397	SAG1250	621	Tn5252, relaxase
ORF01398	SAG1251	121	Tn5252, Orf 9 protein
ORF01399	SAG1252	120	Tn5252, Orf 10 protein
ORF01401	SAG1253	435	transposase, ISL3 family
ORF01403	SAG1254	546	mercuric reductase
ORF01404	SAG1255	130	mercuric resistance operon regulatory protein MerR
ORF01406	SAG1256	142	IS861, transposase OrfB, truncation
ORF01407	SAG1257	709	cation-transporting ATPase, E1-E2 family
ORF01408	SAG1258	122	cadmium efflux system accessory protein
ORF01409	SAG1259	99	conserved hypothetical protein
ORF01410	SAG1260	262	hypothetical protein
ORF01411	SAG1261	198	conserved hypothetical protein
ORF01412	SAG1262	695	cation-transporting ATPase, E1-E2 family
ORF01414	SAG1263		conserved domain protein, FRAMESHIFT
ORF01415	SAG1264	148	transcriptional repressor CopY, putative
ORF01416	SAG1265	206	cadmium resistance transporter, putative
ORF01417	SAG1266	152	hypothetical protein
ORF01418	SAG1267	108	hypothetical protein
ORF01419	SAG1268	230	repressor protein, putative
ORF01420	SAG1269	44	hypothetical protein
ORF01421	SAG1270	471	ImpB/MucB/SamB family protein
ORF01423	SAG1271	116	conserved hypothetical protein
ORF01424	SAG1272	102	conserved hypothetical protein
ORF01425	SAG1273	118	conserved hypothetical protein
ORF01426	SAG1274	129	conserved hypothetical protein
ORF01427	SAG1275	75	hypothetical protein
ORF01428	SAG1276	358	conserved hypothetical protein
ORF01430	SAG1277	163	hypothetical protein
ORF01431	SAG1278	96	hypothetical protein
ORF01432	SAG1279	99	conserved domain protein
ORF01433	SAG1280	2274	Helicases conserved C-terminal domain protein
ORF01434	SAG1281	183	hypothetical protein
ORF01435	SAG1282	63	lipoprotein, putative
ORF01436	SAG1283	1631	cell wall surface anchor family protein
ORF01437	SAG1284	196	abortive infection protein AbiGI
ORF01438	SAG1285	281	abortive infection protein AbiGII
ORF01439	SAG1286	933	conserved hypothetical protein
ORF01440	SAG1287	776	conserved hypothetical protein
ORF01441	SAG1288	117	conserved hypothetical protein, DEGENERATE

Tabl 32: Conv rsi n of ORF Ref Nos. with SAG Ref Nos.

ORF R f No.	SAGxxxx Ref No.	aa	Annotation
ORF01442	SAG1289	284	conserved hypothetical protein
ORF01443	SAG1290	80	hypothetical protein
ORF01444	SAG1291	605	Tn5252, Orf 21 protein, internal deletion
ORF01445	SAG1292	162	hypothetical protein
ORF01446	SAG1293	194	protease, putative
ORF01447	SAG1294	77	conserved hypothetical protein
ORF01449	SAG1295	127	conserved hypothetical protein
ORF01450	SAG1296	142	conserved hypothetical protein
ORF01451	SAG1297	451	type II DNA modification methyltransferase Spn5252IP
ORF01452	SAG1298	31	hypothetical protein
ORF01453	SAG1299	272	conserved hypothetical protein
ORF01454	SAG1300	57	conserved hypothetical protein
ORF01455	SAG1301	121	ribosomal protein L7/L12
ORF01456	SAG1302	166	ribosomal protein L10
ORF01458	SAG1303	702	ATP-dependent Clp protease, ATP-binding subunit
ORF01459	SAG1304	32	hypothetical protein
ORF01460	SAG1305	314	homocysteine S-methyltransferase MmuM, putative
ORF01461	SAG1306	458	amino acid permease
ORF01463	SAG1307	216	hypothetical protein
ORF01464	SAG1308	167	hypothetical protein
ORF01465	SAG1309	30	hypothetical protein
ORF01466	SAG1310	182	transcriptional regulator, TetR family
ORF01467	SAG1311	198	GTP-binding protein
ORF01468	SAG1312	408	ATP-dependent Clp protease, ATP-binding subunit ClpX
ORF01469	SAG1313	56	conserved hypothetical protein
ORF01470	SAG1314	164	dihydrofolate reductase
ORF01471	SAG1315	279	thymidylate synthase
ORF01472	SAG1316	390	HMG-CoA synthase
ORF01473	SAG1317	427	3-hydroxy-3-methylglutaryl-CoA reductase
ORF01474	SAG1318	149	conserved hypothetical protein
ORF01475	SAG1319	187	hemolysin III, putative
ORF01476	SAG1320	304	conserved hypothetical protein TIGR00147
ORF01477	SAG1321	284	glutathione S-transferase family protein
ORF01478	SAG1322	72	conserved domain protein
ORF01479	SAG1323	331	isopentenyl-diphosphate delta-isomerase
ORF01480	SAG1324	330	phosphomevalonate kinase
ORF01481	SAG1325	314	diphosphomevalonate decarboxylase
ORF01482	SAG1326	292	mevalonate kinase, putative
ORF01483	SAG1327	409	sensor histidine kinase
ORF01484	SAG1328	228	DNA-binding response regulator
ORF01485	SAG1329	208	GTP pyrophosphokinase family protein
ORF01486	SAG1330	68	hypothetical protein
ORF01488	SAG1331	979	R5 protein
ORF01489	SAG1332	146	transcriptional regulator, MarR family, putative
ORF01490	SAG1333	690	5'-nucleotidase family protein
ORF01491	SAG1334	136	polypeptide deformylase, putative
ORF01492	SAG1335	449	NADP-specific glutamate dehydrogenase
ORF01494	SAG1336	169	cons rved hypothetical protein
ORF01495	SAG1337	589	ABC transporter, ATP-binding/permease prot in
ORF01496	SAG1338	579	ABC transporter, ATP-binding/permease prot in
ORF01497	SAG1339	157	acetyltransferase, GNAT family

Table 32: Conversion of ORF Ref Nos. with SAG Ref Nos.

ORF Ref No.	SAGxxxx Ref No.	aa	Annotation
ORF01498	SAG1340	622	ABC transporter, ATP-binding protein
ORF01499	SAG1341	402	polyA polymerase family protein
ORF01500	SAG1342	282	DegV family protein
ORF01501	SAG1343	126	conserved hypothetical protein
ORF01502	SAG1344	177	hypothetical protein
ORF01503	SAG1345	164	conserved hypothetical protein
ORF01504	SAG1346	641	PTS system, fructose specific IIBC components
ORF01505	SAG1347	303	1-phosphofructokinase
ORF01506	SAG1348	247	lactose phosphotransferase system repressor
ORF01507	SAG1349	411	beta-lactam resistance factor
ORF01508	SAG1350	544	surface antigen-related protein
ORF01509	SAG1351	307	2-dehydropantoate 2-reductase, putative
ORF01510	SAG1352	356	regulatory protein, putative
ORF01511	SAG1353	330	pyridine nucleotide-disulphide oxidoreductase family protein
ORF01512	SAG1354	251	tRNA (guanine-N1)-methyltransferase
ORF01513	SAG1355	172	16S rRNA processing protein RimM
ORF01515	SAG1356	503	transcriptional regulator, RofA family
ORF01516	SAG1357	80	KH domain protein
ORF01517	SAG1358	90	ribosomal protein S16
ORF01518	SAG1359	415	permease, putative
ORF01519	SAG1360	236	ABC transporter, ATP-binding protein
ORF01520	SAG1361	414	conserved hypothetical protein
ORF01522	SAG1362	532	carbamoyl-phosphate synthase, large subunit, putative
ORF01523	SAG1363	356	carbamoyl-phosphate synthase, small subunit
ORF01524	SAG1364	173	pyrimidine operon regulatory protein
ORF01525	SAG1365	296	ribosomal large subunit pseudouridine synthase, RluD subfamily
ORF01526	SAG1366	154	lipoprotein signal peptidase
ORF01527	SAG1367	301	transcriptional regulator, LysR family
ORF01528	SAG1368	94	ribosomal protein L27
ORF01529	SAG1369	112	conserved hypothetical protein
ORF01530	SAG1370	104	ribosomal protein L21
ORF01531	SAG1371	392	conserved hypothetical protein
ORF01532	SAG1372	404	thiamine biosynthesis protein Thil
ORF01533	SAG1373	381	cysteine desulphurase
ORF01535	SAG1374	150	conserved hypothetical protein
ORF01536	SAG1375	449	glutathione reductase
ORF01537	SAG1376	111	conserved hypothetical protein
ORF01538	SAG1377	388	chorismate synthase
ORF01539	SAG1378	355	3-dehydroquinate synthase
ORF01540	SAG1379	225	3-dehydroquinate dehydratase
ORF01541	SAG1380	385	conserved hypothetical protein
ORF01542	SAG1381	714	sulfatase
ORF01543	SAG1382	119	ribosomal protein L20
ORF01544	SAG1383	66	ribosomal protein L35
ORF01545	SAG1384	176	translation initiation factor IF-3
ORF01546	SAG1385	227	cytidylate kinase
ORF01547	SAG1386	174	conserved hypothetical protein
ORF01548	SAG1387	65	ferredoxin, 4Fe-4S
ORF01549	SAG1388	163	conserved hypothetical protein
ORF01550	SAG1389	406	peptidase t
ORF01551	SAG1390	544	polysaccharide biosynthesis protein, putative



Table 32: Conversion of ORF Ref Nos. with SAG Ref Nos.

ORF Ref No.	SAGxxxx R f No.	aa	Annotation
ORF01552	SAG1391	484	UDP-N-acetylmuramoylalanyl-D-glutamate-2,6-diaminopimelate ligase
ORF01553	SAG1392	264	iron compound ABC transporter, ATP-binding protein
ORF01554	SAG1393	310	iron compound ABC transporter, substrate-binding protein
ORF01555	SAG1394	341	iron compound ABC transporter, permease protein
ORF01556	SAG1395	333	iron compound ABC transporter, permease protein
ORF01557	SAG1396	217	conserved hypothetical protein
ORF01558	SAG1397	311	inorganic pyrophosphatase, manganese-dependent
ORF01559	SAG1398	262	pyruvate formate-lyase-activating enzyme
ORF01560	SAG1399	444	CBS domain protein
ORF01561	SAG1400	188	conserved hypothetical protein
ORF01563	SAG1401	311	conserved hypothetical protein TIGR01212
ORF01564	SAG1402	213	PAP2 family protein
ORF01565	SAG1403	194	membrane protein, putative
ORF01566	SAG1404	308	cell wall surface anchor family protein
ORF01567	SAG1405	294	sortase family protein
ORF01568	SAG1406	293	sortase family protein
ORF01569	SAG1407	705	cell wall surface anchor family protein
ORF01570	SAG1408	901	cell wall surface anchor family protein
ORF01571	SAG1409	326	transcriptional regulator, RofA family FRAMESHIFT
ORF01572	SAG1410	379	glycosyl transferase, group 1 family protein
ORF01573	SAG1411	282	exopolysaccharide biosynthesis protein, putative
ORF01574	SAG1412	474	exopolysaccharide biosynthesis protein, putative
ORF01575	SAG1413	454	hypothetical protein
ORF01576	SAG1414	308	glycosyl transferase, group 2 family protein
ORF01577	SAG1415	311	glycosyl transferase, group 2 family protein
ORF01578	SAG1416	352	dTDP-glucose 4,6-dehydratase, putative
ORF01579	SAG1417	240	4-diphosphocytidyl-2C-methyl-D-erythritol synthase, putative
ORF01580	SAG1418	259	licD protein, putative
ORF01581	SAG1419	577	hypothetical protein
ORF01582	SAG1420	117	conserved hypothetical protein
ORF01583	SAG1421	243	glycosyl transferase, group 2 family protein
ORF01584	SAG1422	313	glycosyl transferase, group 2 family protein
ORF01585	SAG1423	384	conserved hypothetical protein
ORF01586	SAG1424	284	dTDP-4-dehydrorhamnose reductase
ORF01587	SAG1425	113	conserved hypothetical protein
ORF01589	SAG1426	369	RNA polymerase sigma-70 factor
ORF01590	SAG1427	602	DNA primase
ORF01591	SAG1428	125	large conductance mechanosensitive channel protein
ORF01592	SAG1429	58	ribosomal protein S21
ORF01593	SAG1430	167	conserved hypothetical protein
ORF01594	SAG1431	268	amino acid ABC transporter, amino acid-binding protein
ORF01596	SAG1432	347	ammonium transporter family protein
ORF01597	SAG1433	375	conserved hypothetical protein
ORF01598	SAG1434	328	rhodanese family protein
ORF01599	SAG1435	101	conserved hypothetical protein
ORF01600	SAG1436	457	glycerol-3-phosphate transporter, putative

Table 32: Conversion of ORF Ref Nos. with SAG Ref Nos.

ORF Ref No.	SAGxxxx Ref No.	aa	Annotation
ORF01601	SAG1437	55	hypothetical protein
ORF01602	SAG1438	754	glycogen phosphorylase
ORF01603	SAG1439	498	4-alpha-glucanotransferase
ORF01604	SAG1440	342	maltose operon repressor MalR, putative
ORF01605	SAG1441	415	maltose/maltodextrin ABC transporter, maltose/maltodextrin-binding protein
ORF01606	SAG1442	456	maltose ABC transporter, permease protein
ORF01607	SAG1443	278	maltose ABC transporter, permease protein
ORF01608	SAG1444	490	proton/peptide symporter family protein
ORF01610	SAG1445		MutT/nudix family protein, FRAMESHIFT
ORF01611	SAG1446	62	hypothetical protein
ORF01612	SAG1447	441	conserved hypothetical protein
ORF01613	SAG1448	502	glycosyl transferase, group 1 family protein
ORF01614	SAG1449	795	preprotein translocase SecA subunit, putative
ORF01615	SAG1450	330	conserved domain protein
ORF01617	SAG1451	494	conserved hypothetical protein
ORF01618	SAG1452	514	conserved hypothetical protein
ORF01619	SAG1453	409	preprotein translocase SecY family protein
ORF01621	SAG1454	398	conserved hypothetical protein
ORF01622	SAG1455	295	glycosyl transferase, group 2 family protein
ORF01623	SAG1456	312	glycosyl transferase, family 8, degenerate
ORF01624	SAG1457	129	IS1381, transposase OrfB
ORF01625	SAG1458	127	IS1381, transposase OrfA
ORF01626	SAG1459	413	glycosyl transferase family 8
ORF01627	SAG1460	401	glycosyl transferase, family 8
ORF01628	SAG1461	335	conserved hypothetical protein
ORF01630	SAG1462	970	cell wall surface anchor family protein
ORF01632	SAG1463		transcriptional regulator, RofA family POINT MUTATION
ORF01634	SAG1464	663	exonuclease ABC, B subunit
ORF01635	SAG1465	306	protease, putative
ORF01636	SAG1466	727	glutamine ABC transporter, glutamine-binding protein/permease protein, putative
ORF01637	SAG1467	246	glutamine ABC transporter, ATP-binding protein, GlnQ putative
ORF01638	SAG1468	116	conserved hypothetical protein
ORF01639	SAG1469	52	conserved hypothetical protein
ORF01640	SAG1470	437	GTP-binding protein, GTP1/Obg family
ORF01641	SAG1471	42	conserved hypothetical protein
ORF01643	SAG1472	413	aminopeptidase PepS
ORF01645	SAG1473	192	cell wall surface anchor family protein
ORF01646	SAG1474	680	amidase family protein
ORF01647	SAG1475	240	ribosomal small subunit pseudouridine synthase A
ORF01648	SAG1476	280	oxidoreductase, aldo/keto reductase family
ORF01650	SAG1477	224	nitroreductase family protein
ORF01651	SAG1478	130	lactoylglutathione lyase
ORF01652	SAG1479	308	glycosyl transferase, group 2 family protein
ORF01653	SAG1480	462	amino acid permease
ORF01654	SAG1481	155	SsrA-binding protein
ORF01655	SAG1482	801	exoribonuclease, VacB/Rnb family
ORF01657	SAG1483	78	preprotein translocase, SecG subunit
ORF01658	SAG1485	389	multi-drug resistance protein
ORF01660	SAG1486	548	hypothetical protein
ORF01661	SAG1487	233	ABC transporter, ATP binding protein

Table 32: Conversion of ORF Ref Nos. with SAG Ref Nos.

ORF Ref No.	SAGxxx Ref No.	aa	Annotation
ORF01662	SAG1488	195	dephospho-CoA kinase
ORF01663	SAG1489	273	formamidopyrimidine-DNA glycosylase
ORF01665	SAG1490	282	transcriptional regulator, MutR family
ORF01666	SAG1491	530	hypothetical protein
ORF01667	SAG1492	58	hypothetical protein
ORF01668	SAG1493		hypothetical protein
ORF01670	SAG1494	32	hypothetical protein
ORF01672	SAG1495	81	protease, putative, POINT MUTATION
ORF01673	SAG1496	110	hypothetical protein
ORF01674	SAG1497	37	hypothetical protein
ORF01675	SAG1498	133	hypothetical protein
ORF01677	SAG1499	299	GTP-binding protein Era
ORF01678	SAG1500	132	diacylglycerol kinase
ORF01679	SAG1501	161	conserved hypothetical protein TIGR00043
ORF01680	SAG1502	268	tetracenomycin polyketide synthesis O-methyltransferase TcmP, putative
ORF01681	SAG1503	39	hypothetical protein
ORF01682	SAG1504	38	hypothetical protein
ORF01683	SAG1505	158	MutT/nudix family protein
ORF01684	SAG1506	267	hypothetical protein
ORF01685	SAG1507	345	PhoH family protein
ORF01686	SAG1508	590	67 kDa Myosin-crossreactive streptococcal antigen
ORF01687	SAG1509	71	conserved hypothetical protein
ORF01688	SAG1510	169	peptide methionine sulfoxide reductase
ORF01689	SAG1511	284	conserved hypothetical protein
ORF01690	SAG1512	185	ribosome recycling factor
ORF01691	SAG1513	242	uridylate kinase
ORF01692	SAG1514	226	peptide ABC transporter, ATP-binding protein
ORF01693	SAG1515	262	peptide ABC transporter, ATP-binding protein
ORF01694	SAG1516	255	peptide ABC transporter, permease protein
ORF01695	SAG1517	314	peptide ABC transporter, permease protein
ORF01696	SAG1518	525	peptide ABC transporter, peptide-binding protein
ORF01697	SAG1519	229	ribosomal protein L1
ORF01698	SAG1520	141	ribosomal protein L11
ORF01699	SAG1521	388	transposase, IS30 family, putative
ORF01700	SAG1522	460	transporter, major facilitator family
ORF01702	SAG1523	404	peptidase, M20/M25/M40 family
ORF01703	SAG1524	294	transcriptional regulator, LysR family
ORF01704	SAG1525	117	conserved hypothetical protein
ORF01705	SAG1526	178	IS861, transposase OrfA
ORF01706	SAG1527	277	IS861, transposase OrfB
ORF01707	SAG1528	571	chorismate binding enzyme
ORF01708	SAG1529	785	FtsK/SpoIIIE family protein
ORF01709	SAG1530	267	peptidyl-prolyl cis-trans isomerase, cyclophilin-type
ORF01710	SAG1531	277	manganese ABC transporter, permease protein
ORF01711	SAG1532	238	manganese ABC transporter, ATP-binding protein
ORF01712	SAG1533	308	manganese ABC transporter, manganese-binding adhesion liprotein
ORF01713	SAG1534	215	iron-dependent transcriptional regulator
ORF01714	SAG1535	229	5-methylthioadenosin nucleosidase /S-adenosylhomocystein nucleosidase
ORF01715	SAG1536	89	conserved hypothetical protein
ORF01716	SAG1537	184	MutT/nudix family protein

Table 32: Conversion of ORF R f Nos. with SAG Ref Nos.

ORF Ref No.	SAGxxxx R f No.	aa	Annotation
ORF01718	SAG1538	459	UDP-N-acetylglucosamine pyrophosphorylase
ORF01719	SAG1539	31	hypothetical protein
ORF01720	SAG1540	137	conserved hypothetical protein
ORF01721	SAG1541	125	glyoxalase family protein
ORF01722	SAG1542	318	oxidoreductase, Gfo/ldh/MocA family
ORF01724	SAG1543		conserved hypothetical protein, FRAMESHIFT
ORF01725	SAG1544	232	gluconate 5-dehydrogenase, putative
ORF01726	SAG1545	78	conserved hypothetical protein
ORF01727	SAG1546	82	conserved hypothetical protein
ORF01729	SAG1547	166	acetyltransferase, GNAT family
ORF01730	SAG1548	422	glycosyl transferase, group 2 family protein
ORF01731	SAG1549	127	IS1381, transposase OrfA
ORF01732	SAG1550	129	IS1381, transposase OrfB
ORF01733	SAG1551	67	hypothetical protein
ORF01734	SAG1552	719	conserved hypothetical protein
ORF01735	SAG1553	477	hypothetical protein
ORF01736	SAG1554	225	hypothetical protein
ORF01737	SAG1555	231	hypothetical protein
ORF01738	SAG1556	445	branched-chain amino acid transport system II carrier protein
ORF01739	SAG1557	665	methionyl-tRNA synthetase
ORF01740	SAG1558	291	tellurite resistance protein TehB
ORF01741	SAG1559	231	membrane protein, putative
ORF01742	SAG1560	40	hypothetical protein
ORF01743	SAG1561	405	PTS system component, putative
ORF01744	SAG1562	280	conserved hypothetical protein
ORF01745	SAG1563	275	exodeoxyribonuclease
ORF01746	SAG1564	118	conserved hypothetical protein
ORF01747	SAG1565	158	methylated-DNA-protein-cysteine S-methyltransferase
ORF01748	SAG1566	393	D-isomer specific 2-hydroxyacid dehydrogenase family protein
ORF01749	SAG1567	182	acetyltransferase, GNAT family
ORF01750	SAG1568		phosphoserine aminotransferase FRAMESHIFT
ORF01752	SAG1569	211	copper homeostasis protein CutC, putative
ORF01753	SAG1570	34	conserved hypothetical protein
ORF01754	SAG1571	53	hypothetical protein
ORF01755	SAG1572	287	tetrapyrrole methylase family protein
ORF01756	SAG1573	108	conserved hypothetical protein
ORF01758	SAG1574	287	DNA polymerase III, delta prime subunit, putative
ORF01759	SAG1575	211	thymidylate kinase
ORF01761	SAG1576	267	transposase, IS30 family, putative, truncation
ORF01763	SAG1577	219	AcuB family protein
ORF01764	SAG1578	236	branched-chain amino acid ABC transporter, ATP-binding protein
ORF01765	SAG1579	254	branched-chain amino acid ABC transporter, ATP-binding protein
ORF01766	SAG1580	317	branched-chain amino acid ABC transporter, permease protein
ORF01767	SAG1581	289	branched-chain amino acid ABC transporter, permease protein
ORF01769	SAG1582	388	branched-chain amino acid ABC transporter, amino acid-binding protein
ORF01770	SAG1583	81	conserved hypothetical protein
ORF01772	SAG1584	377	IS1548, transposase

Table 32: Conversion of ORF Ref Nos. with SAG R f Nos.

ORF R f No.	SAGxxxx R f N .	aa	Annotation
ORF01773	SAG1585	196	ATP-depend nt Clp protease, proteolytic subunit ClpP
ORF01774	SAG1586	209	uracil phosphoribosyltransferase
ORF01775	SAG1587	389	aminotransferase, class I
ORF01777	SAG1588	182	RNA methyltransferase, TrmH family, group 2
ORF01778	SAG1589	450	amino acid permease, putative
ORF01779	SAG1590	449	potassium uptake protein, Trk family
ORF01780	SAG1591	475	cation uptake protein, Trk family
ORF01781	SAG1592	83	conserved hypothetical protein TIGR00278
ORF01782	SAG1593	240	ribosomal large subunit pseudouridine synthase B
ORF01783	SAG1594	194	conserved hypothetical protein TIGR00281
ORF01784	SAG1595	235	Uncharacterized ACR, COG1354
ORF01785	SAG1596	246	integrase/recombinase, phage integrase family
ORF01786	SAG1597	157	CBS domain protein
ORF01787	SAG1598	173	conserved hypothetical protein
ORF01788	SAG1599	324	HAM1 protein
ORF01789	SAG1600	264	glutamate racemase
ORF01790	SAG1601	79	conserved hypothetical protein
ORF01791	SAG1602	180	membrane protein, putative
ORF01792	SAG1603	173	transcriptional regulator, biotin repressor family
ORF01793	SAG1604	229	membrane protein, putative
ORF01794	SAG1605	167	conserved hypothetical protein
ORF01795	SAG1606	247	RNA methyltransferase, TrmH family
ORF01796	SAG1607	92	acylphosphatase
ORF01797	SAG1608	310	membrane protein, putative
ORF01799	SAG1609	221	amino acid ABC transporter, permease protein
ORF01800	SAG1610	285	amino acid ABC transporter, substrate-binding protein
ORF01801	SAG1611	486	amidase family protein
ORF01802	SAG1612	160	transcription elongation factor GreA
ORF01803	SAG1613	600	Uncharacterized BCR, YceG family COG1559, putative
ORF01804	SAG1614	167	acetyltransferase, GNAT family
ORF01805	SAG1615	443	UDP-N-acetylmuramate--alanine ligase
ORF01806	SAG1616	205	conserved hypothetical protein
ORF01807	SAG1617	32	hypothetical protein
ORF01808	SAG1618	1032	Snf2 family protein
ORF01810	SAG1619	377	IS1548, transposase
ORF01811	SAG1620	436	phosphoglycerate dehydrogenase-related protein
ORF01812	SAG1621	300	primosomal protein DnaI
ORF01813	SAG1622	391	conserved hypothetical protein
ORF01814	SAG1623	159	conserved hypothetical protein TIGR00244
ORF01815	SAG1624	501	sensor histidine kinase CsrS
ORF01816	SAG1625	229	DNA-binding response regulator CsrR
ORF01817	SAG1626	177	conserved hypothetical protein
ORF01818	SAG1627	296	heat shock protein HtpX
ORF01820	SAG1628	184	lemA protein
ORF01821	SAG1629	237	glucose-inhibited division protein B
ORF01822	SAG1630	459	sodium transport family protein
ORF01823	SAG1631	223	potassium uptake protein, Trk family, putative
ORF01824	SAG1632	276	cobalt transport family protein
ORF01825	SAG1633	558	ABC transporter, ATP-binding protein
ORF01826	SAG1634	212	conserv d hypoth tical protein
ORF01827	SAG1635	402	sodium:dicarboxylate symporter family protein

Table 32: Conversion of ORF Ref Nos. with SAG Ref Nos.

ORF Ref No.	SAGxxxx Ref No.	aa	Annotation
ORF01828	SAG1636	455	branched-chain amino acid transport system II carrier protein
ORF01829	SAG1637	351	alcohol dehydrogenase, zinc-containing
ORF01830	SAG1638	230	ABC transporter, permease protein
ORF01831	SAG1639	356	ABC transporter, ATP-binding protein
ORF01832	SAG1640	458	peptidase, M20/M25/M40 family
ORF01833	SAG1641	274	lipoprotein, putative
ORF01834	SAG1642	277	ABC transporter, substrate-binding protein
ORF01835	SAG1643	229	glutamine amidotransferase, class I
ORF01836	SAG1644	37	hypothetical protein
ORF01837	SAG1645	238	conserved hypothetical protein TIGR01033
ORF01838	SAG1646	32	hypothetical protein
ORF01839	SAG1647	328	dihydroxyacetone kinase family protein
ORF01840	SAG1648	178	transcriptional regulator, TetR family, putative
ORF01842	SAG1649	37	hypothetical protein
ORF01843	SAG1650	329	dihydroxyacetone kinase family protein
ORF01844	SAG1651	192	dihydroxyacetone kinase family protein
ORF01845	SAG1652	124	conserved hypothetical protein
ORF01846	SAG1653	237	glycerol uptake facilitator protein
ORF01847	SAG1654	134	conserved hypothetical protein
ORF01848	SAG1655	237	transcriptional regulator, MerR family
ORF01849	SAG1656	369	conserved hypothetical protein
ORF01850	SAG1657	83	hypothetical protein
ORF01851	SAG1658	244	conserved hypothetical protein
ORF01852	SAG1659	118	iojap-related protein
ORF01853	SAG1660	173	isochorismatase family protein
ORF01854	SAG1661	195	conserved hypothetical protein TIGR00488
ORF01855	SAG1662	210	conserved hypothetical protein TIGR00482
ORF01856	SAG1663	105	conserved hypothetical protein TIGR00253
ORF01857	SAG1664	372	GTP-binding protein
ORF01858	SAG1665	177	hydrolase, haloacid dehalogenase-like family
ORF01859	SAG1666	295	membrane protein
ORF01860	SAG1667	480	glutamyl-tRNA(Gln) amidotransferase, B subunit
ORF01861	SAG1668	488	glutamyl-tRNA(Gln) amidotransferase, A subunit
ORF01862	SAG1669	100	glutamyl-tRNA(Gln) amidotransferase, C subunit
ORF01863	SAG1670	881	pyruvate phosphate dikinase
ORF01864	SAG1671	276	conserved hypothetical protein
ORF01865	SAG1672	170	CBS domain protein
ORF01866	SAG1673	377	3-hydroxyacyl-CoA dehydrogenase family protein
ORF01867	SAG1674	182	isochorismatase family protein
ORF01869	SAG1675	261	transcriptional regulator CodY, putative
ORF01870	SAG1676	403	aminotransferase, class I
ORF01871	SAG1677	137	universal stress protein family FRAMESHIFT
ORF01872	SAG1678	460	hydrolase, haloacid dehalogenase-like family
ORF01873	SAG1679	320	asparaginase family protein
ORF01874	SAG1680	292	shikimate 5-dehydrogenase
ORF01875	SAG1681	304	oxidoreductase, aldo/keto reductase family
ORF01876	SAG1682	671	ATP-dependent DNA helicase RecG
ORF01877	SAG1683	512	immunogenic secreted protein, putative
ORF01878	SAG1684	366	alanine racemase
ORF01879	SAG1685	119	holo-(acyl-carrier-protein) synthase
ORF01880	SAG1686	335	phospho-2-dehydro-3-deoxyheptonate aldolase
ORF01881	SAG1687	842	preprotein translocase, SecA subunit
ORF01882	SAG1688	315	mannose-6-phosphate isomerase, class I
ORF01883	SAG1689	293	fructokinase

**Table 32: Conversion of ORF Ref Nos. with SAG Ref Nos.**

ORF Ref No.	SAGxxxx R f No.	aa	Annotation
ORF01885	SAG1690	639	PTS system IIABC components
ORF01886	SAG1691	479	sucrose-6-phosphate hydrolase
ORF01887	SAG1692	320	sucrose operon repressor ScrR
ORF01888	SAG1693	144	N utilization substance protein B
ORF01889	SAG1694	129	conserved hypothetical protein
ORF01890	SAG1695	186	translation elongation factor P
ORF01892	SAG1696	38	hypothetical protein
ORF01893	SAG1697	48	hypothetical protein
ORF01894	SAG1698	99	conserved hypothetical protein
ORF01895	SAG1699	30	hypothetical protein
ORF01896	SAG1700	76	hypothetical protein
ORF01897	SAG1701	56	hypothetical protein
ORF01898	SAG1702	41	hypothetical protein
ORF01899	SAG1703	54	hypothetical protein
ORF01900	SAG1704	150	cytidine/deoxycytidylate deaminase family protein
ORF01902	SAG1705		peptidase, M24 family POINT MUTATION
ORF01903	SAG1706	238	conserved hypothetical protein
ORF01904	SAG1707	499	drug resistance transporter, EmrB/QacA family
ORF01905	SAG1708	38	hypothetical protein
ORF01906	SAG1709	942	excinuclease ABC, A subunit
ORF01907	SAG1710	223	conserved hypothetical protein
ORF01908	SAG1711	314	magnesium transporter, CorA family
ORF01909	SAG1712	79	ribosomal protein S18
ORF01910	SAG1713	163	single-strand binding protein
ORF01911	SAG1714	95	ribosomal protein S6
ORF01912	SAG1715	374	A/G-specific adenine glycosylase
ORF01913	SAG1716	197	transcriptional regulator, Cro/Ci family
ORF01914	SAG1717	104	thioredoxin
ORF01915	SAG1718	166	PAP2 family protein
ORF01916	SAG1719	779	MutS2 family protein
ORF01917	SAG1720	180	conserved hypothetical protein
ORF01918	SAG1721	103	conserved hypothetical protein
ORF01919	SAG1722	297	ribonuclease HIII
ORF01920	SAG1723	197	signal peptidase I
ORF01921	SAG1724	806	helicase, putative
ORF01922	SAG1725	160	conserved hypothetical protein
ORF01923	SAG1726	364	DNA-damage inducible protein P
ORF01924	SAG1727	770	formate acetyltransferase
ORF01925	SAG1728	124	FMN-binding protein
ORF01926	SAG1729	309	conserved hypothetical protein
ORF01927	SAG1730	251	proteinase, putative, degenerate, FRAMESHIFT
ORF01928	SAG1731	298	membrane protein, putative
ORF01929	SAG1732	282	glycerol uptake facilitator protein, putative
ORF01930	SAG1733	150	universal stress protein family
ORF01931	SAG1734	400	transporter, putative
ORF01932	SAG1735	219	transcriptional regulator, Crp/Fnr family
ORF01933	SAG1736	761	X-pro dipeptidyl-peptidase
ORF01934	SAG1737	119	hypothetical protein
ORF01936	SAG1738	326	polyprenyl synthetase family protein
ORF01937	SAG1739	582	ABC transporter, ATP-binding protein CydC
ORF01938	SAG1740	572	ABC transporter, ATP-binding protein CydD
ORF01939	SAG1741	339	cytochrome d ubiquinol oxidase, subunit II
ORF01940	SAG1742	475	cytochrome d oxidase, subunit I
ORF01941	SAG1743	402	pyridine nucleotide-disulphide oxidoreductase family protein

Tabl 32: Conv rsion of ORF R f Nos. with SAG Ref Nos.

ORF Ref No.	SAGxxxx Ref No.	aa	Annotation
ORF01942	SAG1744	299	pr nyltransferas , UbiA family
ORF01943	SAG1745	148	hypothetical protein
ORF01944	SAG1746	35	hypothetical protein
ORF01945	SAG1747	99	conserved hypothetical protein TIGR00103
ORF01946	SAG1748	396	cyclopropane-fatty-acyl-phospholipid synthase
ORF01947	SAG1749	241	transcriptional regulator, merR family
ORF01948	SAG1750	195	exonuclease
ORF01949	SAG1751	178	conserved hypothetical protein
ORF01950	SAG1752	375	conserved hypothetical protein TIGR00275
ORF01951	SAG1753	260	conserved hypothetical protein
ORF01952	SAG1754	89	ribosomal protein S14
ORF01953	SAG1755	38	hypothetical protein
ORF01954	SAG1756	341	conserved hypothetical protein
ORF01957	SAG1757	336	O-sialoglycoprotein endopeptidase family protein
ORF01958	SAG1758	135	ribosomal-protein-alanine acetyltransferase, putative
ORF01960	SAG1759	230	glycoprotease family protein, putative
ORF01961	SAG1760	76	conserved hypothetical protein
ORF01962	SAG1761	559	metallo-beta-lactamase superfamily protein
ORF01963	SAG1762	169	conserved hypothetical protein
ORF01964	SAG1763	448	glutamine synthetase, type I
ORF01965	SAG1764	123	transcriptional regulator GlnR
ORF01967	SAG1765	179	conserved hypothetical protein
ORF01969	SAG1766	398	phosphoglycerate kinase
ORF01970	SAG1767	289	acid phosphatase
ORF01971	SAG1768	336	glyceraldehyde 3-phosphate dehydrogenase
ORF01972	SAG1769	692	translation elongation factor G
ORF01973	SAG1770	156	ribosomal protein S7
ORF01974	SAG1771	137	ribosomal protein S12
ORF01975	SAG1772	270	pur operon repressor
ORF01976	SAG1773	313	HD domain protein
ORF01977	SAG1774	424	conserved hypothetical protein
ORF01978	SAG1775	210	conserved hypothetical protein
ORF01979	SAG1776	220	ribulose-phosphate 3-epimerase
ORF01980	SAG1777	290	conserved hypothetical protein TIGR00157
ORF01981	SAG1778	283	rRNA (guanine-N1-)-methyltransferase, putative
ORF01983	SAG1779	290	dimethyladenosine transferase
ORF01984	SAG1780	163	hypothetical protein
ORF01985	SAG1781	186	primase-related protein
ORF01987	SAG1782	260	deoxyribonuclease, TatD family
ORF01988	SAG1783	90	hypothetical protein
ORF01989	SAG1784	130	hypothetical protein
ORF01990	SAG1785	430	hypothetical protein
ORF01991	SAG1786	130	hypothetical protein
ORF01992	SAG1787	420	dltD protein
ORF01993	SAG1788	79	D-alanyl carrier protein
ORF01994	SAG1789	421	dltB protein
ORF01996	SAG1790	511	D-alanine-activating enzyme
ORF01997	SAG1791	395	sensor histidine kinase
ORF01998	SAG1792	224	DNA-binding response regulator
ORF01999	SAG1793	44	ribosomal protein L34
ORF02000	SAG1794	451	membrane protein, putative
ORF02001	SAG1795	388	transp sas , IS30 family, putative
ORF02002	SAG1796	575	amino acid ABC transporter, permease protein
ORF02004	SAG1797	407	amino acid ABC transporter, ATP-binding protein



Tabl 32: Conversion of ORF Ref Nos. with SAG Ref Nos.

ORF Ref No.	SAGxxx R f No.	aa	Ann tati n
ORF02005	SAG1798	39	hypoth tical protein
ORF02006	SAG1799	792	xylulose-5-phosphate/fructose-6-phosphate phosphoketolase
ORF02007	SAG1800	363	conserved hypothetical protein
ORF02008	SAG1801	559	transcriptional antiterminator, BglG family
ORF02009	SAG1802	253	conserved hypothetical protein
ORF02010	SAG1803	505	carbohydrate kinase, FGGY family
ORF02011	SAG1804	329	hypothetical protein
ORF02012	SAG1805	483	PTS system component, putative
ORF02015	SAG1806	318	glyoxylate reductase, NADH-dependent
ORF02016	SAG1807	339	hypothetical protein
ORF02017	SAG1808	327	sugar binding transcriptional regulator, LacI family
ORF02018	SAG1809	215	transaldolase family protein
ORF02019	SAG1810	238	carbohydrate isomerase, AraD/FucA family
ORF02020	SAG1811	287	hexulose-6-phosphate isomerase, putative
ORF02021	SAG1812	221	hexulose-6-phosphate synthase, putative
ORF02022	SAG1813	161	PTS system, IIA component
ORF02023	SAG1814	92	PTS system, IIB component
ORF02024	SAG1815	479	transport protein SgaT, putative
ORF02025	SAG1816	205	hypothetical protein
ORF02026	SAG1817	157	hypothetical protein
ORF02027	SAG1818	430	adenylosuccinate synthetase
ORF02028	SAG1819	340	perfringolysin O regulator protein
ORF02029	SAG1820	224	conserved hypothetical protein
ORF02030	SAG1821	750	glutamate-cysteine ligase-related protein
ORF02031	SAG1822	272	conserved hypothetical protein
ORF02032	SAG1823	418	conserved hypothetical protein
ORF02033	SAG1824	291	chaperonin, 33 kDa
ORF02034	SAG1825	325	NifR3/Smm1 family protein
ORF02035	SAG1826	213	deoxynucleoside kinase family protein
ORF02036	SAG1827	163	phosphinothricin N-acetyltransferase
ORF02037	SAG1828	815	ATP-dependent Clp protease, ATP-binding subunit
ORF02038	SAG1829	154	transcriptional regulator CtsR
ORF02039	SAG1830	153	conserved hypothetical protein
ORF02040	SAG1831	346	translation elongation factor Ts
ORF02041	SAG1832	256	ribosomal protein S2
ORF02042	SAG1833	186	alkyl hydroperoxide reductase, subunit C
ORF02043	SAG1834	510	alkyl hydroperoxide reductase, subunit F
ORF02044	SAG1835	134	conserved hypothetical protein
ORF02045	SAG1836	61	conserved hypothetical protein
ORF02046	SAG1837	468	lysin, putative
ORF02047	SAG1838	109	holin, putative
ORF02048	SAG1839	136	conserved hypothetical protein
ORF02049	SAG1840	112	hypothetical protein
ORF02050	SAG1841	76	conserved domain protein
ORF02051	SAG1842	1224	PblB, putative
ORF02053	SAG1843	240	conserved hypothetical protein
ORF02056	SAG1844	911	conserved hypothetical protein
ORF02057	SAG1845	42	hypothetical protein
ORF02058	SAG1846	158	hypothetical protein
ORF02059	SAG1847	227	conserv d hypothetical protein
ORF02060	SAG1848	114	conserv d hypothetical protein
ORF02061	SAG1849	115	hypothetical protein

Tabl 32: Conv rsion of ORF R f Nos. with SAG R f Nos.

ORF Ref No.	SAGxxx R f No.	aa	Annotation
ORF02062	SAG1850	101	hypothetical protein
ORF02063	SAG1851	111	cons rved domain protein
ORF02064	SAG1852	420	conserved domain protein
ORF02066	SAG1853	180	protease, putative
ORF02067	SAG1854	380	conserved hypothetical protein
ORF02068	SAG1855	570	terminase large subunit, putative
ORF02069	SAG1856	161	hypothetical protein
ORF02070	SAG1858	95	hypothetical protein
ORF02071	SAG1859	180	site-specific recombinase, phage integrase family
ORF02072	SAG1860	154	conserved hypothetical protein
ORF02073	SAG1861	119	transcriptional regulator, Cro/Ci family
ORF02075	SAG1862	86	hypothetical protein
ORF02076	SAG1863	138	single-strand binding protein
ORF02077	SAG1864	68	hypothetical protein
ORF02078	SAG1865	74	conserved hypothetical protein
ORF02079	SAG1866	109	conserved hypothetical protein
ORF02080	SAG1867	163	conserved hypothetical protein
ORF02081	SAG1868	134	hypothetical protein
ORF02082	SAG1869	437	type II DNA modification methyltransferase, putative
ORF02083	SAG1870	273	DNA replication protein DnaC, putative
ORF02084	SAG1871	248	conserved hypothetical protein
ORF02085	SAG1872	200	hypothetical protein
ORF02086	SAG1873	443	replicative DNA helicase
ORF02087	SAG1874	87	hypothetical protein
ORF02088	SAG1875	94	conserved hypothetical protein
ORF02089	SAG1876	176	HNH endonuclease family protein
ORF02090	SAG1877	236	antirepressor protein, putative
ORF02091	SAG1878	102	conserved domain protein
ORF02092	SAG1879	156	hypothetical protein
ORF02093	SAG1880	54	hypothetical protein
ORF02094	SAG1881	51	hypothetical protein
ORF02095	SAG1882	120	repressor protein, putative
ORF02097	SAG1884	134	hypothetical protein
ORF02098	SAG1885	356	site-specific recombinase, phage integrase family
ORF02100	SAG1886	32	hypothetical protein
ORF02101	SAG1887	689	Na <sup>+</sup> /H <sup>+</sup> exchanger family protein
ORF02102	SAG1888	78	hypothetical protein
ORF02103	SAG1889	317	microcin immunity protein MccF, putative
ORF02104	SAG1890	631	endopeptidase O
ORF02105	SAG1891	327	oxidoreductase, Gfo/ldh/MocA family
ORF02107	SAG1892	358	membrane protein, putative
ORF02108	SAG1893	59	hypothetical protein
ORF02109	SAG1894	214	Cyclic nucleotide-binding domain protein
ORF02110	SAG1895	204	polypeptide deformylase
ORF02111	SAG1896	333	sugar binding transcriptional regulator RegR
ORF02112	SAG1897	634	conserved hypothetical protein
ORF02113	SAG1898	271	PTS system, IID component
ORF02114	SAG1899	288	PTS system, IIC component
ORF02115	SAG1900	164	PTS system, IIB component
ORF02116	SAG1901	398	glucuronyl hydrolase
ORF02118	SAG1902	144	PTS system, IIA component
ORF02119	SAG1903	34	hypothetical protein

Table 32: Conversion of ORF Ref Nos. with SAG Ref Nos.

ORF Ref No.	SAGxxxx Ref No.	aa	Annotation
ORF02120	SAG1904	270	oxidoreductase, short-chain dehydrogenase/reductase family
ORF02121	SAG1905	212	conserved hypothetical protein
ORF02122	SAG1906	335	carbohydrate kinase, PfkB family
ORF02123	SAG1907	212	2-dehydro-3-deoxyphosphogluconate aldolase/4-hydroxy-2-oxoglutarate aldolase
ORF02124	SAG1908	499	hypothetical protein
ORF02125	SAG1909	204	nitroreductase family protein
ORF02126	SAG1910	141	transcriptional regulator, MarR family
ORF02127	SAG1911	1468	DNA polymerase III, alpha subunit, Gram-positive type
ORF02128	SAG1912	194	N-acetylmuramoyl-L-alanine amidase, family 4 protein
ORF02129	SAG1913	617	prolyl-tRNA synthetase
ORF02130	SAG1914	419	membrane-associated zinc metalloprotease, putative
ORF02131	SAG1915	264	phosphatidate cytidyltransferase
ORF02132	SAG1916	250	undecaprenyl diphosphate synthase
ORF02133	SAG1917	113	preprotein translocase, YajC subunit
ORF02134	SAG1918	114	conserved hypothetical protein
ORF02135	SAG1919	387	malate oxidoreductase
ORF02136	SAG1920	445	citrate carrier protein, CCS family
ORF02137	SAG1921	508	sensor histidine kinase family protein
ORF02138	SAG1922	229	response regulator
ORF02139	SAG1923	331	UDP-glucose 4-epimerase
ORF02140	SAG1924	535	glucan 1,6-alpha-glucosidase
ORF02141	SAG1925	377	sugar ABC transporter, ATP-binding protein
ORF02142	SAG1926	283	helix-turn-helix domain protein, fis-type
ORF02143	SAG1927	298	lacX protein
ORF02144	SAG1928	325	tagatose 1,6-diphosphate aldolase
ORF02145	SAG1929	310	tagatose-6-phosphate kinase
ORF02146	SAG1930	171	galactose-6-phosphate isomerase, LacB subunit
ORF02147	SAG1931	141	galactose-6-phosphate isomerase, LacA subunit
ORF02148	SAG1932	816	neuraminidase
ORF02149	SAG1933	482	PTS system, IIC component, putative
ORF02150	SAG1934	101	PTS system, IIB component, putative
ORF02152	SAG1935	157	PTS system, IIA component, putative
ORF02153	SAG1936	258	lactose phosphotransferase system repressor
ORF02156	SAG1937		streptococcal histidine triad family protein, degenerate, FRAMESHIFT
ORF02157	SAG1938	307	adhesion lipoprotein, putative
ORF02158	SAG1939	147	conserved hypothetical protein TIGR00256
ORF02159	SAG1940	738	GTP pyrophosphokinase
ORF02160	SAG1941	800	2',3'-cyclic-nucleotide 2'-phosphodiesterase
ORF02161	SAG1942	151	nrdI protein, putative
ORF02162	SAG1943	345	conserved hypothetical protein
ORF02163	SAG1944	165	conserved hypothetical protein
ORF02164	SAG1945	345	iron ABC transporter, iron-binding protein
ORF02165	SAG1946	257	DNA-binding response regulator
ORF02166	SAG1947	549	conserved hypothetical protein
ORF02167	SAG1948	275	PTS system, IID component
ORF02168	SAG1949	269	PTS system, IIC component
ORF02169	SAG1950	163	PTS system, IIB component
ORF02170	SAG1951	141	PTS system, IIA component, putative
ORF02171	SAG1952	353	membrane protein, putative
ORF02172	SAG1953	60	hypothetical protein

Table 32: Conversion of ORF Ref Nos. with SAG R f Nos.

ORF Ref No.	SAGxxxx R f No.	aa	Annotation
ORF02173	SAG1954	384	hypothetical protein
ORF02174	SAG1955	282	ABC transporter, ATP-binding protein
ORF02175	SAG1956	96	conserved domain protein
ORF02176	SAG1957	250	response regulator
ORF02177	SAG1958	276	conserved hypothetical protein
ORF02178	SAG1959	727	PTS system, IIABC components
ORF02179	SAG1960	551	sensor histidine kinase
ORF02180	SAG1961	225	phosphate regulon response regulator PhoB
ORF02181	SAG1962	218	phosphate transport system regulatory protein PhoU, putative
ORF02182	SAG1963	253	phosphate ABC transporter, ATP-binding protein
ORF02183	SAG1964	292	phosphate ABC transporter, permease protein
ORF02184	SAG1965	281	phosphate ABC transporter, permease protein
ORF02186	SAG1966	293	hemolysin precursor, putative
ORF02187	SAG1967	195	hypothetical protein
ORF02188	SAG1968	246	conserved hypothetical protein TIGR00046
ORF02189	SAG1969	317	ribosomal protein L11 methyltransferase
ORF02190	SAG1970	102	conserved hypothetical protein
ORF02191	SAG1971	41	hypothetical protein
ORF02192	SAG1972	238	transcriptional regulator, MerR family
ORF02194	SAG1973	156	acetyltransferase, GNAT family
ORF02195	SAG1974	152	MutT/nudix family protein
ORF02196	SAG1975	47	hypothetical protein
ORF02197	SAG1976	156	conserved hypothetical protein
ORF02198	SAG1977	163	acetyltransferase, GNAT family
ORF02199	SAG1978	422	ATPase, AAA family
ORF02201	SAG1979	253	hypothetical protein
ORF02202	SAG1980	300	ABC transporter, ATP-binding protein
ORF02203	SAG1981	68	hypothetical protein
ORF02205	SAG1982	359	transcriptional regulator, Cro/Ci family
ORF02206	SAG1983	105	conserved hypothetical protein
ORF02207	SAG1984	188	conserved hypothetical protein TIGR00730
ORF02208	SAG1985	51	hypothetical protein
ORF02209	SAG1986	375	integrase, phage family, putative
ORF02210	SAG1987	61	conserved hypothetical protein
ORF02211	SAG1988	342	conserved hypothetical protein
ORF02212	SAG1989	139	hypothetical protein
ORF02213	SAG1990	127	hypothetical protein
ORF02214	SAG1991	204	transcriptional regulator, Cro/Ci family
ORF02215	SAG1992	518	conserved hypothetical protein
ORF02216	SAG1993	373	site-specific recombinase, phage integrase family
ORF02217	SAG1994	108	conserved hypothetical protein
ORF02219	SAG1995	210	hypothetical protein
ORF02221	SAG1996	263	cell wall anchor protein-related protein
ORF02223	SAG1997	182	hypothetical protein
ORF02224	SAG1998	457	hypothetical protein
ORF02225	SAG1999	47	hypothetical protein
ORF02226	SAG2000	666	membrane protein, putative
ORF02227	SAG2001	756	conjugal transfer protein, interruption-C
ORF02228	SAG2002	129	IS1381, transposase OrfB
ORF02229	SAG2003	127	IS1381, transposase OrfA
ORF02230	SAG2005	138	conserved hypothetical protein
ORF02231	SAG2006	88	conserved hypothetical protein
ORF02232	SAG2007	317	conserved hypothetical protein

Tabl 32: Conv rsion of ORF Ref Nos. with SAG Ref Nos.

ORF Ref No.	SAGxxxx Ref No.	aa	Ann tati n
ORF02233	SAG2008	84	conserv d hypothetical protein
ORF02234	SAG2009	88	conserved hypothetical protein
ORF02235	SAG2010	157	hypothetical protein
ORF02236	SAG2011	160	conserved hypothetical protein
ORF02237	SAG2012	90	hypothetical protein
ORF02238	SAG2013	189	hypothetical protein
ORF02239	SAG2014	449	hypothetical protein
ORF02240	SAG2015	99	transcriptional regulator, Cro/Ci family
ORF02241	SAG2016	125	hypothetical protein
ORF02242	SAG2017	429	transcriptional regulator, Cro/Ci family
ORF02243	SAG2018	553	FtsK/SpoIIIE family protein
ORF02244	SAG2019	153	hypothetical protein
ORF02245	SAG2020	98	hypothetical protein
ORF02246	SAG2021	826	cell wall surface anchor family protein
ORF02247	SAG2022	417	transposase, ISL3 family
ORF02249	SAG2023	546	mercuric reductase
ORF02250	SAG2024	130	mercuric resistance operon regulatory protein MerR
ORF02251	SAG2025	522	Mn2+/Fe2+ transporter, NRAMP family
ORF02252	SAG2026	240	membrane protein, putative
ORF02253	SAG2027	205	ABC transporter, ATP-binding protein
ORF02254	SAG2028	36	conserved hypothetical protein
ORF02255	SAG2029	284	streptomycin resistance protein
ORF02257	SAG2030	130	hypothetical protein
ORF02258	SAG2031	202	hypothetical protein
ORF02259	SAG2032	111	conserved hypothetical protein
ORF02260	SAG2033	162	acetyltransferase, GNAT family
ORF02261	SAG2034	247	membrane protein, putative
ORF02262	SAG2035	300	ABC transporter, ATP-binding protein
ORF02263	SAG2036	68	hypothetical protein
ORF02264	SAG2037	358	transcriptional regulator, Cro/Ci family
ORF02265	SAG2038	204	PAP2 family protein
ORF02266	SAG2039	98	conserved hypothetical protein
ORF02267	SAG2040	186	conserved hypothetical protein TIGR00730
ORF02268	SAG2041	287	protease, putative
ORF02269	SAG2042	100	rhodanese family protein
ORF02270	SAG2043	255	cAMP factor
ORF02271	SAG2044	62	hypothetical protein
ORF02272	SAG2045	179	DNA topology modulation protein FlrR, putative
ORF02273	SAG2046	361	glycerol dehydrogenase, putative
ORF02274	SAG2047	235	conserved hypothetical protein
ORF02275	SAG2048	614	5-methyltetrahydrofolate-homocysteine methyltransferase, putative
ORF02276	SAG2049	745	5-methyltetrahydropteroyltriglutamate-homocysteine methyltransferase
ORF02277	SAG2050	107	conserved hypothetical protein
ORF02278	SAG2051	230	branched-chain amino acid transport protein AziC, putative
ORF02279	SAG2052	41	hypothetical protein
ORF02280	SAG2053	1570	serine protease, subtilase family, putative
ORF02281	SAG2054	228	DNA-binding response regulator
ORF02282	SAG2055	462	sensor histidine kinase
ORF02283	SAG2056	202	chromos m assembly-related protein
ORF02285	SAG2057	833	leucyl-tRNA synthetase
ORF02286	SAG2058	415	major facilitator family protein

Table 32: Conversion of ORF Ref Nos. with SAG Ref Nos.

ORF Ref No.	SAGxxxx Ref No.	aa	Annotation
ORF02287	SAG2059	281	conserved hypothetical protein
ORF02288	SAG2060	398	glycosyl transferase, family 8
ORF02289	SAG2061	401	glycosyl transferase, family 8
ORF02290	SAG2062	179	transcription antitermination protein NusG
ORF02291	SAG2063	630	pathogenicity protein, putative
ORF02292	SAG2064	57	preprotein translocase, SecE subunit, putative
ORF02293	SAG2066	773	penicillin-binding protein 2A
ORF02294	SAG2067	294	ribosomal large subunit pseudouridine synthase, RluD subfamily
ORF02295	SAG2068	546	Lyme disease proteins of unknown function, putative
ORF02296	SAG2069	403	phosphopentomutase
ORF02297	SAG2070	223	deoxyribose-phosphate aldolase
ORF02298	SAG2071	400	Na <sup>+</sup> dependent nucleoside transporter
ORF02300	SAG2072	259	uridine phosphorylase
ORF02301	SAG2073	245	transcriptional regulator, GntR family
ORF02302	SAG2074	540	60 kda chaperonin
ORF02303	SAG2075	94	chaperonin, 10 kDa
ORF02305	SAG2076	267	ABC transporter, ATP-binding protein
ORF02306	SAG2077	298	ABC transporter, permease protein
ORF02307	SAG2078	320	lipoprotein, putative
ORF02308	SAG2079	265	hydrolase, haloacid dehalogenase-like family
ORF02309	SAG2080	286	glyoxalase family protein
ORF02310	SAG2081	243	conserved hypothetical protein
ORF02311	SAG2082	205	anaerobic ribonucleoside-triphosphate reductase activating protein
ORF02312	SAG2083	163	acetyltransferase, GNAT family
ORF02313	SAG2084	310	virulence factor MviM, putative
ORF02314	SAG2085	47	conserved hypothetical protein
ORF02315	SAG2086	723	anaerobic ribonucleoside-triphosphate reductase
ORF02316	SAG2087	495	conserved hypothetical protein
ORF02317	SAG2088	40	hypothetical protein
ORF02318	SAG2089	105	conserved hypothetical protein
ORF02319	SAG2090	136	conserved hypothetical protein TIGR00250
ORF02320	SAG2091	88	conserved hypothetical protein
ORF02321	SAG2092	132	conserved hypothetical protein
ORF02322	SAG2093	379	recA protein
ORF02323	SAG2094		competence/damage-inducible protein CinA FRAMESHIFT
ORF02325	SAG2095	183	DNA-3-methyladenine glycosylase I
ORF02327	SAG2096	196	Holliday junction DNA helicase RuvA
ORF02328	SAG2097	418	transporter, putative
ORF02329	SAG2098	659	DNA mismatch repair protein HexB
ORF02330	SAG2099	33	hypothetical protein
ORF02331	SAG2100	67	cold shock protein, CSD family
ORF02332	SAG2101	858	DNA mismatch repair protein HexA
ORF02333	SAG2102	145	arginine repressor ArgR, putative
ORF02334	SAG2103	563	arginyl-tRNA synthetase
ORF02335	SAG2104	102	conserved hypothetical protein
ORF02337	SAG2105	290	conserved hypothetical protein
ORF02338	SAG2106	314	conserved hypothetical protein
ORF02339	SAG2107	583	aspartyl-tRNA synthetase
ORF02340	SAG2108	426	histidyl-tRNA synthetase
ORF02341	SAG2109	60	ribosomal protein L32

Table 32: C nversion of ORF R f Nos. with SAG R f Nos.

ORF Ref No.	SAGxxx Ref No.	aa	Annotation
ORF02342	SAG2110	49	ribosomal protein L33
ORF02343	SAG2111	173	conserved hypothetical protein
ORF02344	SAG2112	494	site-specific recombinase, phage integrase family
ORF02345	SAG2113	82	conserved hypothetical protein
ORF02346	SAG2114	342	conserved hypothetical protein
ORF02347	SAG2115	143	hypothetical protein
ORF02349	SAG2116	151	conserved hypothetical protein
ORF02350	SAG2117	71	hypothetical protein
ORF02351	SAG2118	306	transcriptional regulator, Cro/Ci family
ORF02352	SAG2119	373	conserved domain protein
ORF02355	SAG2120	56	hypothetical protein
ORF02356	SAG2121	176	hypothetical protein
ORF02357	SAG2122	223	DNA-binding response regulator
ORF02358	SAG2123	454	sensor histidine kinase
ORF02359	SAG2124	517	membrane protein, putative
ORF02360	SAG2125	308	carbamate kinase
ORF02361	SAG2126	332	ornithine carbamoyltransferase
ORF02362	SAG2127	431	sensor histidine kinase
ORF02363	SAG2128	277	response regulator
ORF02364	SAG2129	240	amino acid ABC transporter, ATP-binding protein
ORF02365	SAG2130	504	amino acid ABC transporter, permease and amino acid binding protein
ORF02367	SAG2131	847	membrane protein, putative
ORF02368	SAG2132	247	conserved hypothetical protein
ORF02369	SAG2133	118	conserved hypothetical protein
ORF02370	SAG2134	772	membrane protein, putative
ORF02371	SAG2135	179	transcriptional regulator, TetR family, putative
ORF02372	SAG2136	98	conserved hypothetical protein
ORF02373	SAG2137	203	ribosomal protein S4
ORF02374	SAG2138	95	conserved hypothetical protein
ORF02375	SAG2139	451	replicative DNA helicase
ORF02376	SAG2140	150	ribosomal protein L9
ORF02377	SAG2141	660	DHH family protein
ORF02378	SAG2142	613	glucose inhibited division protein A
ORF02379	SAG2143	203	conserved hypothetical protein TIGR00427
ORF02380	SAG2144	373	tRNA (5-methylaminomethyl-2-thiouridylate)-methyltransferase
ORF02381	SAG2145	222	L-serine dehydratase, iron-sulfur-dependent, beta subunit
ORF02382	SAG2146	290	L-serine dehydratase, iron-sulfur-dependent, alpha subunit
ORF02383	SAG2147	234	conserved hypothetical protein
ORF02384	SAG2148	179	LysM domain protein
ORF02385	SAG2149	264	cobalt transport family protein
ORF02386	SAG2150	280	ABC transporter, ATP-binding protein
ORF02387	SAG2151	279	ABC transporter, ATP-binding protein, FRAMESHIFT
ORF02388	SAG2152	180	CDP-diacylglycerol-glycerol-3-phosphate 3-phosphatidyltransferase
ORF02389	SAG2153	427	peptidase, M16 family
ORF02390	SAG2154	414	conserved hypothetical protein
ORF02391	SAG2155	117	conserv d hypothetical protein
ORF02392	SAG2156	369	recF protein
ORF02393	SAG2157	278	transporter, putative
ORF02395	SAG2158	220	transcriptional regulator, Cro/Ci family

Tabl 32: Conversion of ORF R f Nos. with SAG R f Nos.

ORF Ref No.	SAGxxxx Ref No.	aa	Annotation
ORF02396	SAG2159	493	inosine-5'-monophosphate dehydrogenase
ORF02397	SAG2160	161	transcriptional regulator, ArgR family
ORF02398	SAG2161	226	transcriptional regulator, Crp/Fnr family
ORF02399	SAG2162	234	conserved hypothetical protein
ORF02400	SAG2163	410	arginine deiminase
ORF02401	SAG2164	136	acetyltransferase, GNAT family
ORF02402	SAG2165	337	ornithine carbamoyltransferase
ORF02403	SAG2166	475	arginine/ornithine antiporter
ORF02404	SAG2167	318	carbamate kinase
ORF02405	SAG2168	341	tryptophanyl-tRNA synthetase
ORF02406	SAG2169	230	conserved hypothetical protein
ORF02407	SAG2170	290	conserved hypothetical protein
ORF02408	SAG2171	539	ABC transporter, ATP-binding protein
ORF02409	SAG2172	859	ABC transporter, permease protein, putative
ORF02410	SAG2173	159	conserved hypothetical protein TIGR00246
ORF02411	SAG2174	409	serine protease
ORF02412	SAG2175	257	partitioning protein, ParB family
ORF02413	SAG0001	453	chromosomal replication initiator protein DnaA
ORF02415	SAG0002	378	DNA polymerase III, beta subunit
ORF02416	SAG0003	293	diacylglycerol kinase catalytic domain protein, putative
ORF02417	SAG0004	65	conserved hypothetical protein
ORF02418	SAG0005	67	hypothetical protein
ORF02419	SAG0006	371	conserved hypothetical GTP-binding protein
ORF02420	SAG0007	191	peptidyl-tRNA hydrolase
ORF02421	SAG0008	1165	transcription-repair coupling factor
ORF02422	SAG0009	31	hypothetical protein
ORF02423	SAG0010	90	S4 domain protein
ORF02424	SAG0011	123	cell division protein DivIC, putative
ORF02425	SAG0012	44	conserved hypothetical protein
ORF02426	SAG0013	428	conserved hypothetical protein
ORF02427	SAG0014	424	MesJ/Ycf62 family protein
ORF02428	SAG0015	180	hypoxanthine-guanine phosphoribosyltransferase
ORF02429	SAG0016	658	cell division protein FtsH
ORF03000	SAG0157		Dnase-related protein, DEGENERATE
ORF03001	SAG0579	142	conserved hypothetical protein
ORF03002	SAG0580	111	conserved hypothetical protein, truncation
ORF03003	SAG0652		Tn5252, Orf 28 protein, degenerate
ORF03004	SAG0655	57	conserved hypothetical protein
ORF03005	SAG0662	101	cylX protein
ORF03006	SAG0917	83	Tn916, hypothetical protein
ORF03007	SAG0920	23	Tn916, hypothetical protein
ORF03008	SAG0922	61	Tn916, hypothetical protein
ORF03009	SAG0924	28	Tn916, tetM leader peptide
ORF03010	SAG0936	39	Tn916, hypothetical protein
ORF03011	SAG1484	48	ribosomal protein L33
ORF03012	SAG1857	119	HNH endonuclease family protein
ORF03013	SAG1883	128	conserved hypothetical protein
ORF03014	SAG2065	50	ribosomal protein L33
ORF03015	SAG2004	67	conjugal transfer protein, interruption-N



Table 33: List of GAS ORFs which are shared with GBS and Spn

gi 13621326 gb AAK33146.1	gi 13621393 gb AAK33207.1
gi 13621327 gb AAK33147.1	gi 13621394 gb AAK33208.1
gi 13621328 gb AAK33148.1	gi 13621397 gb AAK33210.1
gi 13621329 gb AAK33149.1	gi 13621398 gb AAK33211.1
gi 13621330 gb AAK33150.1	gi 13621399 gb AAK33212.1
gi 13621331 gb AAK33151.1	gi 13621401 gb AAK33214.1
gi 13621332 gb AAK33152.1	gi 13621403 gb AAK33215.1
gi 13621333 gb AAK33153.1	gi 13621404 gb AAK33216.1
gi 13621334 gb AAK33154.1	gi 13621405 gb AAK33217.1
gi 13621335 gb AAK33155.1	gi 13621407 gb AAK33218.1
gi 13621337 gb AAK33156.1	gi 13621408 gb AAK33219.1
gi 13621340 gb AAK33158.1	gi 13621409 gb AAK33220.1
gi 13621341 gb AAK33159.1	gi 13621413 gb AAK33224.1
gi 13621343 gb AAK33160.1	gi 13621415 gb AAK33226.1
gi 13621344 gb AAK33161.1	gi 13621416 gb AAK33227.1
gi 13621346 gb AAK33163.1	gi 13621418 gb AAK33229.1
gi 13621347 gb AAK33164.1	gi 13621419 gb AAK33230.1
gi 13621348 gb AAK33165.1	gi 13621424 gb AAK33234.1
gi 13621349 gb AAK33166.1	gi 13621425 gb AAK33235.1
gi 13621350 gb AAK33167.1	gi 13621426 gb AAK33236.1
gi 13621353 gb AAK33169.1	gi 13621434 gb AAK33243.1
gi 13621354 gb AAK33170.1	gi 13621450 gb AAK33258.1
gi 13621355 gb AAK33171.1	gi 13621455 gb AAK33262.1
gi 13621357 gb AAK33173.1	gi 13621456 gb AAK33263.1
gi 13621358 gb AAK33174.1	gi 13621457 gb AAK33264.1
gi 13621359 gb AAK33175.1	gi 13621467 gb AAK33273.1
gi 13621361 gb AAK33176.1	gi 13621468 gb AAK33274.1
gi 13621362 gb AAK33177.1	gi 13621469 gb AAK33275.1
gi 13621363 gb AAK33178.1	gi 13621470 gb AAK33276.1
gi 13621364 gb AAK33179.1	gi 13621471 gb AAK33277.1
gi 13621365 gb AAK33180.1	gi 13621472 gb AAK33278.1
gi 13621366 gb AAK33181.1	gi 13621473 gb AAK33279.1
gi 13621367 gb AAK33182.1	gi 13621476 gb AAK33281.1
gi 13621368 gb AAK33183.1	gi 13621477 gb AAK33282.1
gi 13621369 gb AAK33184.1	gi 13621478 gb AAK33283.1
gi 13621370 gb AAK33185.1	gi 13621480 gb AAK33285.1
gi 13621372 gb AAK33186.1	gi 13621481 gb AAK33286.1
gi 13621373 gb AAK33187.1	gi 13621491 gb AAK33295.1
gi 13621374 gb AAK33188.1	gi 13621494 gb AAK33298.1
gi 13621375 gb AAK33189.1	gi 13621496 gb AAK33299.1
gi 13621376 gb AAK33190.1	gi 13621501 gb AAK33304.1
gi 13621377 gb AAK33191.1	gi 13621502 gb AAK33305.1
gi 13621378 gb AAK33192.1	gi 13621505 gb AAK33307.1
gi 13621379 gb AAK33193.1	gi 13621506 gb AAK33308.1
gi 13621380 gb AAK33194.1	gi 13621507 gb AAK33309.1
gi 13621382 gb AAK33196.1	gi 13621510 gb AAK33312.1
gi 13621383 gb AAK33197.1	gi 13621511 gb AAK33313.1
gi 13621384 gb AAK33198.1	gi 13621513 gb AAK33315.1
gi 13621385 gb AAK33199.1	gi 13621516 gb AAK33317.1
gi 13621386 gb AAK33200.1	gi 13621518 gb AAK33319.1
gi 13621387 gb AAK33201.1	gi 13621521 gb AAK33322.1
gi 13621388 gb AAK33202.1	gi 13621522 gb AAK33323.1
gi 13621389 gb AAK33203.1	gi 13621523 gb AAK33324.1
gi 13621390 gb AAK33204.1	gi 13621524 gb AAK33325.1
gi 13621391 gb AAK33205.1	gi 13621525 gb AAK33326.1
gi 13621392 gb AAK33206.1	gi 13621527 gb AAK33327.1

Table 33: List of GAS ORFs which are shared with GBS and Spn

gi 13621528 gb AAK33328.1	gi 13621595 gb AAK33389.1
gi 13621529 gb AAK33329.1	gi 13621596 gb AAK33390.1
gi 13621530 gb AAK33330.1	gi 13621597 gb AAK33391.1
gi 13621531 gb AAK33331.1	gi 13621598 gb AAK33392.1
gi 13621532 gb AAK33332.1	gi 13621599 gb AAK33393.1
gi 13621533 gb AAK33333.1	gi 13621600 gb AAK33394.1
gi 13621534 gb AAK33334.1	gi 13621602 gb AAK33395.1
gi 13621535 gb AAK33335.1	gi 13621603 gb AAK33396.1
gi 13621536 gb AAK33336.1	gi 13621604 gb AAK33397.1
gi 13621537 gb AAK33337.1	gi 13621605 gb AAK33398.1
gi 13621539 gb AAK33338.1	gi 13621606 gb AAK33399.1
gi 13621540 gb AAK33339.1	gi 13621607 gb AAK33400.1
gi 13621541 gb AAK33340.1	gi 13621608 gb AAK33401.1
gi 13621542 gb AAK33341.1	gi 13621609 gb AAK33402.1
gi 13621543 gb AAK33342.1	gi 13621611 gb AAK33404.1
gi 13621544 gb AAK33343.1	gi 13621614 gb AAK33406.1
gi 13621546 gb AAK33345.1	gi 13621615 gb AAK33407.1
gi 13621547 gb AAK33346.1	gi 13621616 gb AAK33408.1
gi 13621548 gb AAK33347.1	gi 13621617 gb AAK33409.1
gi 13621550 gb AAK33348.1	gi 13621618 gb AAK33410.1
gi 13621551 gb AAK33349.1	gi 13621619 gb AAK33411.1
gi 13621552 gb AAK33350.1	gi 13621620 gb AAK33412.1
gi 13621553 gb AAK33351.1	gi 13621621 gb AAK33413.1
gi 13621554 gb AAK33352.1	gi 13621622 gb AAK33414.1
gi 13621555 gb AAK33353.1	gi 13621623 gb AAK33415.1
gi 13621557 gb AAK33355.1	gi 13621624 gb AAK33416.1
gi 13621559 gb AAK33356.1	gi 13621625 gb AAK33417.1
gi 13621560 gb AAK33357.1	gi 13621627 gb AAK33419.1
gi 13621561 gb AAK33358.1	gi 13621629 gb AAK33420.1
gi 13621562 gb AAK33359.1	gi 13621630 gb AAK33421.1
gi 13621563 gb AAK33360.1	gi 13621631 gb AAK33422.1
gi 13621564 gb AAK33361.1	gi 13621633 gb AAK33424.1
gi 13621565 gb AAK33362.1	gi 13621634 gb AAK33425.1
gi 13621566 gb AAK33363.1	gi 13621636 gb AAK33427.1
gi 13621567 gb AAK33364.1	gi 13621637 gb AAK33428.1
gi 13621569 gb AAK33365.1	gi 13621638 gb AAK33429.1
gi 13621571 gb AAK33367.1	gi 13621640 gb AAK33430.1
gi 13621572 gb AAK33368.1	gi 13621642 gb AAK33432.1
gi 13621573 gb AAK33369.1	gi 13621644 gb AAK33434.1
gi 13621574 gb AAK33370.1	gi 13621645 gb AAK33435.1
gi 13621575 gb AAK33371.1	gi 13621647 gb AAK33437.1
gi 13621576 gb AAK33372.1	gi 13621648 gb AAK33438.1
gi 13621577 gb AAK33373.1	gi 13621650 gb AAK33440.1
gi 13621579 gb AAK33374.1	gi 13621651 gb AAK33441.1
gi 13621581 gb AAK33376.1	gi 13621652 gb AAK33442.1
gi 13621582 gb AAK33377.1	gi 13621657 gb AAK33446.1
gi 13621583 gb AAK33378.1	gi 13621658 gb AAK33447.1
gi 13621584 gb AAK33379.1	gi 13621660 gb AAK33449.1
gi 13621585 gb AAK33380.1	gi 13621670 gb AAK33458.1
gi 13621586 gb AAK33381.1	gi 13621671 gb AAK33459.1
gi 13621588 gb AAK33383.1	gi 13621672 gb AAK33460.1
gi 13621589 gb AAK33384.1	gi 13621675 gb AAK33462.1
gi 13621590 gb AAK33385.1	gi 13621676 gb AAK33463.1
gi 13621592 gb AAK33386.1	gi 13621678 gb AAK33465.1
gi 13621593 gb AAK33387.1	gi 13621680 gb AAK33467.1
gi 13621594 gb AAK33388.1	gi 13621681 gb AAK33468.1

**Table 33: List of GAS ORFs which are shared with GBS and Spn**

gi 13621682 gb AAK33469.1	gi 13621796 gb AAK33573.1
gi 13621683 gb AAK33470.1	gi 13621797 gb AAK33574.1
gi 13621684 gb AAK33471.1	gi 13621799 gb AAK33576.1
gi 13621685 gb AAK33472.1	gi 13621800 gb AAK33577.1
gi 13621688 gb AAK33474.1	gi 13621802 gb AAK33579.1
gi 13621689 gb AAK33475.1	gi 13621806 gb AAK33583.1
gi 13621690 gb AAK33476.1	gi 13621808 gb AAK33584.1
gi 13621691 gb AAK33477.1	gi 13621809 gb AAK33585.1
gi 13621692 gb AAK33478.1	gi 13621810 gb AAK33586.1
gi 13621693 gb AAK33479.1	gi 13621811 gb AAK33587.1
gi 13621694 gb AAK33480.1	gi 13621812 gb AAK33588.1
gi 13621695 gb AAK33481.1	gi 13621813 gb AAK33589.1
gi 13621697 gb AAK33483.1	gi 13621814 gb AAK33590.1
gi 13621698 gb AAK33484.1	gi 13621817 gb AAK33592.1
gi 13621700 gb AAK33485.1	gi 13621818 gb AAK33593.1
gi 13621701 gb AAK33486.1	gi 13621819 gb AAK33594.1
gi 13621702 gb AAK33487.1	gi 13621820 gb AAK33595.1
gi 13621714 gb AAK33498.1	gi 13621821 gb AAK33596.1
gi 13621715 gb AAK33499.1	gi 13621822 gb AAK33597.1
gi 13621717 gb AAK33501.1	gi 13621823 gb AAK33598.1
gi 13621718 gb AAK33502.1	gi 13621824 gb AAK33599.1
gi 13621719 gb AAK33503.1	gi 13621825 gb AAK33600.1
gi 13621720 gb AAK33504.1	gi 13621826 gb AAK33601.1
gi 13621726 gb AAK33509.1	gi 13621828 gb AAK33602.1
gi 13621727 gb AAK33510.1	gi 13621829 gb AAK33603.1
gi 13621729 gb AAK33512.1	gi 13621830 gb AAK33604.1
gi 13621730 gb AAK33513.1	gi 13621831 gb AAK33605.1
gi 13621731 gb AAK33514.1	gi 13621834 gb AAK33608.1
gi 13621732 gb AAK33515.1	gi 13621835 gb AAK33609.1
gi 13621733 gb AAK33516.1	gi 13621836 gb AAK33610.1
gi 13621734 gb AAK33517.1	gi 13621837 gb AAK33611.1
gi 13621735 gb AAK33518.1	gi 13621839 gb AAK33612.1
gi 13621736 gb AAK33519.1	gi 13621840 gb AAK33613.1
gi 13621741 gb AAK33523.1	gi 13621841 gb AAK33614.1
gi 13621742 gb AAK33524.1	gi 13621842 gb AAK33615.1
gi 13621743 gb AAK33525.1	gi 13621843 gb AAK33616.1
gi 13621744 gb AAK33526.1	gi 13621844 gb AAK33617.1
gi 13621745 gb AAK33527.1	gi 13621898 gb AAK33667.1
gi 13621747 gb AAK33528.1	gi 13621901 gb AAK33670.1
gi 13621756 gb AAK33537.1	gi 13621902 gb AAK33671.1
gi 13621773 gb AAK33552.1	gi 13621904 gb AAK33672.1
gi 13621774 gb AAK33553.1	gi 13621907 gb AAK33675.1
gi 13621775 gb AAK33554.1	gi 13621908 gb AAK33676.1
gi 13621777 gb AAK33556.1	gi 13621909 gb AAK33677.1
gi 13621778 gb AAK33557.1	gi 13621910 gb AAK33678.1
gi 13621779 gb AAK33558.1	gi 13621912 gb AAK33680.1
gi 13621781 gb AAK33559.1	gi 13621924 gb AAK33690.1
gi 13621782 gb AAK33560.1	gi 13621929 gb AAK33694.1
gi 13621785 gb AAK33563.1	gi 13621930 gb AAK33695.1
gi 13621786 gb AAK33564.1	gi 13621931 gb AAK33696.1
gi 13621787 gb AAK33565.1	gi 13621933 gb AAK33698.1
gi 13621788 gb AAK33566.1	gi 13621934 gb AAK33699.1
gi 13621789 gb AAK33567.1	gi 13621935 gb AAK33700.1
gi 13621790 gb AAK33568.1	gi 13621936 gb AAK33701.1
gi 13621793 gb AAK33571.1	gi 13621937 gb AAK33702.1
gi 13621794 gb AAK33572.1	gi 13621938 gb AAK33703.1

**Table 33: List of GAS ORFs which are shared with GBS and Spn**

gi 13621939 gb AAK33704.1	gi 13622034 gb AAK33790.1
gi 13621942 gb AAK33706.1	gi 13622035 gb AAK33791.1
gi 13621944 gb AAK33708.1	gi 13622039 gb AAK33794.1
gi 13621945 gb AAK33709.1	gi 13622041 gb AAK33796.1
gi 13621946 gb AAK33710.1	gi 13622042 gb AAK33797.1
gi 13621950 gb AAK33714.1	gi 13622043 gb AAK33798.1
gi 13621953 gb AAK33716.1	gi 13622044 gb AAK33799.1
gi 13621954 gb AAK33717.1	gi 13622045 gb AAK33800.1
gi 13621955 gb AAK33718.1	gi 13622046 gb AAK33801.1
gi 13621956 gb AAK33719.1	gi 13622048 gb AAK33802.1
gi 13621957 gb AAK33720.1	gi 13622049 gb AAK33803.1
gi 13621958 gb AAK33721.1	gi 13622050 gb AAK33804.1
gi 13621959 gb AAK33722.1	gi 13622051 gb AAK33805.1
gi 13621961 gb AAK33723.1	gi 13622052 gb AAK33806.1
gi 13621975 gb AAK33736.1	gi 13622054 gb AAK33808.1
gi 13621977 gb AAK33738.1	gi 13622055 gb AAK33809.1
gi 13621978 gb AAK33739.1	gi 13622056 gb AAK33810.1
gi 13621979 gb AAK33740.1	gi 13622058 gb AAK33812.1
gi 13621980 gb AAK33741.1	gi 13622060 gb AAK33813.1
gi 13621981 gb AAK33742.1	gi 13622062 gb AAK33815.1
gi 13621982 gb AAK33743.1	gi 13622064 gb AAK33817.1
gi 13621985 gb AAK33745.1	gi 13622065 gb AAK33818.1
gi 13621986 gb AAK33746.1	gi 13622068 gb AAK33821.1
gi 13621987 gb AAK33747.1	gi 13622069 gb AAK33822.1
gi 13621989 gb AAK33749.1	gi 13622070 gb AAK33823.1
gi 13621990 gb AAK33750.1	gi 13622071 gb AAK33824.1
gi 13621992 gb AAK33752.1	gi 13622073 gb AAK33825.1
gi 13621993 gb AAK33753.1	gi 13622074 gb AAK33826.1
gi 13621994 gb AAK33754.1	gi 13622075 gb AAK33827.1
gi 13621996 gb AAK33755.1	gi 13622077 gb AAK33829.1
gi 13621997 gb AAK33756.1	gi 13622079 gb AAK33831.1
gi 13621998 gb AAK33757.1	gi 13622083 gb AAK33834.1
gi 13621999 gb AAK33758.1	gi 13622085 gb AAK33836.1
gi 13622000 gb AAK33759.1	gi 13622086 gb AAK33837.1
gi 13622001 gb AAK33760.1	gi 13622087 gb AAK33838.1
gi 13622002 gb AAK33761.1	gi 13622088 gb AAK33839.1
gi 13622003 gb AAK33762.1	gi 13622089 gb AAK33840.1
gi 13622004 gb AAK33763.1	gi 13622090 gb AAK33841.1
gi 13622005 gb AAK33764.1	gi 13622091 gb AAK33842.1
gi 13622006 gb AAK33765.1	gi 13622092 gb AAK33843.1
gi 13622008 gb AAK33766.1	gi 13622093 gb AAK33844.1
gi 13622009 gb AAK33767.1	gi 13622095 gb AAK33845.1
gi 13622010 gb AAK33768.1	gi 13622096 gb AAK33846.1
gi 13622012 gb AAK33770.1	gi 13622097 gb AAK33847.1
gi 13622013 gb AAK33771.1	gi 13622162 gb AAK33908.1
gi 13622017 gb AAK33774.1	gi 13622163 gb AAK33909.1
gi 13622018 gb AAK33775.1	gi 13622164 gb AAK33910.1
gi 13622019 gb AAK33776.1	gi 13622165 gb AAK33911.1
gi 13622020 gb AAK33777.1	gi 13622166 gb AAK33912.1
gi 13622021 gb AAK33778.1	gi 13622169 gb AAK33914.1
gi 13622024 gb AAK33781.1	gi 13622170 gb AAK33915.1
gi 13622025 gb AAK33782.1	gi 13622171 gb AAK33916.1
gi 13622026 gb AAK33783.1	gi 13622172 gb AAK33917.1
gi 13622031 gb AAK33787.1	gi 13622174 gb AAK33919.1
gi 13622032 gb AAK33788.1	gi 13622175 gb AAK33920.1
gi 13622033 gb AAK33789.1	gi 13622176 gb AAK33921.1

**Table 33: List of GAS ORFs which are shared with GBS and Spn**

gi 13622177 gb AAK33922.1	gi 13622269 gb AAK34006.1
gi 13622179 gb AAK33923.1	gi 13622271 gb AAK34007.1
gi 13622180 gb AAK33924.1	gi 13622272 gb AAK34008.1
gi 13622181 gb AAK33925.1	gi 13622273 gb AAK34009.1
gi 13622182 gb AAK33926.1	gi 13622274 gb AAK34010.1
gi 13622183 gb AAK33927.1	gi 13622275 gb AAK34011.1
gi 13622184 gb AAK33928.1	gi 13622276 gb AAK34012.1
gi 13622185 gb AAK33929.1	gi 13622277 gb AAK34013.1
gi 13622186 gb AAK33930.1	gi 13622278 gb AAK34014.1
gi 13622189 gb AAK33932.1	gi 13622279 gb AAK34015.1
gi 13622190 gb AAK33933.1	gi 13622281 gb AAK34017.1
gi 13622191 gb AAK33934.1	gi 13622282 gb AAK34018.1
gi 13622192 gb AAK33935.1	gi 13622283 gb AAK34019.1
gi 13622198 gb AAK33940.1	gi 13622284 gb AAK34020.1
gi 13622200 gb AAK33942.1	gi 13622285 gb AAK34021.1
gi 13622201 gb AAK33943.1	gi 13622287 gb AAK34022.1
gi 13622204 gb AAK33946.1	gi 13622288 gb AAK34023.1
gi 13622205 gb AAK33947.1	gi 13622289 gb AAK34024.1
gi 13622207 gb AAK33949.1	gi 13622290 gb AAK34025.1
gi 13622208 gb AAK33950.1	gi 13622294 gb AAK34029.1
gi 13622211 gb AAK33952.1	gi 13622295 gb AAK34030.1
gi 13622213 gb AAK33954.1	gi 13622296 gb AAK34031.1
gi 13622214 gb AAK33955.1	gi 13622297 gb AAK34032.1
gi 13622215 gb AAK33956.1	gi 13622298 gb AAK34033.1
gi 13622216 gb AAK33957.1	gi 13622299 gb AAK34034.1
gi 13622217 gb AAK33958.1	gi 13622301 gb AAK34035.1
gi 13622218 gb AAK33959.1	gi 13622306 gb AAK34040.1
gi 13622219 gb AAK33960.1	gi 13622326 gb AAK34058.1
gi 13622222 gb AAK33962.1	gi 13622328 gb AAK34060.1
gi 13622223 gb AAK33963.1	gi 13622329 gb AAK34061.1
gi 13622224 gb AAK33964.1	gi 13622330 gb AAK34062.1
gi 13622233 gb AAK33972.1	gi 13622332 gb AAK34064.1
gi 13622235 gb AAK33974.1	gi 13622333 gb AAK34065.1
gi 13622236 gb AAK33975.1	gi 13622335 gb AAK34066.1
gi 13622237 gb AAK33976.1	gi 13622338 gb AAK34069.1
gi 13622239 gb AAK33978.1	gi 13622339 gb AAK34070.1
gi 13622240 gb AAK33979.1	gi 13622340 gb AAK34071.1
gi 13622241 gb AAK33980.1	gi 13622341 gb AAK34072.1
gi 13622242 gb AAK33981.1	gi 13622343 gb AAK34073.1
gi 13622243 gb AAK33982.1	gi 13622350 gb AAK34080.1
gi 13622244 gb AAK33983.1	gi 13622351 gb AAK34081.1
gi 13622250 gb AAK33988.1	gi 13622352 gb AAK34082.1
gi 13622252 gb AAK33990.1	gi 13622353 gb AAK34083.1
gi 13622253 gb AAK33991.1	gi 13622355 gb AAK34084.1
gi 13622255 gb AAK33993.1	gi 13622356 gb AAK34085.1
gi 13622256 gb AAK33994.1	gi 13622357 gb AAK34086.1
gi 13622257 gb AAK33995.1	gi 13622358 gb AAK34087.1
gi 13622259 gb AAK33996.1	gi 13622359 gb AAK34088.1
gi 13622260 gb AAK33997.1	gi 13622360 gb AAK34089.1
gi 13622261 gb AAK33998.1	gi 13622361 gb AAK34090.1
gi 13622262 gb AAK33999.1	gi 13622362 gb AAK34091.1
gi 13622263 gb AAK34000.1	gi 13622363 gb AAK34092.1
gi 13622264 gb AAK34001.1	gi 13622364 gb AAK34093.1
gi 13622265 gb AAK34002.1	gi 13622366 gb AAK34094.1
gi 13622266 gb AAK34003.1	gi 13622367 gb AAK34095.1
gi 13622268 gb AAK34005.1	gi 13622368 gb AAK34096.1

Table 33: List of GAS ORFs which are shared with GBS and Spn

gi 13622369 gb AAK34097.1	gi 13622471 gb AAK34189.1
gi 13622370 gb AAK34098.1	gi 13622473 gb AAK34191.1
gi 13622371 gb AAK34099.1	gi 13622474 gb AAK34192.1
gi 13622372 gb AAK34100.1	gi 13622477 gb AAK34195.1
gi 13622373 gb AAK34101.1	gi 13622478 gb AAK34196.1
gi 13622374 gb AAK34102.1	gi 13622479 gb AAK34197.1
gi 13622375 gb AAK34103.1	gi 13622481 gb AAK34198.1
gi 13622376 gb AAK34104.1	gi 13622482 gb AAK34199.1
gi 13622377 gb AAK34105.1	gi 13622483 gb AAK34200.1
gi 13622378 gb AAK34106.1	gi 13622484 gb AAK34201.1
gi 13622380 gb AAK34107.1	gi 13622485 gb AAK34202.1
gi 13622383 gb AAK34110.1	gi 13622486 gb AAK34203.1
gi 13622384 gb AAK34111.1	gi 13622491 gb AAK34207.1
gi 13622387 gb AAK34114.1	gi 13622492 gb AAK34208.1
gi 13622389 gb AAK34116.1	gi 13622493 gb AAK34209.1
gi 13622394 gb AAK34120.1	gi 13622494 gb AAK34210.1
gi 13622395 gb AAK34121.1	gi 13622495 gb AAK34211.1
gi 13622396 gb AAK34122.1	gi 13622496 gb AAK34212.1
gi 13622398 gb AAK34124.1	gi 13622497 gb AAK34213.1
gi 13622399 gb AAK34125.1	gi 13622499 gb AAK34214.1
gi 13622400 gb AAK34126.1	gi 13622500 gb AAK34215.1
gi 13622401 gb AAK34127.1	gi 13622501 gb AAK34216.1
gi 13622403 gb AAK34128.1	gi 13622506 gb AAK34221.1
gi 13622405 gb AAK34130.1	gi 13622507 gb AAK34222.1
gi 13622406 gb AAK34131.1	gi 13622508 gb AAK34223.1
gi 13622407 gb AAK34132.1	gi 13622509 gb AAK34224.1
gi 13622408 gb AAK34133.1	gi 13622511 gb AAK34225.1
gi 13622415 gb AAK34139.1	gi 13622512 gb AAK34226.1
gi 13622416 gb AAK34140.1	gi 13622513 gb AAK34227.1
gi 13622417 gb AAK34141.1	gi 13622515 gb AAK34229.1
gi 13622419 gb AAK34143.1	gi 13622516 gb AAK34230.1
gi 13622420 gb AAK34144.1	gi 13622517 gb AAK34231.1
gi 13622424 gb AAK34147.1	gi 13622518 gb AAK34232.1
gi 13622425 gb AAK34148.1	gi 13622520 gb AAK34233.1
gi 13622431 gb AAK34153.1	gi 13622521 gb AAK34234.1
gi 13622432 gb AAK34154.1	gi 13622523 gb AAK34236.1
gi 13622433 gb AAK34155.1	gi 13622524 gb AAK34237.1
gi 13622434 gb AAK34156.1	gi 13622525 gb AAK34238.1
gi 13622435 gb AAK34157.1	gi 13622526 gb AAK34239.1
gi 13622436 gb AAK34158.1	gi 13622527 gb AAK34240.1
gi 13622437 gb AAK34159.1	gi 13622579 gb AAK34289.1
gi 13622444 gb AAK34165.1	gi 13622583 gb AAK34292.1
gi 13622447 gb AAK34168.1	gi 13622585 gb AAK34294.1
gi 13622450 gb AAK34170.1	gi 13622587 gb AAK34296.1
gi 13622451 gb AAK34171.1	gi 13622588 gb AAK34297.1
gi 13622455 gb AAK34175.1	gi 13622590 gb AAK34299.1
gi 13622457 gb AAK34177.1	gi 13622591 gb AAK34300.1
gi 13622458 gb AAK34178.1	gi 13622593 gb AAK34301.1
gi 13622460 gb AAK34179.1	gi 13622595 gb AAK34303.1
gi 13622461 gb AAK34180.1	gi 13622596 gb AAK34304.1
gi 13622462 gb AAK34181.1	gi 13622597 gb AAK34305.1
gi 13622463 gb AAK34182.1	gi 13622598 gb AAK34306.1
gi 13622464 gb AAK34183.1	gi 13622599 gb AAK34307.1
gi 13622465 gb AAK34184.1	gi 13622600 gb AAK34308.1
gi 13622467 gb AAK34186.1	gi 13622601 gb AAK34309.1
gi 13622468 gb AAK34187.1	gi 13622603 gb AAK34310.1

Table 33: List of GAS ORFs which are shared with GBS and Spn

gi 13622604 gb AAK34311.1	gi 13622711 gb AAK34408.1
gi 13622606 gb AAK34313.1	gi 13622713 gb AAK34410.1
gi 13622607 gb AAK34314.1	gi 13622714 gb AAK34411.1
gi 13622608 gb AAK34315.1	gi 13622715 gb AAK34412.1
gi 13622609 gb AAK34316.1	gi 13622718 gb AAK34414.1
gi 13622610 gb AAK34317.1	gi 13622719 gb AAK34415.1
gi 13622611 gb AAK34318.1	gi 13622720 gb AAK34416.1
gi 13622612 gb AAK34319.1	gi 13622721 gb AAK34417.1
gi 13622615 gb AAK34321.1	gi 13622722 gb AAK34418.1
gi 13622616 gb AAK34322.1	gi 13622723 gb AAK34419.1
gi 13622617 gb AAK34323.1	gi 13622727 gb AAK34422.1
gi 13622618 gb AAK34324.1	gi 13622728 gb AAK34423.1
gi 13622621 gb AAK34327.1	gi 13622729 gb AAK34424.1
gi 13622622 gb AAK34328.1	gi 13622730 gb AAK34425.1
gi 13622623 gb AAK34329.1	gi 13622731 gb AAK34426.1
gi 13622624 gb AAK34330.1	gi 13622733 gb AAK34428.1
gi 13622625 gb AAK34331.1	gi 13622734 gb AAK34429.1
gi 13622626 gb AAK34332.1	gi 13622735 gb AAK34430.1
gi 13622628 gb AAK34333.1	gi 13622736 gb AAK34431.1
gi 13622629 gb AAK34334.1	gi 13622737 gb AAK34432.1
gi 13622630 gb AAK34335.1	gi 13622740 gb AAK34434.1
gi 13622631 gb AAK34336.1	gi 13622741 gb AAK34435.1
gi 13622632 gb AAK34337.1	gi 13622742 gb AAK34436.1
gi 13622634 gb AAK34339.1	gi 13622744 gb AAK34438.1
gi 13622636 gb AAK34341.1	gi 13622745 gb AAK34439.1
gi 13622640 gb AAK34344.1	gi 13622746 gb AAK34440.1
gi 13622641 gb AAK34345.1	gi 13622749 gb AAK34442.1
gi 13622652 gb AAK34355.1	gi 13622750 gb AAK34443.1
gi 13622653 gb AAK34356.1	gi 13622751 gb AAK34444.1
gi 13622654 gb AAK34357.1	gi 13622752 gb AAK34445.1
gi 13622656 gb AAK34359.1	gi 13622753 gb AAK34446.1
gi 13622660 gb AAK34363.1	gi 13622754 gb AAK34447.1
gi 13622665 gb AAK34367.1	gi 13622760 gb AAK34452.1
gi 13622668 gb AAK34370.1	gi 13622762 gb AAK34454.1
gi 13622675 gb AAK34376.1	gi 13622763 gb AAK34455.1
gi 13622676 gb AAK34377.1	gi 13622764 gb AAK34456.1
gi 13622683 gb AAK34383.1	gi 13622765 gb AAK34457.1
gi 13622684 gb AAK34384.1	gi 13622766 gb AAK34458.1
gi 13622685 gb AAK34385.1	gi 13622767 gb AAK34459.1
gi 13622688 gb AAK34387.1	gi 13622768 gb AAK34460.1
gi 13622689 gb AAK34388.1	gi 13622770 gb AAK34462.1
gi 13622690 gb AAK34389.1	gi 13622771 gb AAK34463.1
gi 13622691 gb AAK34390.1	gi 13622774 gb AAK34465.1
gi 13622692 gb AAK34391.1	gi 13622775 gb AAK34466.1
gi 13622693 gb AAK34392.1	gi 13622776 gb AAK34467.1
gi 13622694 gb AAK34393.1	gi 13622777 gb AAK34468.1
gi 13622695 gb AAK34394.1	gi 13622778 gb AAK34469.1
gi 13622696 gb AAK34395.1	gi 13622779 gb AAK34470.1
gi 13622698 gb AAK34396.1	gi 13622780 gb AAK34471.1
gi 13622699 gb AAK34397.1	gi 13622781 gb AAK34472.1
gi 13622700 gb AAK34398.1	gi 13622782 gb AAK34473.1
gi 13622701 gb AAK34399.1	gi 13622783 gb AAK34474.1
gi 13622702 gb AAK34400.1	gi 13622785 gb AAK34475.1
gi 13622703 gb AAK34401.1	gi 13622787 gb AAK34477.1
gi 13622704 gb AAK34402.1	gi 13622789 gb AAK34479.1
gi 13622705 gb AAK34403.1	gi 13622790 gb AAK34480.1

**Table 33: List of GAS ORFs which are shared with GBS and Spn**

gi 13622791 gb AAK34481.1	gi 13622870 gb AAK34553.1
gi 13622792 gb AAK34482.1	gi 13622873 gb AAK34555.1
gi 13622793 gb AAK34483.1	gi 13622875 gb AAK34557.1
gi 13622794 gb AAK34484.1	gi 13622876 gb AAK34558.1
gi 13622795 gb AAK34485.1	gi 13622877 gb AAK34559.1
gi 13622796 gb AAK34486.1	gi 13622878 gb AAK34560.1
gi 13622798 gb AAK34487.1	gi 13622879 gb AAK34561.1
gi 13622799 gb AAK34488.1	gi 13622880 gb AAK34562.1
gi 13622800 gb AAK34489.1	gi 13622881 gb AAK34563.1
gi 13622801 gb AAK34490.1	gi 13622882 gb AAK34564.1
gi 13622802 gb AAK34491.1	gi 13622885 gb AAK34566.1
gi 13622803 gb AAK34492.1	gi 13622886 gb AAK34567.1
gi 13622804 gb AAK34493.1	gi 13622887 gb AAK34568.1
gi 13622805 gb AAK34494.1	gi 13622888 gb AAK34569.1
gi 13622806 gb AAK34495.1	gi 13622890 gb AAK34571.1
gi 13622807 gb AAK34496.1	gi 13622893 gb AAK34574.1
gi 13622808 gb AAK34497.1	gi 13622896 gb AAK34576.1
gi 13622809 gb AAK34498.1	gi 13622898 gb AAK34578.1
gi 13622810 gb AAK34499.1	gi 13622899 gb AAK34579.1
gi 13622812 gb AAK34500.1	gi 13622900 gb AAK34580.1
gi 13622813 gb AAK34501.1	gi 13622901 gb AAK34581.1
gi 13622814 gb AAK34502.1	gi 13622903 gb AAK34583.1
gi 13622815 gb AAK34503.1	gi 13622905 gb AAK34585.1
gi 13622818 gb AAK34506.1	gi 13622906 gb AAK34586.1
gi 13622821 gb AAK34509.1	gi 13622907 gb AAK34587.1
gi 13622822 gb AAK34510.1	gi 13622908 gb AAK34588.1
gi 13622823 gb AAK34511.1	gi 13622910 gb AAK34589.1
gi 13622825 gb AAK34512.1	gi 13622911 gb AAK34590.1
gi 13622826 gb AAK34513.1	gi 13622912 gb AAK34591.1
gi 13622827 gb AAK34514.1	gi 13622913 gb AAK34592.1
gi 13622828 gb AAK34515.1	gi 13622914 gb AAK34593.1
gi 13622829 gb AAK34516.1	gi 13622915 gb AAK34594.1
gi 13622830 gb AAK34517.1	gi 13622917 gb AAK34596.1
gi 13622833 gb AAK34520.1	gi 13622918 gb AAK34597.1
gi 13622838 gb AAK34524.1	gi 13622919 gb AAK34598.1
gi 13622839 gb AAK34525.1	gi 13622921 gb AAK34599.1
gi 13622840 gb AAK34526.1	gi 13622922 gb AAK34600.1
gi 13622841 gb AAK34527.1	gi 13622924 gb AAK34602.1
gi 13622847 gb AAK34532.1	gi 13622925 gb AAK34603.1
gi 13622848 gb AAK34533.1	gi 13622926 gb AAK34604.1
gi 13622849 gb AAK34534.1	gi 13622927 gb AAK34605.1
gi 13622853 gb AAK34537.1	gi 13622928 gb AAK34606.1
gi 13622854 gb AAK34538.1	gi 13622929 gb AAK34607.1
gi 13622856 gb AAK34540.1	gi 13622930 gb AAK34608.1
gi 13622857 gb AAK34541.1	gi 13622931 gb AAK34609.1
gi 13622858 gb AAK34542.1	gi 13622933 gb AAK34610.1
gi 13622860 gb AAK34543.1	gi 13622941 gb AAK34617.1
gi 13622861 gb AAK34544.1	gi 13622944 gb AAK34620.1
gi 13622862 gb AAK34545.1	gi 13622945 gb AAK34621.1
gi 13622863 gb AAK34546.1	gi 13622947 gb AAK34623.1
gi 13622864 gb AAK34547.1	gi 13622948 gb AAK34624.1
gi 13622865 gb AAK34548.1	gi 13622949 gb AAK34625.1
gi 13622866 gb AAK34549.1	gi 13622950 gb AAK34626.1
gi 13622867 gb AAK34550.1	gi 13622952 gb AAK34627.1
gi 13622868 gb AAK34551.1	gi 13622955 gb AAK34630.1
gi 13622869 gb AAK34552.1	gi 13622956 gb AAK34631.1



**Table 33: List of GAS ORFs which are shared with GBS and Spn**

gi 13622959 gb AAK34634.1	gi 13623083 gb AAK34746.1
gi 13622961 gb AAK34636.1	gi 13623085 gb AAK34747.1
gi 13622963 gb AAK34638.1	gi 13623086 gb AAK34748.1
gi 13622964 gb AAK34639.1	gi 13623088 gb AAK34750.1
gi 13622967 gb AAK34641.1	gi 13623089 gb AAK34751.1
gi 13622969 gb AAK34643.1	gi 13623090 gb AAK34752.1
gi 13622971 gb AAK34645.1	gi 13623091 gb AAK34753.1
gi 13622973 gb AAK34647.1	gi 13623093 gb AAK34755.1
gi 13622974 gb AAK34648.1	gi 13623095 gb AAK34756.1
gi 13622977 gb AAK34651.1	gi 13623096 gb AAK34757.1
gi 13622981 gb AAK34654.1	gi 13623098 gb AAK34759.1
gi 13622982 gb AAK34655.1	gi 13623099 gb AAK34760.1
gi 13622983 gb AAK34656.1	gi 13623100 gb AAK34761.1
gi 13622984 gb AAK34657.1	gi 13623102 gb AAK34763.1
gi 13622985 gb AAK34658.1	gi 13623103 gb AAK34764.1
gi 13622989 gb AAK34661.1	gi 13623105 gb AAK34766.1
gi 13622990 gb AAK34662.1	gi 13623107 gb AAK34767.1
gi 13622991 gb AAK34663.1	gi 13623128 gb AAK34787.1
gi 13622992 gb AAK34664.1	gi 13623129 gb AAK34788.1
gi 13622995 gb AAK34666.1	gi 13623131 gb AAK34790.1
gi 13622996 gb AAK34667.1	gi 13623132 gb AAK34791.1
gi 13622998 gb AAK34669.1	gi 13623133 gb AAK34792.1
gi 13622999 gb AAK34670.1	gi 13623134 gb AAK34793.1
gi 13623000 gb AAK34671.1	gi 13623136 gb AAK34794.1
gi 13623001 gb AAK34672.1	gi 13623138 gb AAK34796.1
gi 13623002 gb AAK34673.1	gi 13623139 gb AAK34797.1
gi 13623004 gb AAK34674.1	gi 13623150 gb AAK34807.1
gi 13623005 gb AAK34675.1	gi 13623151 gb AAK34808.1
gi 13623006 gb AAK34676.1	gi 13623152 gb AAK34809.1
gi 13623007 gb AAK34677.1	gi 13623154 gb AAK34811.1
gi 13623009 gb AAK34679.1	gi 13623155 gb AAK34812.1
gi 13623019 gb AAK34688.1	gi 13623156 gb AAK34813.1
gi 13623020 gb AAK34689.1	gi 13623157 gb AAK34814.1
gi 13623030 gb AAK34698.1	gi 13623159 gb AAK34815.1
gi 13623031 gb AAK34699.1	gi 13623161 gb AAK34817.1
gi 13623032 gb AAK34700.1	gi 13623162 gb AAK34818.1
gi 13623033 gb AAK34701.1	gi 13623163 gb AAK34819.1
gi 13623038 gb AAK34705.1	gi 13623165 gb AAK34821.1
gi 13623045 gb AAK34712.1	gi 13623166 gb AAK34822.1
gi 13623046 gb AAK34713.1	gi 13623167 gb AAK34823.1
gi 13623047 gb AAK34714.1	gi 13623168 gb AAK34824.1
gi 13623049 gb AAK34715.1	gi 13623170 gb AAK34826.1
gi 13623050 gb AAK34716.1	gi 13623171 gb AAK34827.1
gi 13623051 gb AAK34717.1	gi 13623175 gb AAK34830.1
gi 13623052 gb AAK34718.1	gi 13623176 gb AAK34831.1
gi 13623053 gb AAK34719.1	gi 13623177 gb AAK34832.1
gi 13623054 gb AAK34720.1	gi 13623179 gb AAK34834.1
gi 13623056 gb AAK34722.1	gi 13623180 gb AAK34835.1
gi 13623058 gb AAK34724.1	gi 13623182 gb AAK34836.1
gi 13623062 gb AAK34727.1	gi 13623183 gb AAK34837.1
gi 13623064 gb AAK34729.1	gi 13623184 gb AAK34838.1
gi 13623065 gb AAK34730.1	gi 13623185 gb AAK34839.1
gi 13623069 gb AAK34733.1	gi 13623186 gb AAK34840.1
gi 13623074 gb AAK34738.1	gi 13623187 gb AAK34841.1
gi 13623081 gb AAK34744.1	
gi 13623082 gb AAK34745.1	

**Table 34: List of GAS ORF's which are shared with GBS but not with Spn**

gi 13621381 gb AAK33195.1	gi 13621988 gb AAK33748.1
gi 13621423 gb AAK33233.1	gi 13622014 gb AAK33772.1
gi 13621440 gb AAK33249.1	gi 13622015 gb AAK33773.1
gi 13621443 gb AAK33251.1	gi 13622022 gb AAK33779.1
gi 13621453 gb AAK33260.1	gi 13622023 gb AAK33780.1
gi 13621454 gb AAK33261.1	gi 13622028 gb AAK33784.1
gi 13621479 gb AAK33284.1	gi 13622029 gb AAK33785.1
gi 13621482 gb AAK33287.1	gi 13622037 gb AAK33792.1
gi 13621492 gb AAK33296.1	gi 13622038 gb AAK33793.1
gi 13621493 gb AAK33297.1	gi 13622040 gb AAK33795.1
gi 13621497 gb AAK33300.1	gi 13622057 gb AAK33811.1
gi 13621498 gb AAK33301.1	gi 13622061 gb AAK33814.1
gi 13621512 gb AAK33314.1	gi 13622063 gb AAK33816.1
gi 13621514 gb AAK33316.1	gi 13622066 gb AAK33819.1
gi 13621556 gb AAK33354.1	gi 13622067 gb AAK33820.1
gi 13621570 gb AAK33366.1	gi 13622076 gb AAK33828.1
gi 13621587 gb AAK33382.1	gi 13622078 gb AAK33830.1
gi 13621610 gb AAK33403.1	gi 13622084 gb AAK33835.1
gi 13621613 gb AAK33405.1	gi 13622098 gb AAK33848.1
gi 13621626 gb AAK33418.1	gi 13622099 gb AAK33849.1
gi 13621632 gb AAK33423.1	gi 13622100 gb AAK33850.1
gi 13621635 gb AAK33426.1	gi 13622104 gb AAK33854.1
gi 13621643 gb AAK33433.1	gi 13622110 gb AAK33859.1
gi 13621655 gb AAK33444.1	gi 13622116 gb AAK33865.1
gi 13621656 gb AAK33445.1	gi 13622124 gb AAK33873.1
gi 13621659 gb AAK33448.1	gi 13622159 gb AAK33905.1
gi 13621673 gb AAK33461.1	gi 13622193 gb AAK33936.1
gi 13621686 gb AAK33473.1	gi 13622194 gb AAK33937.1
gi 13621696 gb AAK33482.1	gi 13622195 gb AAK33938.1
gi 13621703 gb AAK33488.1	gi 13622196 gb AAK33939.1
gi 13621712 gb AAK33497.1	gi 13622202 gb AAK33944.1
gi 13621728 gb AAK33511.1	gi 13622203 gb AAK33945.1
gi 13621738 gb AAK33520.1	gi 13622206 gb AAK33948.1
gi 13621739 gb AAK33521.1	gi 13622210 gb AAK33951.1
gi 13621740 gb AAK33522.1	gi 13622221 gb AAK33961.1
gi 13621772 gb AAK33551.1	gi 13622231 gb AAK33971.1
gi 13621776 gb AAK33555.1	gi 13622234 gb AAK33973.1
gi 13621791 gb AAK33569.1	gi 13622238 gb AAK33977.1
gi 13621798 gb AAK33575.1	gi 13622245 gb AAK33984.1
gi 13621801 gb AAK33578.1	gi 13622246 gb AAK33985.1
gi 13621803 gb AAK33580.1	gi 13622248 gb AAK33986.1
gi 13621804 gb AAK33581.1	gi 13622249 gb AAK33987.1
gi 13621832 gb AAK33606.1	gi 13622251 gb AAK33989.1
gi 13621833 gb AAK33607.1	gi 13622254 gb AAK33992.1
gi 13621896 gb AAK33665.1	gi 13622267 gb AAK34004.1
gi 13621897 gb AAK33666.1	gi 13622291 gb AAK34026.1
gi 13621906 gb AAK33674.1	gi 13622302 gb AAK34036.1
gi 13621911 gb AAK33679.1	gi 13622303 gb AAK34037.1
gi 13621949 gb AAK33713.1	gi 13622304 gb AAK34038.1
gi 13621951 gb AAK33715.1	gi 13622327 gb AAK34059.1
gi 13621962 gb AAK33724.1	gi 13622344 gb AAK34074.1
gi 13621963 gb AAK33725.1	gi 13622345 gb AAK34075.1
gi 13621964 gb AAK33726.1	gi 13622346 gb AAK34076.1
gi 13621971 gb AAK33732.1	gi 13622347 gb AAK34077.1
gi 13621976 gb AAK33737.1	gi 13622348 gb AAK34078.1
gi 13621983 gb AAK33744.1	gi 13622349 gb AAK34079.1

Tabl 34: List of GAS ORF's which are shared with GBS but n t with Spn

gi 13622382 gb AAK34109.1	gi 13622816 gb AAK34504.1
gi 13622386 gb AAK34113.1	gi 13622817 gb AAK34505.1
gi 13622391 gb AAK34118.1	gi 13622846 gb AAK34531.1
gi 13622392 gb AAK34119.1	gi 13622852 gb AAK34536.1
gi 13622397 gb AAK34123.1	gi 13622874 gb AAK34556.1
gi 13622404 gb AAK34129.1	gi 13622889 gb AAK34570.1
gi 13622412 gb AAK34136.1	gi 13622891 gb AAK34572.1
gi 13622413 gb AAK34137.1	gi 13622892 gb AAK34573.1
gi 13622414 gb AAK34138.1	gi 13622897 gb AAK34577.1
gi 13622418 gb AAK34142.1	gi 13622902 gb AAK34582.1
gi 13622430 gb AAK34152.1	gi 13622904 gb AAK34584.1
gi 13622446 gb AAK34167.1	gi 13622916 gb AAK34595.1
gi 13622449 gb AAK34169.1	gi 13622923 gb AAK34601.1
gi 13622453 gb AAK34173.1	gi 13622934 gb AAK34611.1
gi 13622470 gb AAK34188.1	gi 13622953 gb AAK34628.1
gi 13622487 gb AAK34204.1	gi 13622954 gb AAK34629.1
gi 13622490 gb AAK34206.1	gi 13622960 gb AAK34635.1
gi 13622502 gb AAK34217.1	gi 13622968 gb AAK34642.1
gi 13622503 gb AAK34218.1	gi 13622980 gb AAK34653.1
gi 13622514 gb AAK34228.1	gi 13622987 gb AAK34659.1
gi 13622528 gb AAK34241.1	gi 13623012 gb AAK34682.1
gi 13622540 gb AAK34252.1	gi 13623013 gb AAK34683.1
gi 13622541 gb AAK34253.1	gi 13623014 gb AAK34684.1
gi 13622544 gb AAK34255.1	gi 13623015 gb AAK34685.1
gi 13622545 gb AAK34256.1	gi 13623016 gb AAK34686.1
gi 13622546 gb AAK34257.1	gi 13623018 gb AAK34687.1
gi 13622547 gb AAK34258.1	gi 13623022 gb AAK34691.1
gi 13622548 gb AAK34259.1	gi 13623029 gb AAK34697.1
gi 13622550 gb AAK34261.1	gi 13623037 gb AAK34704.1
gi 13622551 gb AAK34262.1	gi 13623055 gb AAK34721.1
gi 13622552 gb AAK34263.1	gi 13623060 gb AAK34725.1
gi 13622556 gb AAK34267.1	gi 13623061 gb AAK34726.1
gi 13622557 gb AAK34268.1	gi 13623063 gb AAK34728.1
gi 13622558 gb AAK34269.1	gi 13623066 gb AAK34731.1
gi 13622559 gb AAK34270.1	gi 13623068 gb AAK34732.1
gi 13622563 gb AAK34273.1	gi 13623092 gb AAK34754.1
gi 13622571 gb AAK34281.1	gi 13623097 gb AAK34758.1
gi 13622576 gb AAK34286.1	gi 13623104 gb AAK34765.1
gi 13622581 gb AAK34290.1	gi 13623126 gb AAK34785.1
gi 13622582 gb AAK34291.1	gi 13623130 gb AAK34789.1
gi 13622586 gb AAK34295.1	gi 13623137 gb AAK34795.1
gi 13622589 gb AAK34298.1	gi 13623153 gb AAK34810.1
gi 13622605 gb AAK34312.1	gi 13623164 gb AAK34820.1
gi 13622633 gb AAK34338.1	gi 13623178 gb AAK34833.1
gi 13622635 gb AAK34340.1	
gi 13622637 gb AAK34342.1	
gi 13622638 gb AAK34343.1	
gi 13622657 gb AAK34360.1	
gi 13622707 gb AAK34404.1	
gi 13622716 gb AAK34413.1	
gi 13622724 gb AAK34420.1	
gi 13622732 gb AAK34427.1	
gi 13622743 gb AAK34437.1	
gi 13622761 gb AAK34453.1	
gi 13622773 gb AAK34464.1	
gi 13622788 gb AAK34478.1	

**Table 35: GAS ORF's which are shared with pneumococcus  
but not with GBS**

gi 13621338 gb AAK33157.1	gi 13623027 gb AAK34695.1
gi 13621352 gb AAK33168.1	gi 13623087 gb AAK34749.1
gi 13621410 gb AAK33221.1	gi 13623101 gb AAK34762.1
gi 13621433 gb AAK33242.1	gi 13623144 gb AAK34802.1
gi 13621445 gb AAK33253.1	gi 13623146 gb AAK34804.1
gi 13621446 gb AAK33254.1	gi 13623147 gb AAK34805.1
gi 13621447 gb AAK33255.1	
gi 13621448 gb AAK33256.1	
gi 13621449 gb AAK33257.1	
gi 13621451 gb AAK33259.1	
gi 13621460 gb AAK33267.1	
gi 13621466 gb AAK33272.1	
gi 13621489 gb AAK33293.1	
gi 13621490 gb AAK33294.1	
gi 13621519 gb AAK33320.1	
gi 13621520 gb AAK33321.1	
gi 13621653 gb AAK33443.1	
gi 13621722 gb AAK33506.1	
gi 13621723 gb AAK33507.1	
gi 13621724 gb AAK33508.1	
gi 13621805 gb AAK33582.1	
gi 13621900 gb AAK33669.1	
gi 13622011 gb AAK33769.1	
gi 13622212 gb AAK33953.1	
gi 13622280 gb AAK34016.1	
gi 13622381 gb AAK34108.1	
gi 13622409 gb AAK34134.1	
gi 13622410 gb AAK34135.1	
gi 13622423 gb AAK34146.1	
gi 13622428 gb AAK34151.1	
gi 13622441 gb AAK34162.1	
gi 13622442 gb AAK34163.1	
gi 13622454 gb AAK34174.1	
gi 13622456 gb AAK34176.1	
gi 13622619 gb AAK34325.1	
gi 13622642 gb AAK34346.1	
gi 13622643 gb AAK34347.1	
gi 13622664 gb AAK34366.1	
gi 13622666 gb AAK34368.1	
gi 13622667 gb AAK34369.1	
gi 13622671 gb AAK34372.1	
gi 13622672 gb AAK34373.1	
gi 13622673 gb AAK34374.1	
gi 13622674 gb AAK34375.1	
gi 13622679 gb AAK34380.1	
gi 13622680 gb AAK34381.1	
gi 13622682 gb AAK34382.1	
gi 13622755 gb AAK34448.1	
gi 13622758 gb AAK34450.1	
gi 13622759 gb AAK34451.1	
gi 13622835 gb AAK34521.1	
gi 13622837 gb AAK34523.1	
gi 13622937 gb AAK34614.1	
gi 13622942 gb AAK34618.1	
gi 13622946 gb AAK34622.1	
gi 13622978 gb AAK34652.1	

**Table 36: Spn ORF's are shared with GBS and GAS**

SP0001	SP0158	SP0254	SP0385
SP0002	SP0173	SP0259	SP0386
SP0003	SP0179	SP0261	SP0387
SP0004	SP0180	SP0262	SP0400
SP0005	SP0184	SP0263	SP0401
SP0006	SP0185	SP0264	SP0402
SP0007	SP0186	SP0265	SP0403
SP0008	SP0187	SP0266	SP0404
SP0010	SP0189	SP0268	SP0405
SP0011	SP0192	SP0271	SP0406
SP0013	SP0194	SP0272	SP0408
SP0014	SP0197	SP0273	SP0410
SP0019	SP0199	SP0274	SP0411
SP0021	SP0202	SP0280	SP0412
SP0024	SP0204	SP0281	SP0415
SP0027	SP0205	SP0282	SP0416
SP0032	SP0208	SP0283	SP0417
SP0033	SP0209	SP0284	SP0418
SP0034	SP0210	SP0285	SP0419
SP0035	SP0211	SP0286	SP0420
SP0036	SP0212	SP0287	SP0421
SP0037	SP0213	SP0289	SP0422
SP0042	SP0214	SP0290	SP0423
SP0044	SP0215	SP0291	SP0424
SP0045	SP0216	SP0292	SP0425
SP0046	SP0217	SP0294	SP0426
SP0047	SP0218	SP0295	SP0427
SP0048	SP0219	SP0303	SP0433
SP0051	SP0220	SP0310	SP0434
SP0053	SP0221	SP0314	SP0435
SP0054	SP0222	SP0317	SP0436
SP0056	SP0224	SP0318	SP0437
SP0063	SP0225	SP0319	SP0438
SP0073	SP0226	SP0320	SP0439
SP0074	SP0227	SP0321	SP0441
SP0078	SP0228	SP0322	SP0442
SP0079	SP0229	SP0323	SP0443
SP0083	SP0230	SP0324	SP0452
SP0084	SP0231	SP0325	SP0453
SP0085	SP0232	SP0327	SP0454
SP0095	SP0233	SP0330	SP0457
SP0105	SP0234	SP0334	SP0458
SP0106	SP0235	SP0336	SP0459
SP0111	SP0236	SP0337	SP0461
SP0112	SP0240	SP0338	SP0466
SP0118	SP0242	SP0340	SP0467
SP0120	SP0243	SP0342	SP0474
SP0121	SP0245	SP0369	SP0477
SP0122	SP0246	SP0370	SP0478
SP0127	SP0247	SP0371	SP0483
SP0128	SP0248	SP0373	SP0486
SP0129	SP0249	SP0374	SP0488
SP0148	SP0250	SP0381	SP0489
SP0149	SP0251	SP0382	SP0493
SP0151	SP0252	SP0383	SP0494
SP0152	SP0253	SP0384	SP0499

Tabl 36: Spn ORF's are shar d with GBS and GAS

SP0500	SP0652	SP0787	SP0895
SP0501	SP0657	SP0788	SP0896
SP0502	SP0660	SP0792	SP0897
SP0515	SP0662	SP0793	SP0904
SP0516	SP0663	SP0797	SP0905
SP0517	SP0665	SP0798	SP0908
SP0519	SP0668	SP0799	SP0909
SP0521	SP0669	SP0801	SP0912
SP0522	SP0671	SP0802	SP0923
SP0523	SP0672	SP0803	SP0927
SP0526	SP0673	SP0805	SP0928
SP0549	SP0674	SP0806	SP0929
SP0550	SP0675	SP0807	SP0931
SP0552	SP0676	SP0816	SP0932
SP0553	SP0678	SP0817	SP0933
SP0554	SP0680	SP0820	SP0935
SP0555	SP0681	SP0822	SP0936
SP0556	SP0687	SP0823	SP0937
SP0557	SP0688	SP0824	SP0938
SP0563	SP0689	SP0825	SP0943
SP0567	SP0690	SP0828	SP0944
SP0568	SP0701	SP0829	SP0945
SP0576	SP0702	SP0831	SP0946
SP0577	SP0709	SP0835	SP0947
SP0578	SP0713	SP0837	SP0948
SP0579	SP0726	SP0838	SP0954
SP0581	SP0727	SP0839	SP0955
SP0588	SP0729	SP0841	SP0959
SP0589	SP0735	SP0843	SP0960
SP0591	SP0736	SP0844	SP0961
SP0592	SP0741	SP0845	SP0962
SP0593	SP0744	SP0846	SP0964
SP0603	SP0745	SP0847	SP0966
SP0604	SP0746	SP0848	SP0967
SP0605	SP0756	SP0851	SP0968
SP0608	SP0757	SP0852	SP0969
SP0610	SP0758	SP0855	SP0970
SP0611	SP0760	SP0856	SP0971
SP0613	SP0761	SP0862	SP0972
SP0614	SP0762	SP0864	SP0974
SP0615	SP0764	SP0865	SP0975
SP0616	SP0765	SP0867	SP0976
SP0618	SP0766	SP0868	SP0978
SP0620	SP0767	SP0869	SP0979
SP0622	SP0768	SP0870	SP0980
SP0623	SP0770	SP0871	SP0981
SP0624	SP0771	SP0872	SP0984
SP0626	SP0775	SP0873	SP0985
SP0630	SP0776	SP0875	SP0987
SP0631	SP0778	SP0876	SP0988
SP0636	SP0779	SP0877	SP0989
SP0637	SP0780	SP0878	SP0991
SP0638	SP0782	SP0880	SP0992
SP0645	SP0784	SP0881	SP0993
SP0646	SP0785	SP0893	SP1002
SP0647	SP0786	SP0894	SP1003

**Table 36: Spn ORF's are shared with GBS and GAS**

SP1004	SP1117	SP1242	SP1387
SP1008	SP1118	SP1244	SP1388
SP1010	SP1119	SP1245	SP1389
SP1012	SP1128	SP1246	SP1390
SP1016	SP1151	SP1247	SP1393
SP1017	SP1152	SP1248	SP1394
SP1018	SP1155	SP1249	SP1395
SP1020	SP1156	SP1260	SP1396
SP1021	SP1157	SP1263	SP1397
SP1022	SP1159	SP1266	SP1398
SP1024	SP1160	SP1275	SP1399
SP1025	SP1161	SP1276	SP1400
SP1026	SP1162	SP1277	SP1402
SP1029	SP1163	SP1278	SP1403
SP1033	SP1164	SP1279	SP1404
SP1034	SP1167	SP1280	SP1405
SP1035	SP1168	SP1283	SP1406
SP1045	SP1169	SP1284	SP1407
SP1056	SP1174	SP1285	SP1408
SP1067	SP1175	SP1286	SP1409
SP1068	SP1176	SP1287	SP1411
SP1069	SP1177	SP1288	SP1412
SP1070	SP1178	SP1289	SP1413
SP1071	SP1179	SP1290	SP1414
SP1072	SP1180	SP1291	SP1415
SP1073	SP1182	SP1293	SP1416
SP1074	SP1184	SP1297	SP1420
SP1076	SP1185	SP1298	SP1421
SP1079	SP1187	SP1299	SP1427
SP1081	SP1190	SP1308	SP1428
SP1082	SP1191	SP1316	SP1429
SP1083	SP1192	SP1324	SP1434
SP1084	SP1193	SP1329	SP1435
SP1087	SP1197	SP1330	SP1445
SP1088	SP1200	SP1331	SP1446
SP1089	SP1202	SP1336	SP1448
SP1090	SP1204	SP1341	SP1449
SP1093	SP1205	SP1354	SP1450
SP1094	SP1207	SP1355	SP1452
SP1095	SP1208	SP1357	SP1453
SP1096	SP1212	SP1358	SP1456
SP1097	SP1213	SP1359	SP1457
SP1098	SP1218	SP1362	SP1458
SP1099	SP1219	SP1368	SP1460
SP1100	SP1220	SP1370	SP1461
SP1102	SP1225	SP1371	SP1462
SP1105	SP1226	SP1372	SP1465
SP1106	SP1227	SP1374	SP1466
SP1107	SP1228	SP1375	SP1469
SP1110	SP1229	SP1376	SP1470
SP1111	SP1230	SP1377	SP1473
SP1112	SP1231	SP1378	SP1474
SP1113	SP1232	SP1380	SP1475
SP1114	SP1233	SP1381	SP1478
SP1115	SP1238	SP1383	SP1479
SP1116	SP1241	SP1386	SP1482

**Table 36: Spn ORF's are shared with GBS and GAS**

SP1483	SP1580	SP1685	SP1857
SP1485	SP1583	SP1688	SP1858
SP1489	SP1584	SP1689	SP1860
SP1491	SP1586	SP1697	SP1861
SP1498	SP1587	SP1698	SP1865
SP1500	SP1588	SP1699	SP1871
SP1501	SP1589	SP1702	SP1873
SP1502	SP1590	SP1709	SP1874
SP1504	SP1591	SP1711	SP1875
SP1505	SP1597	SP1712	SP1876
SP1507	SP1598	SP1713	SP1877
SP1508	SP1599	SP1714	SP1878
SP1509	SP1602	SP1717	SP1879
SP1510	SP1603	SP1721	SP1880
SP1511	SP1606	SP1722	SP1881
SP1512	SP1608	SP1724	SP1883
SP1513	SP1609	SP1725	SP1884
SP1517	SP1610	SP1726	SP1887
SP1518	SP1615	SP1727	SP1888
SP1519	SP1616	SP1732	SP1889
SP1521	SP1617	SP1733	SP1890
SP1522	SP1624	SP1734	SP1895
SP1523	SP1625	SP1735	SP1896
SP1529	SP1626	SP1736	SP1900
SP1530	SP1631	SP1737	SP1901
SP1534	SP1633	SP1738	SP1902
SP1535	SP1638	SP1739	SP1903
SP1536	SP1644	SP1742	SP1906
SP1537	SP1645	SP1743	SP1908
SP1538	SP1646	SP1744	SP1909
SP1539	SP1647	SP1746	SP1916
SP1540	SP1648	SP1747	SP1918
SP1541	SP1649	SP1748	SP1922
SP1542	SP1650	SP1749	SP1940
SP1544	SP1652	SP1750	SP1942
SP1547	SP1653	SP1752	SP1944
SP1549	SP1655	SP1759	SP1953
SP1551	SP1659	SP1776	SP1957
SP1552	SP1661	SP1780	SP1960
SP1553	SP1662	SP1781	SP1961
SP1554	SP1664	SP1782	SP1963
SP1557	SP1665	SP1785	SP1964
SP1558	SP1666	SP1790	SP1966
SP1559	SP1667	SP1795	SP1967
SP1560	SP1668	SP1799	SP1968
SP1561	SP1670	SP1804	SP1969
SP1563	SP1671	SP1816	SP1970
SP1564	SP1672	SP1817	SP1972
SP1565	SP1674	SP1825	SP1973
SP1566	SP1675	SP1839	SP1974
SP1568	SP1676	SP1840	SP1975
SP1569	SP1677	SP1845	SP1976
SP1571	SP1681	SP1847	SP1979
SP1574	SP1682	SP1848	SP1980
SP1575	SP1683	SP1851	SP1981
SP1577	SP1684	SP1855	SP1982



**Table 36: Spn ORF's are shared with GBS and GAS**

SP1983	SP2085	SP2206
SP1984	SP2086	SP2207
SP1985	SP2087	SP2208
SP1987	SP2088	SP2209
SP1989	SP2090	SP2210
SP1990	SP2091	SP2214
SP1991	SP2092	SP2215
SP1993	SP2094	SP2216
SP1994	SP2099	SP2219
SP1996	SP2100	SP2220
SP1997	SP2101	SP2221
SP1998	SP2106	SP2222
SP1999	SP2107	SP2224
SP2006	SP2108	SP2225
SP2007	SP2109	SP2226
SP2010	SP2110	SP2227
SP2011	SP2112	SP2228
SP2012	SP2113	SP2229
SP2020	SP2114	SP2230
SP2021	SP2119	SP2231
SP2022	SP2121	SP2233
SP2027	SP2129	SP2234
SP2028	SP2131	SP2235
SP2030	SP2135	SP2238
SP2031	SP2142	SP2239
SP2032	SP2148	SP2240
SP2033	SP2150	
SP2034	SP2151	
SP2035	SP2152	
SP2036	SP2153	
SP2037	SP2156	
SP2038	SP2161	
SP2040	SP2162	
SP2041	SP2169	
SP2042	SP2170	
SP2044	SP2171	
SP2045	SP2172	
SP2048	SP2173	
SP2052	SP2174	
SP2053	SP2175	
SP2054	SP2176	
SP2055	SP2184	
SP2056	SP2185	
SP2057	SP2186	
SP2058	SP2187	
SP2063	SP2188	
SP2065	SP2189	
SP2069	SP2191	
SP2070	SP2192	
SP2072	SP2193	
SP2073	SP2194	
SP2075	SP2195	
SP2077	SP2202	
SP2078	SP2203	
SP2082	SP2204	
SP2083	SP2205	

**Table 37: Spn ORF's which are shared with GBS but not with GAS**

SP0012	SP0725	SP1360	SP1927
SP0020	SP0730	SP1361	SP1928
SP0039	SP0739	SP1365	SP1943
SP0050	SP0749	SP1382	SP1959
SP0082	SP0750	SP1384	SP2001
SP0107	SP0751	SP1392	SP2002
SP0113	SP0752	SP1447	SP2009
SP0119	SP0753	SP1451	SP2026
SP0146	SP0754	SP1463	SP2029
SP0150	SP0769	SP1464	SP2039
SP0175	SP0789	SP1471	SP2061
SP0176	SP0791	SP1472	SP2064
SP0177	SP0826	SP1524	SP2066
SP0178	SP0900	SP1527	SP2079
SP0237	SP0913	SP1600	SP2084
SP0255	SP0914	SP1605	SP2095
SP0260	SP0939	SP1607	SP2096
SP0267	SP0941	SP1632	SP2098
SP0278	SP0942	SP1634	SP2103
SP0288	SP0953	SP1651	SP2127
SP0346	SP0973	SP1673	SP2128
SP0347	SP0977	SP1680	SP2130
SP0348	SP1011	SP1695	SP2134
SP0349	SP1013	SP1700	SP2137
SP0366	SP1027	SP1701	SP2138
SP0376	SP1054	SP1720	SP2157
SP0413	SP1055	SP1729	SP2196
SP0445	SP1080	SP1740	
SP0462	SP1086	SP1741	
SP0463	SP1121	SP1745	
SP0479	SP1122	SP1751	
SP0480	SP1123	SP1757	
SP0482	SP1124	SP1758	
SP0484	SP1126	SP1761	
SP0537	SP1127	SP1762	
SP0538	SP1137	SP1763	
SP0566	SP1166	SP1764	
SP0580	SP1173	SP1765	
SP0585	SP1194	SP1766	
SP0599	SP1195	SP1767	
SP0600	SP1215	SP1768	
SP0601	SP1240	SP1770	
SP0606	SP1256	SP1771	
SP0607	SP1261	SP1772	
SP0609	SP1271	SP1783	
SP0617	SP1272	SP1802	
SP0627	SP1273	SP1828	
SP0655	SP1274	SP1856	
SP0656	SP1306	SP1867	
SP0710	SP1310	SP1869	
SP0711	SP1332	SP1870	
SP0717	SP1333	SP1872	
SP0718	SP1334	SP1891	
SP0720	SP1346	SP1907	
SP0723	SP1348	SP1910	
SP0724	SP1350	SP1911	

**Table 38: Spn ORF's which are shared with GAS but no with GBS**

SP0065	SP1754
SP0075	SP1797
SP0090	SP1798
SP0091	SP1800
SP0092	SP1885
SP0099	SP1919
SP0100	SP1923
SP0153	SP1941
SP0155	SP1950
SP0156	SP2016
SP0200	SP2017
SP0306	SP2051
SP0313	SP2060
SP0341	SP2111
SP0476	SP2143
SP0496	SP2144
SP0509	SP2201
SP0527	SP2236
SP0648	
SP0658	
SP0659	
SP0661	
SP0677	
SP0715	
SP0742	
SP0743	
SP0858	
SP0859	
SP0860	
SP0910	
SP0986	
SP0994	
SP0999	
SP1000	
SP1001	
SP1023	
SP1075	
SP1129	
SP1147	
SP1171	
SP1186	
SP1315	
SP1317	
SP1319	
SP1320	
SP1321	
SP1322	
SP1438	
SP1442	
SP1525	
SP1546	
SP1570	
SP1572	
SP1578	
SP1604	
SP1715	

Table 40: Comparative Sequences relating to SAG0635

SEQ ID NO 4001 : SAG0653 FROM THE 2603 V/R GBS TYPE V STRAIN  
 ATGAAGAAAGTGTAGTGTAGTCTTTTGGTTTATAGGGATTACGATA  
 ACGTTACAAACAGTAGTTGAGGCTAAGGGGCCAAAAGTAGCTTATACACAGAGGGGAATG  
 ACTGCTCTTTCCGACACAAATAAAGATAAAGTCACTACTATTTCTATGACGAGATTCAA  
 AAAAGCTTAGAAGGTAAGAAGCCGATTACTGTTAGTTTGTATTTGATGATACACTGCTT  
 TTCAGTAGTCAATATTTCAATATGTTAAAGATATGTAACCTCTGGATCGTTTGATTTT  
 CTTCTATAACAAAATTCTGGGATCTTGTTCGCAAAACGAGGAGATCAAGATTCATTCCC  
 AAAGATATGCTAAAAAATTAATTGCTATGCATCAAAAACGAGGAGATAAAATTGTTTTT  
 ATAACAGGTAGGACAAAGAGGGTCAATGTATAAGGAGGGCGAGGTGTATAAACAGCTAAA  
 GCCTTAGCTAAAGATTTTAAATTAGACAAACCAATTGCTGTAAATTATACAGGCGATAAA  
 CCTAAAAAGCCATACAAATATGATAAATCATATATTAAGAAATATGGTTTCAGACATT  
 CATTATGGAGATAGTGATGACGATATTCATGCAGCTAGGGAGGCGGTGCTAGACCAATT  
 AGAATTTTAAGAGCACCTAATTCTACAAATCTACCTTTACCAGAAGCTGGAGGCTACGGT  
 GAAGAGGTTCTCGAAAATTTCAGCTTAC

SEQ ID NO 4002 : SAG0653 FROM THE 090 GBS TYPE III STRAIN  
 AAGGGGCCAAAAGTAGCTTATACACAGAGGGAATGAC  
 TGCTCTTTCCGACACAAATAAAGATAAAGTCACTACTATTTCTATTGACG  
 AGATTCAAAAAGCTTAGAAGGTAAGAAGCCGATTACTGTTAGTTTGTAT  
 ATTGATGATACACTACTTTTCAGTAGTCAATATTTCAATATGGTAAGA  
 ATATGTAACCTCTGGATCGTTTGATTTTCTTCATAAACAAAATTCTGGG  
 ATCTTGTTCGCAAAACGAGGAGATCAAGATTCCATTCCAAAGAAATATGCT  
 AAAAAATTAATTGCTATGCATCAAAAACGAGGAGATAAAATTGTTTTAT  
 AACAGGTAGGACAAAGAGGTCATGTATAAGGAGGCGAGGTTGTATAAA  
 CAGCTAAAGCCTTAGCTAAAGATTTTAAATTAGACAAACCAATTGCTGTA  
 AATTATACAGGCGATAAACCTAAAAAGCCATACAAATATGATAAATCAT  
 TATATTAAGAAATATGGTTTCAGACATTCTATTATGGAGATAGTGATGACG  
 ATATTATGCAGCTAGGGAGGCGGTGCTAGACCAATTAGAAATTTAAGA  
 GCACCTAATTCTACAAATCTACCTTTACCAGAAGCTGGAGGCTACGGTGA  
 AGAGGTTCTCGAAAATTTCAGCTTAC

SEQ ID NO 4003 : SAG0653 FROM THE A909 GBS TYPE Ia STRAIN  
 AAGGGGCCAAAAGTAGCTTATACACA  
 AGAGGGAATGACTGCTCTTTCCGACACAAATAAAGATAAAGTCACTACTA  
 TTTCTATTGACGAGATTCAAAAAGCTTAGAAGGTAAGAAGCCGATTACT  
 GTTAGTTTGTATTTGATGATACACTGCTTTTCAGTAGTCAATATTTTCA  
 ATATGGTAAAGAAATATGTAACCTCTGGATCGTTTGATTTTCTTCATAAAC  
 AAAAAATCTGGGATCTTGTTCGCAAAACGAGGAGATCAAGATTCCATTCCC  
 AAAGAAATATGCTAAAAAATTAATTGCTATGCATCAAAAACGAGGAGATAA  
 AATTGTTTTATAACAGGTAGGACAAAGAGGTCATGTATAAGGAGGCGG  
 AGGTTGATAAAACAGCTAAAGCCTTAGCTAAAGATTTTAAATTAGACAAA  
 CCAATTGCTGTAAATTATACAGGCGATAAACCTAAAAAGCCATACAAATA  
 TGATAAATCATATTATATTAGAAATATGGTTTCAGACATTCTATTATGGAG  
 ATAGTGATGACGATATTCATGCAGCTAGGGAGGCGGTGCTAGACCAATT  
 AGAATTTTAAGAGCACCTAATTCTACAAATCTACCTTTACCAGAAGCTGG  
 AGGCTACGGTGAAGAGGTTCTCGAAAATTTCAGCTTAC

SEQ ID NO 4004 : SAG0653 FROM THE 18R21 GBS TYPE II STRAIN  
 AAGGGGCCAAAAGTAGCTTATACACA  
 GGGGAATGACTGCTCTTTCCGACACAAATAAAGATAAAGTCACTACTATTT  
 CTATTGACGAGATTCAAAAAGCTTAGAAGGTAAGAAGCCGATTACTGTT  
 AGTTTGTATTTGATGATACACTGCTTTTCAGTAGTCAATATTTTCAATA  
 TGGTAAAGAAATATGTAACCTCTGGATCGTTTGATTTTCTTCATAAACAAA  
 AATTCTGGGATCTTGTTCGCAAAACGAGGAGATCAAGATTCATTCCCAA  
 GAATATGCTAAAAAATTAATTGCTATGCATCAAAAACGAGGAGATAAAAT  
 TGTTTTTATAACAGGTAGGACAAAGAGGTCATGTATAAGGAGGCGAGG  
 TTGATAAAACAGCTAAAGCCTTAGCTAAAGATTTTAAATTAGACAAACCA  
 ATTGCTGTAAATTATACAGGCGATAAACCTAAAAAGCCATACAAATATGA  
 TAAATCATATTATATTAGAAATATGGTTTCAGACATTCTATTATGGAGATA  
 GTGATGACGATATTCATGCAGCTAGGGAGGCGGTGCTAGACCAATTAGA  
 ATTTTAAGAGCACCTAATTCTACAAATCTACCTTTACCAGAAGCTGGAGG  
 CTACGGTGAAGAGGTTCTCGAAAATTTCAGCTTAC

SEQ ID NO 4005 : SAG0653 FROM THE M732 GBS TYPE III STRAIN  
 AAGGGGCCAAAAGTAGCTTATACACA  
 GGGGAATGACTGCTCTTTCCGACACAAATAAAGATAAAGTCACTACTATTT  
 CTATTGACGAGATTCAAAAAGCTTAGAAGGTAAGAAGCCGATTACTGTT  
 AGTTTGTATTTGATGATACACTGCTTTTCAGTAGTCAATATTTTCAATA  
 TGGTAAAGAAATATGTAACCTCTGGATCGTTTGATTTTCTTCATAAACAAA  
 AATTCTGGGATCTTGTTCGCAAAACGAGGAGATCAAGATTCATTCCCAA  
 GAATATGCTAAAAAATTAATTGCTATGCATCAAAAACGAGGAGATAAAAT  
 TGTTTTTATAACAGGTAGGACAAAGAGGTCATGTATAAGGAGGCGAGG  
 TTGATAAAACAGCTAAAGCCTTAGCTAAAGATTTTAAATTAGACAAACCA  
 ATTGCTGTAAATTATACAGGCGATAAACCTAAAAAGCCATACAAATATGA  
 TAAATCATATTATATTAGAAATATGGTTTCAGACATTCTATTATGGAGATA  
 GTGATGACGATATTCATGCAGCTAGGGAGGCGGTGCTAGACCAATTAGA  
 ATTTTAAGAGCACCTAATTCTACAAATCTACCTTTACCAGAAGCTGGAGG  
 CTACGGTGAAGAGGTTCTCGAAAATTTCAGCTTAC

SEQ ID NO 4006 : SAG0653 FROM THE COH1 GBS TYPE III STRAIN  
 AAGGGGCCAAAAGTAGCTTATACACAAGAGGGAATGACT  
 GCTCTTTCCGACACAAATAAAGATAAAGTCACTACTATTTCTATTGACGA  
 GATTCAAAAAGCTTAGAAGGTAAGAAGCCGATTACTGTTAGTTTGTATA

**Table 40: Comparative Sequences relating to SAG0635**

TTGATGATACACTGCTTTTCAGTAGTCAATATTTTCAATATGGTAAAGAA  
 TATGTAACTCCTGGATCGTTTGATTTTCTTCAATAACAAAATTCTGGGA  
 TCTTGTGCAAAACGAGGAGATCAAGATTCATTCCTCAAGAAATATGCTA  
 AAAAAATTAATTGCTATGCTATCAAAAACGAGGAGATAAAATTGTTTATA  
 ACAGGTAGGACAAAGAGGCTCAATGTATAAGGAGGCGAGGTTGATAAAC  
 AGCTAAAGCCTTAGCTAAAGATTTTAAATTAGACAAACCAATTGCTGTAA  
 ATTATACAGGCGATAAACCTAAAAAGCCATACAAATATGATAAATCATAT  
 TATATTAAAGAAATATGGTTAGACATTCATTTAGGAGATAGTGTAGCGA  
 TATTCTAGCAGCTAGGAGGCGCGGTGCTAGACCAATTAGAATTTTAAGAG  
 CAGCTAATCTACAAATCTACCTTTACCAAGCTGGAGGCTACGGTGAA  
 GAGGTTCTCGAAAATTTCAGCTTAC

SEQ ID NO 4007 : SAG0653 FROM THE M781 GBS TYPE III STRAIN

AAGGGGCCAAAAGTAGCTTATACACA  
 AGAGGGAATGACTGCTCTTTCGGACACAAATAAAGATAAAGTCACTACTA  
 TTTCTATTGACGAGATTCAAAAAGCTTAGAAGGTAAAGAGCCGATTACT  
 GTTAGTTTGTATATTGATGATACACTGCTTTTCAGTAGTCAATATTTTCA  
 ATATGTTAAAGAAATATGTAACCTCTGGATCGTTTGATTTTCTTCATAAAC  
 AAAAAATTCGGGATCTTGTGCAAAAACGAGGAGATCAAGATTCATTCCC  
 AAAGAAATATGCTAAAAAATTAATTGCTATGCTCAAAAACGAGGAGATAA  
 AATTGTTTTTATAACAGGTAGGACAAAGAGGCTCAATGTATAAGGAGGCG  
 AGGTTGATAAACAGCTAAAGCCTTAGCTAAAGATTTTAAATTAGACAAA  
 CCAATTGCTGTAAATATACAGGCGATAAACCTAAAAAGCCATACAAATA  
 TGATAAATCATATTATTAAGAAATATGGTTAGACATTCATTATGGAG  
 ATAGTGATGACGATATTCATGACAGCTAGGAGGCGCGGTGCTAGACCAATT  
 AGAATTTTAAGAGCACCTAATCTACAAATCTACCTTTACCAAGAGCTGG  
 AGGCTACGGTGAAGAGGTTCTCGAAAATTTCAGCTTAC

SEQ ID NO 4008 : SAG0653 FROM THE CJB110 GBS NONTYPEABLE STRAIN

AAGGGGCCAAAAGTAGCTTATACACAAGA  
 GGAATGACTGCTCTTTCGGACACAAATAAAGATAAAGTCACTACTATTT  
 CTATTGACGAGATTCAAAAAGCTTAGAAGGTAAAGAGCCGATTACTGTT  
 AGTTTTGATATTGATGATACACTGCTTTTCAGTAGTCAATATTTTCAATA  
 TGGTAAAGAAATATGTAACCTCTGGATCGTTTGATTTTCTTCATAAACAAA  
 AATTCCTGGGATCTTGTGCAAAAACGAGGAGATCAAGATTCATTCCCAAA  
 GAATATGCTAAAAAATTAATTGCTATGCTCAAAAACGAGGAGATAAAAT  
 TGTTTTTATAACAGGTAGGACAAAGAGGCTCAATGTATAAGGAGGCGAGG  
 TTGATAAAAACAGCTAAAGCCTTAGCTAAAGATTTTAAATTAGACAAACCA  
 ATTGCTGTAAATATACAGGCGATAAACCTAAAAAGCCATACAAATATGA  
 TAAATCATATTATTAAGAAATATGGTTAGACATTCATTATGGAGATA  
 GTGATGACGATATTCTAGCAGCTAGGAGGCGCGGTGCTAGACCAATTAGA  
 ATTTTAAGAGCACCTAATCTACAAATCTACCTTTACCAAGAGCTGGAGG  
 CTACGGTGAAGAGGTTCTCGAAAATTTCAGCTTAC

SEQ ID NO 4009 : SAG0653 FROM THE JM9130013 GBS TYPE VIII STRAIN

AAGGGGCCAAAAGTAGCTTATACACAAGAGGGAAT  
 GACTGCTCTTTCGGACACAAATAAAGATAAAGTCACTACTATTTCTATTG  
 ACGAGATTCAAAAAGCTTAGAAGGTAAAGAGCCGATTACTGTTAGTTT  
 GATATTGATGATACACTGCTTTTCAGTAGTCAATATTTTCAATATGGTAA  
 AGAATATGTAACCTCCTGGATCGTTTGATTTTCTTCATAAACAAAATTCT  
 GGGATCTTGTGCAAAAACGAGGAGATCAAGATTCATTCCCAAGAAATAT  
 GCTAAAAAATTAATTGCTATGCTCAAAAACGAGGAGATAAAATTGTTTT  
 TATAACAGGTAGGACAAAGAGGCTCAATGTATAAGGAGGCGAGGTTGATA  
 AAACAGCTAAAGCCTTAGCTAAAGATTTTAAATTAGACAAACCAATTGCT  
 GTAAATATACAGGCGATAAACCTAAAAAGCCATACAAATATGATAAATC  
 ATATTATATTAAAGAAATATGGTTAGACATTCATTATGGAGATAGTGATG  
 ACGATATTCTAGCAGCTAGGAGGCGCGGTGCTAGACCAATTAGAATTTTA  
 AGAGCACCTAATCTACAAATCTACCTTTACCAAGAGCTGGAGGCTACGG  
 TGAAGAGGTTCTCGAAAATTTCAGCTTAC

Table 40: Comparative Sequences relating to SAG0635

PRETTY of: /biotmp/msa20031.2(\*) August 5, 2002 07:05 ..

msa20031.2{100_18RS21}	1	AAGGGGCCAA	AAGTAGCTTA	TACACAAGAG	GGAATGACTG	CTCTTTCGGA	50
msa20031.2{100_2603}		AAGGGGCCAA	AAGTAGCTTA	TACACAAGAG	GGAATGACTG	CTCTTTCGGA	
msa20031.2{100_A909}		AAGGGGCCAA	AAGTAGCTTA	TACACAAGAG	GGAATGACTG	CTCTTTCGGA	
msa20031.2{100_CJB110}		AAGGGGCCAA	AAGTAGCTTA	TACACAAGAG	GGAATGACTG	CTCTTTCGGA	
msa20031.2{100_COH1}		AAGGGGCCAA	AAGTAGCTTA	TACACAAGAG	GGAATGACTG	CTCTTTCGGA	
msa20031.2{100_JM9130013}		AAGGGGCCAA	AAGTAGCTTA	TACACAAGAG	GGAATGACTG	CTCTTTCGGA	
msa20031.2{100_M732}		AAGGGGCCAA	AAGTAGCTTA	TACACAAGAG	GGAATGACTG	CTCTTTCGGA	
msa20031.2{100_M781}		AAGGGGCCAA	AAGTAGCTTA	TACACAAGAG	GGAATGACTG	CTCTTTCGGA	
msa20031.2{100_090}		AAGGGGCCAA	AAGTAGCTTA	TACACAAGAG	GGAATGACTG	CTCTTTCGGA	
Consensus		*****	*****	*****	*****	*****	
msa20031.2{100_18RS21}	51	CACAAATAAA	GATAAAGTCA	CTACTATTTC	TATTGACGAG	ATTCAAAAAA	100
msa20031.2{100_2603}		CACAAATAAA	GATAAAGTCA	CTACTATTTC	TATTGACGAG	ATTCAAAAAA	
msa20031.2{100_A909}		CACAAATAAA	GATAAAGTCA	CTACTATTTC	TATTGACGAG	ATTCAAAAAA	
msa20031.2{100_CJB110}		CACAAATAAA	GATAAAGTCA	CTACTATTTC	TATTGACGAG	ATTCAAAAAA	
msa20031.2{100_COH1}		CACAAATAAA	GATAAAGTCA	CTACTATTTC	TATTGACGAG	ATTCAAAAAA	
msa20031.2{100_JM9130013}		CACAAATAAA	GATAAAGTCA	CTACTATTTC	TATTGACGAG	ATTCAAAAAA	
msa20031.2{100_M732}		CACAAATAAA	GATAAAGTCA	CTACTATTTC	TATTGACGAG	ATTCAAAAAA	
msa20031.2{100_M781}		CACAAATAAA	GATAAAGTCA	CTACTATTTC	TATTGACGAG	ATTCAAAAAA	
msa20031.2{100_090}		CACAAATAAA	GATAAAGTCA	CTACTATTTC	TATTGACGAG	ATTCAAAAAA	
Consensus		*****	*****	*****	*****	*****	
msa20031.2{100_18RS21}	101	GCTTAGAAGG	TAAGAAGCCG	ATTACTGTGA	GTTTGTGATAT	TGATGATACA	150
msa20031.2{100_2603}		GCTTAGAAGG	TAAGAAGCCG	ATTACTGTGA	GTTTGTGATAT	TGATGATACA	
msa20031.2{100_A909}		GCTTAGAAGG	TAAGAAGCCG	ATTACTGTGA	GTTTGTGATAT	TGATGATACA	
msa20031.2{100_CJB110}		GCTTAGAAGG	TAAGAAGCCG	ATTACTGTGA	GTTTGTGATAT	TGATGATACA	
msa20031.2{100_COH1}		GCTTAGAAGG	TAAGAAGCCG	ATTACTGTGA	GTTTGTGATAT	TGATGATACA	
msa20031.2{100_JM9130013}		GCTTAGAAGG	TAAGAAGCCG	ATTACTGTGA	GTTTGTGATAT	TGATGATACA	
msa20031.2{100_M732}		GCTTAGAAGG	TAAGAAGCCG	ATTACTGTGA	GTTTGTGATAT	TGATGATACA	
msa20031.2{100_M781}		GCTTAGAAGG	TAAGAAGCCG	ATTACTGTGA	GTTTGTGATAT	TGATGATACA	
msa20031.2{100_090}		GCTTAGAAGG	TAAGAAGCCG	ATTACTGTGA	GTTTGTGATAT	TGATGATACA	
Consensus		*****	*****	*****	*****	*****	
msa20031.2{100_18RS21}	151	CTGCTTTTCA	GTAAGTCAATA	TTTTCAATAT	GGTAAAGAAT	ATGTAACCTCC	200
msa20031.2{100_2603}		CTGCTTTTCA	GTAAGTCAATA	TTTTCAATAT	GGTAAAGAAT	ATGTAACCTCC	
msa20031.2{100_A909}		CTGCTTTTCA	GTAAGTCAATA	TTTTCAATAT	GGTAAAGAAT	ATGTAACCTCC	
msa20031.2{100_CJB110}		CTGCTTTTCA	GTAAGTCAATA	TTTTCAATAT	GGTAAAGAAT	ATGTAACCTCC	
msa20031.2{100_COH1}		CTGCTTTTCA	GTAAGTCAATA	TTTTCAATAT	GGTAAAGAAT	ATGTAACCTCC	
msa20031.2{100_JM9130013}		CTGCTTTTCA	GTAAGTCAATA	TTTTCAATAT	GGTAAAGAAT	ATGTAACCTCC	
msa20031.2{100_M732}		CTGCTTTTCA	GTAAGTCAATA	TTTTCAATAT	GGTAAAGAAT	ATGTAACCTCC	
msa20031.2{100_M781}		CTGCTTTTCA	GTAAGTCAATA	TTTTCAATAT	GGTAAAGAAT	ATGTAACCTCC	
msa20031.2{100_090}		CTGCTTTTCA	GTAAGTCAATA	TTTTCAATAT	GGTAAAGAAT	ATGTAACCTCC	
Consensus		***-*****	*****	*****	*****	*****	
msa20031.2{100_18RS21}	201	TGGATCGTTT	GATTTTCTTC	ATAAACAAAA	ATTCTGGGAT	CTTGTGCGAA	250
msa20031.2{100_2603}		TGGATCGTTT	GATTTTCTTC	ATAAACAAAA	ATTCTGGGAT	CTTGTGCGAA	
msa20031.2{100_A909}		TGGATCGTTT	GATTTTCTTC	ATAAACAAAA	ATTCTGGGAT	CTTGTGCGAA	
msa20031.2{100_CJB110}		TGGATCGTTT	GATTTTCTTC	ATAAACAAAA	ATTCTGGGAT	CTTGTGCGAA	
msa20031.2{100_COH1}		TGGATCGTTT	GATTTTCTTC	ATAAACAAAA	ATTCTGGGAT	CTTGTGCGAA	
msa20031.2{100_JM9130013}		TGGATCGTTT	GATTTTCTTC	ATAAACAAAA	ATTCTGGGAT	CTTGTGCGAA	
msa20031.2{100_M732}		TGGATCGTTT	GATTTTCTTC	ATAAACAAAA	ATTCTGGGAT	CTTGTGCGAA	
msa20031.2{100_M781}		TGGATCGTTT	GATTTTCTTC	ATAAACAAAA	ATTCTGGGAT	CTTGTGCGAA	
msa20031.2{100_090}		TGGATCGTTT	GATTTTCTTC	ATAAACAAAA	ATTCTGGGAT	CTTGTGCGAA	
Consensus		*****	*****	*****	*****	*****	
msa20031.2{100_18RS21}	251	AACGAGGAGA	TCAAGATTCC	ATTCCCAAAG	AATATGCTAA	AAAATTAAAT	300
msa20031.2{100_2603}		AACGAGGAGA	TCAAGATTCC	ATTCCCAAAG	AATATGCTAA	AAAATTAAAT	
msa20031.2{100_A909}		AACGAGGAGA	TCAAGATTCC	ATTCCCAAAG	AATATGCTAA	AAAATTAAAT	
msa20031.2{100_CJB110}		AACGAGGAGA	TCAAGATTCC	ATTCCCAAAG	AATATGCTAA	AAAATTAAAT	
msa20031.2{100_COH1}		AACGAGGAGA	TCAAGATTCC	ATTCCCAAAG	AATATGCTAA	AAAATTAAAT	
msa20031.2{100_JM9130013}		AACGAGGAGA	TCAAGATTCC	ATTCCCAAAG	AATATGCTAA	AAAATTAAAT	
msa20031.2{100_M732}		AACGAGGAGA	TCAAGATTCC	ATTCCCAAAG	AATATGCTAA	AAAATTAAAT	
msa20031.2{100_M781}		AACGAGGAGA	TCAAGATTCC	ATTCCCAAAG	AATATGCTAA	AAAATTAAAT	
msa20031.2{100_090}		AACGAGGAGA	TCAAGATTCC	ATTCCCAAAG	AATATGCTAA	AAAATTAAAT	
Consensus		*****	*****	*****	*****	*****	
msa20031.2{100_18RS21}	301	GCTATGCAATC	AAAAACGAGG	AGATAAAATT	GTTTTTATAA	CAGGTAGGAC	350
msa20031.2{100_2603}		GCTATGCAATC	AAAAACGAGG	AGATAAAATT	GTTTTTATAA	CAGGTAGGAC	
msa20031.2{100_A909}		GCTATGCAATC	AAAAACGAGG	AGATAAAATT	GTTTTTATAA	CAGGTAGGAC	
msa20031.2{100_CJB110}		GCTATGCAATC	AAAAACGAGG	AGATAAAATT	GTTTTTATAA	CAGGTAGGAC	
msa20031.2{100_COH1}		GCTATGCAATC	AAAAACGAGG	AGATAAAATT	GTTTTTATAA	CAGGTAGGAC	
msa20031.2{100_JM9130013}		GCTATGCAATC	AAAAACGAGG	AGATAAAATT	GTTTTTATAA	CAGGTAGGAC	
msa20031.2{100_M732}		GCTATGCAATC	AAAAACGAGG	AGATAAAATT	GTTTTTATAA	CAGGTAGGAC	
msa20031.2{100_M781}		GCTATGCAATC	AAAAACGAGG	AGATAAAATT	GTTTTTATAA	CAGGTAGGAC	

Table 40: Comparative Sequences relating to SAG0635

msa20031.2{100_090}	GCTATGCATC	AAAAACGAGG	AGATAAAATT	GTTTTTATAA	CAGGTAGGAC
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa20031.2{100_18RS21}	351				400
msa20031.2{100_2603}	AAGAGGGTCA	ATGTATAAGG	AGGGCGAGGT	TGATAAAACA	GCTAAAGCCT
msa20031.2{100_A909}	AAGAGGGTCA	ATGTATAAGG	AGGGCGAGGT	TGATAAAACA	GCTAAAGCCT
msa20031.2{100_CJB110}	AAGAGGGTCA	ATGTATAAGG	AGGGCGAGGT	TGATAAAACA	GCTAAAGCCT
msa20031.2{100_COH1}	AAGAGGGTCA	ATGTATAAGG	AGGGCGAGGT	TGATAAAACA	GCTAAAGCCT
msa20031.2{100_JM9130013}	AAGAGGGTCA	ATGTATAAGG	AGGGCGAGGT	TGATAAAACA	GCTAAAGCCT
msa20031.2{100_M732}	AAGAGGGTCA	ATGTATAAGG	AGGGCGAGGT	TGATAAAACA	GCTAAAGCCT
msa20031.2{100_M781}	AAGAGGGTCA	ATGTATAAGG	AGGGCGAGGT	TGATAAAACA	GCTAAAGCCT
msa20031.2{100_090}	AAGAGGGTCA	ATGTATAAGG	AGGGCGAGGT	TGATAAAACA	GCTAAAGCCT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa20031.2{100_18RS21}	401				450
msa20031.2{100_2603}	TAGCTAAAGA	TTTTAAATTA	GACAAACCAA	TTGCTGTAAA	TTATACAGGC
msa20031.2{100_A909}	TAGCTAAAGA	TTTTAAATTA	GACAAACCAA	TTGCTGTAAA	TTATACAGGC
msa20031.2{100_CJB110}	TAGCTAAAGA	TTTTAAATTA	GACAAACCAA	TTGCTGTAAA	TTATACAGGC
msa20031.2{100_COH1}	TAGCTAAAGA	TTTTAAATTA	GACAAACCAA	TTGCTGTAAA	TTATACAGGC
msa20031.2{100_JM9130013}	TAGCTAAAGA	TTTTAAATTA	GACAAACCAA	TTGCTGTAAA	TTATACAGGC
msa20031.2{100_M732}	TAGCTAAAGA	TTTTAAATTA	GACAAACCAA	TTGCTGTAAA	TTATACAGGC
msa20031.2{100_M781}	TAGCTAAAGA	TTTTAAATTA	GACAAACCAA	TTGCTGTAAA	TTATACAGGC
msa20031.2{100_090}	TAGCTAAAGA	TTTTAAATTA	GACAAACCAA	TTGCTGTAAA	TTATACAGGC
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa20031.2{100_18RS21}	451				500
msa20031.2{100_2603}	GATAAACCTA	AAAAGCCATA	CAAATATGAT	AAATCATATT	ATATTAAGAA
msa20031.2{100_A909}	GATAAACCTA	AAAAGCCATA	CAAATATGAT	AAATCATATT	ATATTAAGAA
msa20031.2{100_CJB110}	GATAAACCTA	AAAAGCCATA	CAAATATGAT	AAATCATATT	ATATTAAGAA
msa20031.2{100_COH1}	GATAAACCTA	AAAAGCCATA	CAAATATGAT	AAATCATATT	ATATTAAGAA
msa20031.2{100_JM9130013}	GATAAACCTA	AAAAGCCATA	CAAATATGAT	AAATCATATT	ATATTAAGAA
msa20031.2{100_M732}	GATAAACCTA	AAAAGCCATA	CAAATATGAT	AAATCATATT	ATATTAAGAA
msa20031.2{100_M781}	GATAAACCTA	AAAAGCCATA	CAAATATGAT	AAATCATATT	ATATTAAGAA
msa20031.2{100_090}	GATAAACCTA	AAAAGCCATA	CAAATATGAT	AAATCATATT	ATATTAAGAA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa20031.2{100_18RS21}	501				550
msa20031.2{100_2603}	ATATGGTTCA	GACATTCATT	ATGGAGATAG	TGATGACGAT	ATTCATGCAG
msa20031.2{100_A909}	ATATGGTTCA	GACATTCATT	ATGGAGATAG	TGATGACGAT	ATTCATGCAG
msa20031.2{100_CJB110}	ATATGGTTCA	GACATTCATT	ATGGAGATAG	TGATGACGAT	ATTCATGCAG
msa20031.2{100_COH1}	ATATGGTTCA	GACATTCATT	ATGGAGATAG	TGATGACGAT	ATTCATGCAG
msa20031.2{100_JM9130013}	ATATGGTTCA	GACATTCATT	ATGGAGATAG	TGATGACGAT	ATTCATGCAG
msa20031.2{100_M732}	ATATGGTTCA	GACATTCATT	ATGGAGATAG	TGATGACGAT	ATTCATGCAG
msa20031.2{100_M781}	ATATGGTTCA	GACATTCATT	ATGGAGATAG	TGATGACGAT	ATTCATGCAG
msa20031.2{100_090}	ATATGGTTCA	GACATTCATT	ATGGAGATAG	TGATGACGAT	ATTCATGCAG
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa20031.2{100_18RS21}	551				600
msa20031.2{100_2603}	CTAGGGAGGC	CGGTGCTAGA	CCAATTAGAA	TTTAAAGAGC	ACCTAATTCT
msa20031.2{100_A909}	CTAGGGAGGC	CGGTGCTAGA	CCAATTAGAA	TTTAAAGAGC	ACCTAATTCT
msa20031.2{100_CJB110}	CTAGGGAGGC	CGGTGCTAGA	CCAATTAGAA	TTTAAAGAGC	ACCTAATTCT
msa20031.2{100_COH1}	CTAGGGAGGC	CGGTGCTAGA	CCAATTAGAA	TTTAAAGAGC	ACCTAATTCT
msa20031.2{100_JM9130013}	CTAGGGAGGC	CGGTGCTAGA	CCAATTAGAA	TTTAAAGAGC	ACCTAATTCT
msa20031.2{100_M732}	CTAGGGAGGC	CGGTGCTAGA	CCAATTAGAA	TTTAAAGAGC	ACCTAATTCT
msa20031.2{100_M781}	CTAGGGAGGC	CGGTGCTAGA	CCAATTAGAA	TTTAAAGAGC	ACCTAATTCT
msa20031.2{100_090}	CTAGGGAGGC	CGGTGCTAGA	CCAATTAGAA	TTTAAAGAGC	ACCTAATTCT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa20031.2{100_18RS21}	601				650
msa20031.2{100_2603}	ACAAATCTAC	CTTTACCAGA	AGCTGGAGGC	TACGGTGAAG	AGGTTCTCGA
msa20031.2{100_A909}	ACAAATCTAC	CTTTACCAGA	AGCTGGAGGC	TACGGTGAAG	AGGTTCTCGA
msa20031.2{100_CJB110}	ACAAATCTAC	CTTTACCAGA	AGCTGGAGGC	TACGGTGAAG	AGGTTCTCGA
msa20031.2{100_COH1}	ACAAATCTAC	CTTTACCAGA	AGCTGGAGGC	TACGGTGAAG	AGGTTCTCGA
msa20031.2{100_JM9130013}	ACAAATCTAC	CTTTACCAGA	AGCTGGAGGC	TACGGTGAAG	AGGTTCTCGA
msa20031.2{100_M732}	ACAAATCTAC	CTTTACCAGA	AGCTGGAGGC	TACGGTGAAG	AGGTTCTCGA
msa20031.2{100_M781}	ACAAATCTAC	CTTTACCAGA	AGCTGGAGGC	TACGGTGAAG	AGGTTCTCGA
msa20031.2{100_090}	ACAAATCTAC	CTTTACCAGA	AGCTGGAGGC	TACGGTGAAG	AGGTTCTCGA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa20031.2{100_18RS21}	651	663			
msa20031.2{100_2603}	AAATTCAGCT	TAC			
msa20031.2{100_A909}	AAATTCAGCT	TAC			
msa20031.2{100_CJB110}	AAATTCAGCT	TAC			
msa20031.2{100_COH1}	AAATTCAGCT	TAC			
msa20031.2{100_JM9130013}	AAATTCAGCT	TAC			
msa20031.2{100_M732}	AAATTCAGCT	TAC			

Table 40: Comparative Sequences relating to SAG0635

msa20031.2{100\_M781} AAATTCAGCT TAC  
 msa20031.2{100\_090} AAATTCAGCT TAC  
 Consensus \*\*\*\*\* \*\*\*

SEQ ID NO 4010 : SAG0653 FROM THE 2603 V/R GBS TYPE V STRAIN  
 KGPKVAYTQEGMTALSDTNKDKVTTISIDEIQKSLEGKKPITVSFDIDDTLLFSSQYFQY  
 GKEYVTPGSFDFLHKQKFWDLVAKRGDQDSIPKEYAKKLIAMHQKRGDKIVFITGRTRGS  
 MYKEGEVDKTAALAKDFKLDKPIAVNYTGDKPKPKPYKYDKSYYIKKYGSDIHYGSDDD  
 IHAAREAGARPIRILRAPNSTNLPLPEAGGYGEEVLENSAY

SEQ ID NO 4011 : SAG0653 FROM THE 090 GBS TYPE III STRAIN  
 KGPKVAYTQEGMTALSDTNKDKVTTISIDEIQKSLEGKKPITVSFDIDDTLLFSSQYFQY  
 GKEYVTPGSFDFLHKQKFWDLVAKRGDQDSIPKEYAKKLIAMHQKRGDKIVFITGRTRGS  
 MYKEGEVDKTAALAKDFKLDKPIAVNYTGDKPKPKPYKYDKSYYIKKYGSDIHYGSDDD  
 IHAAREAGARPIRILRAPNSTNLPLPEAGGYGEEVLENSAY

SEQ ID NO 4012 : SAG0653 FROM THE A909 GBS TYPE Ia STRAIN  
 KGPKVAYTQEGMTALSDTNKDKVTTISIDEIQKSLEGKKPITVSFDIDDTLLFSSQYFQY  
 GKEYVTPGSFDFLHKQKFWDLVAKRGDQDSIPKEYAKKLIAMHQKRGDKIVFITGRTRGS  
 MYKEGEVDKTAALAKDFKLDKPIAVNYTGDKPKPKPYKYDKSYYIKKYGSDIHYGSDDD  
 IHAAREAGARPIRILRAPNSTNLPLPEAGGYGEEVLENSAY

SEQ ID NO 4013 : SAG0653 FROM THE 18RS21 GBS TYPE II STRAIN  
 KGPKVAYTQEGMTALSDTNKDKVTTISIDEIQKSLEGKKPITVSFDIDDTLLFSSQYFQY  
 GKEYVTPGSFDFLHKQKFWDLVAKRGDQDSIPKEYAKKLIAMHQKRGDKIVFITGRTRGS  
 MYKEGEVDKTAALAKDFKLDKPIAVNYTGDKPKPKPYKYDKSYYIKKYGSDIHYGSDDD  
 IHAAREAGARPIRILRAPNSTNLPLPEAGGYGEEVLENSAY

SEQ ID NO 4014 : SAG0653 FROM THE COH1 GBS TYPE III STRAIN  
 KGPKVAYTQEGMTALSDTNKDKVTTISIDEIQKSLEGKKPITVSFDIDDTLLFSSQYFQY  
 GKEYVTPGSFDFLHKQKFWDLVAKRGDQDSIPKEYAKKLIAMHQKRGDKIVFITGRTRGS  
 MYKEGEVDKTAALAKDFKLDKPIAVNYTGDKPKPKPYKYDKSYYIKKYGSDIHYGSDDD  
 IHAAREAGARPIRILRAPNSTNLPLPEAGGYGEEVLENSAY

SEQ ID NO 4015 : SAG0653 FROM THE M781 GBS TYPE III STRAIN  
 KGPKVAYTQEGMTALSDTNKDKVTTISIDEIQKSLEGKKPITVSFDIDDTLLFSSQYFQY  
 GKEYVTPGSFDFLHKQKFWDLVAKRGDQDSIPKEYAKKLIAMHQKRGDKIVFITGRTRGS  
 MYKEGEVDKTAALAKDFKLDKPIAVNYTGDKPKPKPYKYDKSYYIKKYGSDIHYGSDDD  
 IHAAREAGARPIRILRAPNSTNLPLPEAGGYGEEVLENSAY

SEQ ID NO 4016 : SAG0653 FROM THE CJB110 GBS NONTYPEABLE STRAIN  
 KGPKVAYTQEGMTALSDTNKDKVTTISIDEIQKSLEGKKPITVSFDIDDTLLFSSQYFQY  
 GKEYVTPGSFDFLHKQKFWDLVAKRGDQDSIPKEYAKKLIAMHQKRGDKIVFITGRTRGS  
 MYKEGEVDKTAALAKDFKLDKPIAVNYTGDKPKPKPYKYDKSYYIKKYGSDIHYGSDDD  
 IHAAREAGARPIRILRAPNSTNLPLPEAGGYGEEVLENSAY

SEQ ID NO 4017 : SAG0653 FROM THE JH9130013 GBS TYPE VIII STRAIN  
 KGPKVAYTQEGMTALSDTNKDKVTTISIDEIQKSLEGKKPITVSFDIDDTLLFSSQYFQY  
 GKEYVTPGSFDFLHKQKFWDLVAKRGDQDSIPKEYAKKLIAMHQKRGDKIVFITGRTRGS  
 MYKEGEVDKTAALAKDFKLDKPIAVNYTGDKPKPKPYKYDKSYYIKKYGSDIHYGSDDD  
 IHAAREAGARPIRILRAPNSTNLPLPEAGGYGEEVLENSAY

SEQ ID NO 4018 : SAG0653 FROM THE M732 GBS TYPE III STRAIN  
 KGPKVAYTQEGMTALSDTNKDKVTTISIDEIQKSLEGKKPITVSFDIDDTLLFSSQYFQY  
 GKEYVTPGSFDFLHKQKFWDLVAKRGDQDSIPKEYAKKLIAMHQKRGDKIVFITGRTRGS  
 MYKEGEVDKTAALAKDFKLDKPIAVNYTGDKPKPKPYKYDKSYYIKKYGSDIHYGSDDD  
 IHAAREAGARPIRILRAPNSTNLPLPEAGGYGEEVLENSAY



Table 40: Comparative Sequences relating to SAG0635

PRETTY of: /biotmp/msa25122.2(\*) August 5, 2002 07:09 ..

	1		50
msa25122.2{100_090}	KGPKVAYTQE	GMTALSDTNK	DKVTTISIDE
msa25122.2{100_18RS21}	KGPKVAYTQE	GMTALSDTNK	DKVTTISIDE
msa25122.2{100_2603}	KGPKVAYTQE	GMTALSDTNK	DKVTTISIDE
msa25122.2{100_A909}	KGPKVAYTQE	GMTALSDTNK	DKVTTISIDE
msa25122.2{100_CJB110}	KGPKVAYTQE	GMTALSDTNK	DKVTTISIDE
msa25122.2{100_COH1}	KGPKVAYTQE	GMTALSDTNK	DKVTTISIDE
msa25122.2{100_JM9130013}	KGPKVAYTQE	GMTALSDTNK	DKVTTISIDE
msa25122.2{100_M732}	KGPKVAYTQE	GMTALSDTNK	DKVTTISIDE
msa25122.2{100_M781}	KGPKVAYTQE	GMTALSDTNK	DKVTTISIDE
Consensus	*****	*****	*****
	51		100
msa25122.2{100_090}	LLFSSQYFQY	GKEYVTPGSF	DFLHKQKFW
msa25122.2{100_18RS21}	LLFSSQYFQY	GKEYVTPGSF	DFLHKQKFW
msa25122.2{100_2603}	LLFSSQYFQY	GKEYVTPGSF	DFLHKQKFW
msa25122.2{100_A909}	LLFSSQYFQY	GKEYVTPGSF	DFLHKQKFW
msa25122.2{100_CJB110}	LLFSSQYFQY	GKEYVTPGSF	DFLHKQKFW
msa25122.2{100_COH1}	LLFSSQYFQY	GKEYVTPGSF	DFLHKQKFW
msa25122.2{100_JM9130013}	LLFSSQYFQY	GKEYVTPGSF	DFLHKQKFW
msa25122.2{100_M732}	LLFSSQYFQY	GKEYVTPGSF	DFLHKQKFW
msa25122.2{100_M781}	LLFSSQYFQY	GKEYVTPGSF	DFLHKQKFW
Consensus	*****	*****	*****
	101		150
msa25122.2{100_090}	AMHQKRGDKI	VFITGRTRGS	MYKEGEVDKT
msa25122.2{100_18RS21}	AMHQKRGDKI	VFITGRTRGS	MYKEGEVDKT
msa25122.2{100_2603}	AMHQKRGDKI	VFITGRTRGS	MYKEGEVDKT
msa25122.2{100_A909}	AMHQKRGDKI	VFITGRTRGS	MYKEGEVDKT
msa25122.2{100_CJB110}	AMHQKRGDKI	VFITGRTRGS	MYKEGEVDKT
msa25122.2{100_COH1}	AMHQKRGDKI	VFITGRTRGS	MYKEGEVDKT
msa25122.2{100_JM9130013}	AMHQKRGDKI	VFITGRTRGS	MYKEGEVDKT
msa25122.2{100_M732}	AMHQKRGDKI	VFITGRTRGS	MYKEGEVDKT
msa25122.2{100_M781}	AMHQKRGDKI	VFITGRTRGS	MYKEGEVDKT
Consensus	*****	*****	*****
	151		200
msa25122.2{100_090}	DKPKKPYKYD	KSYYIKKYGS	DIHYGSDDD
msa25122.2{100_18RS21}	DKPKKPYKYD	KSYYIKKYGS	DIHYGSDDD
msa25122.2{100_2603}	DKPKKPYKYD	KSYYIKKYGS	DIHYGSDDD
msa25122.2{100_A909}	DKPKKPYKYD	KSYYIKKYGS	DIHYGSDDD
msa25122.2{100_CJB110}	DKPKKPYKYD	KSYYIKKYGS	DIHYGSDDD
msa25122.2{100_COH1}	DKPKKPYKYD	KSYYIKKYGS	DIHYGSDDD
msa25122.2{100_JM9130013}	DKPKKPYKYD	KSYYIKKYGS	DIHYGSDDD
msa25122.2{100_M732}	DKPKKPYKYD	KSYYIKKYGS	DIHYGSDDD
msa25122.2{100_M781}	DKPKKPYKYD	KSYYIKKYGS	DIHYGSDDD
Consensus	*****	*****	*****
	201		221
msa25122.2{100_090}	TNLPLPEAGG	YGEEVLENSA	Y
msa25122.2{100_18RS21}	TNLPLPEAGG	YGEEVLENSA	Y
msa25122.2{100_2603}	TNLPLPEAGG	YGEEVLENSA	Y
msa25122.2{100_A909}	TNLPLPEAGG	YGEEVLENSA	Y
msa25122.2{100_CJB110}	TNLPLPEAGG	YGEEVLENSA	Y
msa25122.2{100_COH1}	TNLPLPEAGG	YGEEVLENSA	Y
msa25122.2{100_JM9130013}	TNLPLPEAGG	YGEEVLENSA	Y
msa25122.2{100_M732}	TNLPLPEAGG	YGEEVLENSA	Y
msa25122.2{100_M781}	TNLPLPEAGG	YGEEVLENSA	Y
Consensus	*****	*****	*

Table 41: Comparative Sequences relating to SAG0649

SEQ ID NO. 4101: SAG0649 FROM 2603 V/R GBS TYPE V STRAIN  
 ATGAAAAGAGACAAAAATA  
 TGGAGAGGGTTATCAGTTACTTTACTAATCCTGTCCCAAATCCATTGGTATATTGGTA  
 CAAGGTGAAACCCCAAGATACCAATCAAGCACITGGAAAAGTAATTGTTAAAAAACCGGA  
 GACAATGCTACACCATTAGGCAAAGCGACTTTTGTGTTAAAAAATGACAAATGATAAGTCA  
 GAAACAAAGTCACGAAACGGTAGAGGGTTCTGGAGAAGCAACCTTTGAAAACATAAAACCT  
 GGAGACTACACATTAAGAGAAGAAACAGCACCAATTGGTTATAAAAAAATGATAAAAC  
 TGGAAAGTTAAAGTTGCAGATAACGGAGCAACAATAATCGAGGGTATGGATGCAGATAAA  
 GCAGAGAAACGAAAAGAGTTTGAATGCCCAATATCCAAATCAGCTATTATGAGGAT  
 ACAAAGAAAATTAACCCATTAGTTAATGTAGAGGGTTCCAAAGTTGGTGAACAAATACAAA  
 GCATTGAATCCAATAAATGGAAGAGTGGTGAAGAGAGATTGCTGAAGGTTGGTTATCA  
 AAAAAAATTAAGGGGTCAATGATCTCGATAAGAATAAATATAAAATGAATTAACTGTT  
 GAGGGTAAACCACTGTTGAAACGAAAGAACTTAATCAACCACTAGATGTGTTGTGCTA  
 TTAGATAATTCAATAGTATGAATAATGAAAGAGCCAATAATTCTCAAAGAGCAATTAATA  
 GCTGGGGAAGCAGTTGAAAAGCTGATTGATAAAATTACATCAAAATAAGACAAATAGAGTA  
 GCTCTGTGACATATGCCTCAACCATTTTGTAGTGTACTGAAGCGACCGTATCAAAGGGA  
 GTTCCGATCAAAATGGTAAAGCGCTGAATGATAGTGTATCATGGGATTATCATAAAACT  
 ACTTTTACAGCACTACACATAATTACAGTTATTAAATTTAAACAAATGATGCTAACGAA  
 GTTAATATTCTAAAGTCAAGAAATTCAAAGGAAGCGGAGCATATAATGGGGATCGCAG  
 CTCTATCAATTTGGTGCAGCAATTTACTCAAAAAGCTCTAATGAAAGCAAAATGAATTTTA  
 GAGACACAAAGTTCTAATGTAGAAAAAACTTATTTTACGTAACATGATGGTGTCCCT  
 ACGATGCTTTATATCCCTAAATTTTAACTCTATATCAACATCTTACCAAAACCAAGTTT  
 AATTCTTTTTTAAATAAAATACAGATAGAAGTGGTATTCTCCAGAGAGGATTTTATAATC  
 AATGGTATGATGATTATCAAAATAGTAAAGGAGATGGAGAGAGTTTAAACTGTTTTCGGAT  
 AGAAAAAGTTCCTGTACTGGAGGAACGACACAAGCAGCTTATCGAGTACCGCAAAATCAA  
 CTCTCTGTAATGATTAATGAGGGATATGCAATTAATAGTGGATATATTATCTCTATTGG  
 AGAGATTACAACTGGGTCTATCCATTTGATCCTAAGACAAAGAAAGTTTCTGCAACGAAA  
 CAAATCAAACTCATGTGAGCCACACATTTATACTTTAATGGAATATAGACCTTAAA  
 GGTATGACATTTTACTCTGTGGGATTGGTGTAAACGAGATCCTGGTGCACCTCTCTT  
 GAAGCTGAGAAATTTATGCAATCAATATCAAGTAAACAGAAATTTATACTAATGTTGAT  
 GATCAAAATAAAATTTATGATGAGCTAAATAAATACTTTAAACAAATTTGTTGAGGAAAA  
 CATTTCTATTGTTGATGGAATGTGACTGATCCTATGGGAGAGATGATTGAATTCGAATTA  
 AAAAAATGGTCAAGTTTACACATGATGATTACGTTTGGTTGGAATGATGGCAGTCAA  
 TAAAAAATGGTGTGGCTCTTGGTGGACCAACAGTGATGGGGGAATTTTAAAGATGTT  
 ACAGTGAATTTATGATAAGCATCTCAAACTCAAAATCAATCATTTGAACTTAGGAAGT  
 GGACAAAAAGTATTCTTACCTATGATGATCGTTTAAAGATAACTATATAAGTAACAAA  
 TTTTACAAATCAAAATAATCGTACAAACGCTAAGTCCGAAGAGTGAAAAAGAACCAATACT  
 ATTCGTGATTTCCCAATTCCTCAAAATTCGTGATGTTCTGTGAGTTTCCGGTACTAACCTC  
 AGTAATCAGAGAAATGGGTGAGGTTGAATTTTATTAAGTTAATAAAGACAAACATCA  
 GAATCGCTTTTGGGAGCTAAGTTTCACTTCAGATAGAAAAGATTTTCTGGGTATAG  
 CAATTTGTTCCAGAGGGAAGTGAATGTTACAACAAGAAATGATGGTAAATTTATTTTAA  
 GCCTTCAAGATGTTAATAAATATATGAAATTTCAAGTCCAGATGGCTATATAGAG  
 GTTAAACGAAACCTGTGTGTGACATTTACAATTCAAATGGAGAAAGTTACGAACCTGAAA  
 GCAGATCCAATGCTAATAAAATCAATCGGTATCTTGAAGGAATGGTAAACATCTT  
 ATTACCAACACTCCCAACGCCACAGGTGTTTCTTAAACAGGGGGAATGGTACA  
 ATTGTCTATATATTAGTTGGTTCTACTTTTATGATACTTACCATTGTTCTTCCGTGCT  
 AAACAATTG

SEQ ID NO. 4102: SAG0649 FROM 090 GBS TYPE Ia STRAIN  
 GGTGAAACCCAGATACCAATCAAGCACTTGGAAAAG  
 TAATTGTTAAAAAAGCGGAGACAAATGCTACACCATTAGGCAAAGCGACT  
 TTTGTGTTAAAAAATGACAAATGATAAGTCAGAAAAGTCAAGCAAGCGGT  
 AGAGGGTTCTGGAGAAGCAACCTTTGAAAAACATAAAACCTGGAGACTACA  
 CATTAAGAGAAGAAACAGCACCAATTTGGTTATAAAAAAATGATAAAACC  
 TGGAAAGTTAAAGTTGCAGATAACGGAGCAACAATAATCGAGGGTATGGA  
 TGCAGATAAAGCAGAGAAACGAAAAGAGTTTGAATGCCCAATATCCAA  
 AATCAGCTATTATGAGGATACAAAGAAAATTAACCATTAGTTAATGTA  
 GAGGGTTCCAAAGTTGGTGAACAAATACAAAGCAATGAATCCAATAAATGG  
 AAAAGATGGTGAAGAGAGATTGCTGAAGGTTGGTTATCAAAAAAATTA  
 CAGGGTCAATGATCTCGATAAGAATAAATAAATGAATTAAGTGT  
 GAGGGTAAACCACTGTTGAAACGAAAGAACTTAATCAACCACTAGATGT  
 CGTTGTGCTATTAGATAATTCAATAGTATGAATAATGAAAGAGCCAATA  
 ATTCTCAAAGAGCATTAAGAGCTGGGGAAGCAGTTGAAAAGCTGATTGAT  
 AAAATTAATCAATAAAGCAATAGATAGCTCTTGTGACATATGCCTC  
 AACCATTTTGTATGGTACTGAAGCGACCGTATCAAAGGGAGTTGCGGATC  
 AAAATGGTAAAGCGCTGAATGATGATGATCATGGGATTATCATAAACT  
 ACTTTTACAGCACTACACATAATTACAGTTATTAAATTTAACAATGA  
 TGCTAACGAAGTTAATATTCTAAAGTCAAGAAATTCAAAGGAAGCGGAGC  
 ATATAAATGGGGATCGCAGCTCTATCAATTTGGTGCAGCAATTTACTCAA  
 AAAGCTCTAATGAAAGCAAAATGAAATTTTAGAGACACAAAGTTCTAATGC  
 TAGAAAAAATCTTATTTTCAAGTAACTGATGGTGTCCCTACGATGTCTT  
 ATGCCATAAATTTAATCCTTATATATCAACATCTTACCAAAACCAAGTTT  
 AATTCCTTTTAAATAAATACAGATAGAAGTGGTATTCTCCAAGAGGA  
 TTTTATAATCAATGGTGAATGATTATCAATAGTAAAGGAGATGGAGAGA  
 GTTTTAAACTGTTTTCGGATAGAAAAGTTCTGTTACTGGAGGAACGACA  
 CAAGCAGCTTATCGAGTACCGCAAAATCAACTCTCTGTAATGATGAATGA  
 GGGATATGCAATTAATAGTGGATATATTaCTCTATGGAGAGATTACA  
 ACTGGGTCTATCCATTTGATCTTAAGACAAAGAAAGTTTCTGCAACGAAA  
 CAAATCAAACTCATGGTGAAGCAACCACTTATACCTTTAATGGAATAT  
 AAGACCTAAAGGTTATGACATTTTACTGTTGGGATGGTGTAAACGGAG  
 ATCCTGGTGAACCTCTCTGAAGCTGAGAAATTTATGCAATCAATATCA  
 AGTAAAAACAGAAAATTTACTAATGTTGATGATACAAATAAATTTATGA  
 TGAGCTAATAAATACTTTAAACAATTTGTTGAGGAAAAACATTTCTATTG

Table 41: Comparative Sequences relating to SAG0649

TTGATGGAAATGTGACTGATCCTATGGGAGAGATGATTGAATTCCAATTA  
 AAAAATGGTCAAAGTTTACACATGATGATTACGCTTTGGTGGAAATGA  
 TGGCAGTCAATTAAAAAATGGTGGCTCTTGGTGGACCAACAGTGATG  
 GGGGAATTTTAAAGATGTTACAGTGACTTATGATAAGACATCTCAAACC  
 ATCAAATCAATCAITTTGAACTTAGGAAGTGGACAAAAAGTAGTTCTTAC  
 CTATGATGACGTTTAAAGATAACTATATAAGTAACAAATTTTACAATA  
 CAAATAATCGTACCAACGCTAAGTCCGAAGAGTGAAAAAGAACCAATCT  
 ATTCGTGATTTCCCAATTCCTCAAAATTCGTGATGTTCTGTGAGTTTCCGGT  
 ACTAACCATCAGTAATCAGAAGAAAATGGGTGAGGTTGAATTTATTAAG  
 TTAATAAAGACAAACATTCAGAATCGCTTTGGGAGCTAAGTTTCAACTT  
 CAGATAGAAAAAGATTTTCTGGGTATAAGCAATTTGTTCCAGAGGGGAAG  
 TGATGTTACAAACAAAGATGATGGTAAAAATTTATTTAAAGCACTTCAAG  
 ATGGTAACATATAAATTATATGAAATTTCAAGTCCAGATGGCTATATAGAG  
 GTTAAACGAAACCTGTGTGACATTTACAAATCAAATGGGAGAGTTAC  
 GAACCTGAAAGCAGATCCAAATGCTAATAAAATCAAATCGGGTATCTTG  
 AAGGAAATGGTAAACATCTTATTACCAACACTCCCAACGCCACCAGGT  
 GTT

SEQ ID NO. 4103: SAG0649 FROM A909 GBS TYPE 1a STRAIN

GGTGAACCCCAAGATACCAATCAAGCACTTGGAAAA  
 GTAATTTGTTAAAAAATCGGGGACCAATGCTACACCATTAGGCAAGCGGAC  
 TTTTGTGTTAAAAAATGACAATGATAAGTCAGAAACAAAGTCACGAAACGG  
 TAGAGGGTTCTGGAGAAAGCAACCTTTGAAACATATAAACCTGGAGACTAC  
 ACATTAAGAGAAGAAACAGCAACCAATTTGTTAAAAAATGATGATAAAC  
 CTGGAAGTTAAAGTTGCAGATAACGGAGCAACATAATCGAGGGTATGG  
 ATGCAGATAAAGCAGAGAAACGAAAGAAAGTTTGAATGCCCAATATCCA  
 AATCAGCTATTTATGAGGATACAAAGAAATTTACCATTAAGTTAATGT  
 AGAGGGTTCCAAAGTTGGTGAACATAACAGCATTTGAATCCAAATAATG  
 GAAAGATGGTCCGAAGAGAGATGCTGAAGGTGGTTATCAAAAAAATTT  
 ACAGGGTCAATGATCTCGATAAGAAATAAATATAAATTTGAATTAAGTGT  
 TGAGGGTAAACCACTGTTGAAACGAAAGAACTTAATCAACCACTAGATG  
 TCGTTGTGCTATTAGATAAATCAAATAGTATGAATAATGAAGAGGCCAAT  
 AATTTCTCAAAGAGCAATTAAGCTGGGGAAGCAGTTGAAAGCTGATTGA  
 TAAATTTACATCAAATAAAGACAATAGAGTAGCTCTTGTGACATATGCCCT  
 CAACCATTTTGTAGGTACTGAAGCGACCGTATCAAAGGGAGTTGCCGAT  
 CAAATGGTAAAGCGCTGAATGATAGTGTATCATGGGATTATCATAAAC  
 TACTTTTACAGCACTACACATAATTACAGTTAATTTAAATTTAACAAATG  
 ATGCTAAGCAAGTTAATATTCTAAGTCAAGAAATCCAAAGGAAGCGGAG  
 CATATAAATGGGGATCGCACGCTCTATCAATTTGGTGGACATTTACTCA  
 AAAAGCTCTAATGAAGCAAATGAAATTTTAGAGACAAAGTTCTAATG  
 CTAGAAAAAACTTATTTTCAAGTAACTGATGGTGTCCCTACGATGCT  
 TATGCCATAAATTTAATCCTTATATATCAACATCTTACCAAAACCAAGTT  
 TAATTTCTTTTAAATAAAATACAGATAGAAAGTGGTATTCTCCAAGAGG  
 ATTTTATAATCAATGGTGATGATTATCAAATAGTAAAGGAGATGGAGAG  
 AGTTTAAACTGTTTTCGGATAGAAAGTTCTCTGTACTGGAGGAACGAC  
 ACAAGCAGCTTATCGAGTACCGCAAAATCAACTCTCTGTAATGAGTAATG  
 AGGATATGCAATTAATAGTGGATATTTATCTCTATTGGAGAGATTAC  
 AACTGGGTCTATCCATTGATCTTAAGACAAAGAAAGTTCTGCAACGAA  
 ACAATCAAACCTCATGGTGAGCCAACACATTATACTTTAATGGAAATA  
 TAAGACCTAAAGGTTATGACATTTTACTGTTGGGATTGGTGTAAACGGA  
 GATCTGGTGCAACTCTCTGAAGCTGAGAAATTTATGCAATCAATATC  
 AAGTAAACAGAAATTTATCTAATGTTGATGATACAAATAAATTTATG  
 ATGAGCTAAATAAATCTTTAAACAATTTGTTGAGGAAAAACATTCTATT  
 GTTGATGGAATGTGACTGATCCTATGGGAGAGATGATTGAATTTCAAT  
 AAAAAATGGTCAAAGTTTACACATGATGATTACGCTTTGGTGGAAATG  
 ALGGCAGTCAATTAAAAAATGGTGTGGCTCTTGGTGGACCAACAGTGAT  
 GGGGGAATTTTAAAGATGTTACAGTGACTTATGATAAGACATCTCAAAC  
 CATCAAATCAATCATTTGAACTTAGGAAGTGGACAAAGTAGTTCTTA  
 CCTATGATGACGTTTAAAGATAACTATATAAGTAACAAATTTTACAAT  
 ACAATAAATCGTACCAACGCTAAGTCCGAAGAGTGAAAAAGAACCAATAC  
 TATTCTGTGATTTCCCAATTCCTCAAAATTCGTGATGTTCTGTGAGTTTCCGG  
 TACTAACCATCAGTAATCAGAAGAAAATGGGTGAGGTTGAATTTATTAAG  
 GTTAATAAAGACAAACATTCAGAATCGCTTTGGGAGCTAAGTTTCAACT  
 TCAGATAGAAAAAGATTTTCTGGGTATAAGCAATTTGTTCCAGAGGGAA  
 GTGATGTTACAAACAAAGATGATGGTAAAAATTTATTTAAAGCACTTCAA  
 GATGTGTAATATAAATATATGAAATTTCAAGTCCAGATGGCTATATAGA  
 GGTAAAAACGAAACCTGTGTGACATTTACAATTCAAATGGGAGAGTTA  
 CGAACCTGAAAGCAGATCCAAATGCTAATAAATCAAATCGGGTATCTT  
 GAAGGAAATGGTAAACATCTTATTACCAACACTCCCAACGCCACCAGG  
 GTT

SEQ ID NO. 4104: SAG0649 FROM 18R21 GBS TYPE II STRAIN

GGTGAACCCCAAGATACCAATCAAGCAC  
 TTGGAAAAGTAATTTGTTAAAAAATCGGGAGACAAATGCTACACCAATTAGGC  
 AAAGCGACTTTTGTGTTAAAAAATGACAATGATAAGTCAGAAACAAAGTCA  
 CGAAACGCTAGAGGGTTCTGGAGAAAGCAACCTTTGAAACATATAAACCTG  
 GAGACTACACATTAAGAGAAGAAACAGCAACCAATTTGTTAAAAAATCT  
 GATAAAACCTGGAAAGTTAAAGTTGCAGATAACGGAGCAACAAATATCGA  
 GGGTATGGATGCAGATAAAGCAGAGAAACGAAAGAAAGTTTGAATGCC  
 AATATCCAAATCAGCTATTTATGAGGATACAAAGAAATTTACCATTA  
 GTTAATGTAGAGGGTTCCAAAGTTGGTGAACATAACAAAGCATTTGAATCC  
 AATAAATGGAAAGATGGTCCGAAGAGAGATGCTGAAGGTGGTTATCAA  
 AAAAAATTAAGGGGTCAATGATCTCGATAAGAAATAAATAAATTTGAA

Table 41: Comparative Sequences relating to SAG0649

TTAACTGTTGAGGGTAAAACCACTGTTGAAACGAAAGAACTTAATCAACC  
 ACTAGATGTCGTTGTGCTATTAGATAAATTCAAATAGTATGAATAATGAAA  
 GAGCCATAAATTCTCAAAGAGCATTAAAAGCTGGGGAAGCAGTTGAAAAG  
 CTGATTGATAAAATTACATCAAATAAAGCAATAGAGTAGCTCTTGTGAC  
 ATATGCCCTCAACCATTTTTGATGGTACTGAAGCGACCGTATCAAAGGGAG  
 TTGCCGATCAAATGGTAAAGCGCTGAATGATAGTGTATCATGGGATTAT  
 CATAAAACCTACTTTTACAGCACTACACATAATTACAGTTATTTAAATTT  
 AACAAATGATGCTAAACGAAGTTAATATTCTAAAGTCAAGAATTCCAAAGG  
 AAGCGGAGCATATAAATGGGGATCGCACGCTCTATCAATTTGGTGGCACA  
 TTTACTCAAAAAGCTCTAATGAAAGCAAAATGAAATTTTAGAGACACAAAG  
 TTCTAATGCTAGAAAAAACTTATTTTTCAGTAACTGATGGTGTCCCTA  
 CGATGTCCTATGCCATAAATTTAATCCTTATATCAACATCTTACCRA  
 AACCAATTTAATTTCTTTTAAATAAATACAGATAGAAGTGGTATTCT  
 CCAAGAGGATTTTATAATCAATGGTGTGATTTATCAATAGTAAAAGGAG  
 ATGGAGAGAGTTTAAACTGTTTTCGGATAGAAAAGTTCCTGTTACTGGA  
 GGAACGACACAAGCAGCTTATCGAGTACCGCAAAATCAACTCTCTGTAAT  
 GAGTAATGAGGGATATGCAATTAATAGTGGATATTTATCTCTATTGGA  
 GAGATTACAACCTGGGTCTATCCATTTGATCCTAAGACAAAGAAAGTTCT  
 GCACGAAAAAATCAAACCTCATGGTGAGCCAAACCAATTATACCTTTAA  
 TGGAATATAAGACCTAAAGGTTATGACATTTTACTGTTGGGATTGGTG  
 TAAACGGAGATCCTGGTGCAACTCCTCTTGAAGCTGAGAAATTTATGCAA  
 TCAATATCAAGTAAAAACAGAAAATTTACTAATGTTGATGATACAAATAA  
 AATTTATGATGAGCTAAATAAATCTTTTAAACAATTTGTTGAGGAAAAAC  
 ATTCTATTGTTGATGAAAATGTGACTGATCCTATGGGAGAGATGATTGAA  
 TTCCAATTAATAAATGGTCAAAGTTTACACATGATGATTACGTTTGGT  
 TGGAATGATGGCAGTCAATTAATAAATGGTGTGGCTCTTGGTGGACCAA  
 ACAGTGATGGGGAAATTTTAAAGATGTTACAGTGACTTATGATAAGACA  
 TCTCAACCATCAAATCAATCAATTTGAACTTAGGAAGTGGACAAAAAGT  
 AGTTCTTACCTATGATGACGTTTAAAGATACTATATAAGTAACAAAT  
 TTTACAATACAAATAATCGTACAACGCTAAGTCCGAAGAGTGAAGAAGAA  
 CCAATATCTATcGtGATTCCCAATTCCTAAATTCGTGATGTTCTGTA  
 GTTTCCGGTACTAACCATCAGTAATCAGAAGAAATGGGTGAGGTGAAAT  
 TTATTAAAGTTAATAAGACAAACATTGAGAAATCGCTTTTGGGAGCTAAG  
 TTTCAACTCAGATAGAAAAGATTTTCTGGGTATAAGCAATTTGTTCC  
 AGAGGGAGTGTATTTACAACAAAGAAATGATGGTAAAATTTATTTTAAAG  
 CACTTCAAGATGTTAACTATAAATTTATATGAAATTTCAAGTCCAGATGGC  
 TATATAGAGGTTAAAAACGAAACCTGTTGTGACATTTACAATTCAAATGG  
 AGAAGTTACGAACCTGAAAGCAGATCCAAATGCTAATAAATAAATCAATCG  
 GGTATCTTGAAGGAAATGGTAAACATCTTATTACCAACACTCCCAACGC  
 CCACCAGGTGT

SEQ ID NO. 4105: SAG0649 FROM M732 GBS TYPE III STRAIN

GGTGAAACCCAGATACCAATCAAGCACT  
 TGGAAAAGTAATTTGTTAAAAAAGCGGAGACaTGCTACACCATTAGGCA  
 AAGCGACTTTTGTGTTAAAAAATGACATGATAAGTCAGAAAACAGTCA  
 GAAACGCTAGAGGGTTCTGAGAGAGCAACCTTTGAAAACATAAAACCTGG  
 AGACTACACATTAAAGAGAGAAACAGCACCAATTTGGTTATAAAAAAAGT  
 ATAAAACTGGAAAGTTAAAGTTGCAGATAACGGAGCAACAATAATCGAG  
 GGTATGGATGCAGATAAAGCAGAGAAACGAAAGAAAGTTTGAATGCCCA  
 ATATCCAAAATCAGCTATTATGAGGATACAAAAGAAATTAACCATTA  
 TTAATGTAGAGGGTTCCAAAGTTGGTGAACATAAAGCATTGAATCCA  
 ATAAATGGAAGAGTGGTGAAGAGAGATGCTGAAGGTTGGTTATCAAA  
 AAAAAaTaCaGGGGTCAATGATCTCGATAAGAATAAATAAATAAATGAAAT  
 TAACGTGTTAGGGTAAAACCACTGTTGAAACGAAAGAACTTAATCAACCA  
 CTAGATGTCGTTGTGCTATTAGATAAATCAATAGTATGAATAATGAAAG  
 AGCCATAAATTTCTAAAGAGCATTAAAAGCTGGGGAAGCAGTTGAAAAGC  
 TGATTGATAAAATACATCAATAAAGCAATAGAGTAGCTCTTGTGACA  
 TATGCCCTCAACCATTTTTGATGGTACTGAAGCGACCGTATCAAAGGGAGT  
 TGCCGATCAAATGGTAAAGCGCTGAATGATAGTGTATCATGGGATTATC  
 ATAAAACCTACTTTTACAGCACTACACATAATTACAGTTATTTAAATTTA  
 ACAATGATGCTAAACGAAGTTAATATTCTAAAGTCAAGAATTCCAAAGGA  
 AGCGGAGCATATAAATGGGGATCGCACGCTCTATCAATTTGGTGCACAT  
 TTAATCAAAAAGCTCTAATGAAAGCAAAATGAAATTTAGAGACACAAAGT  
 TCTAATGCTAGAAAAAACTTATTTTTCAGTAACTGATGGTGTCCCTAC  
 GATGTCCTATGCCATAAATTTAATCCTTATATATCAACATCTTACCAAA  
 ACCAGTTTAAATCTTTTTTAAATAAATACAGATAGAAGTGGTATTCTC  
 CAGAGGATTTTATAATCAATGGTGTGATTTATCAATAGTAAAAGGAGA  
 TGGAGAGAGTTTAAACTGTTTTCGGATAGAAAAGTTCCTGTTACTGGAG  
 GAACGACACAAGCAGCTTATCGAGTACCGCAAAATCAACTCTCTGTAATG  
 AGTAATGAGGGATATGCAATTAATAGTGGATATATTATCTCTATTGGAG  
 AGATTACAACCTGGGTCTATCCATTTGATCCTAAGACAAAGAAAGTTCTG  
 CAACGAAACAAATCAAACCTCATGGTGAGCCAAACCAATTATACTTTAAT  
 GGAAATATAAGACCTAAAGGTTATGACATTTTACTGTTGGGATTGGTGT  
 AAACGGAGATCCTGGTGCAACTCCTCTTGAAGCTGAGAAATTTATGCAAT  
 CAATATCAAGTAAAAACAGAAAATTTACTAATGTTGATGATACAAATAA  
 ATTTATGATGAGCTAAATAAATCTTTTAAACAATTTGTTGAGGAAAAACA  
 TTCTATTGTTGATGAAAATGTGACTGATCCTATGGGAGAGATGATTGAAT  
 TTCAATTAATAAATGGTCAAAGTTTACACATGATGATTACGCTTTGGCT  
 GGAAATGATGGCAGTCAATTAATAAATGGTGTGGCTCTTGGTGGACCAA  
 CAGTGATGGGGAAATTTTAAAGATGTTACAGTGACTTATGATAAGACAT  
 CTCAACCATCAAATCAATCAATTTGAACTTAGGAAGTGGACAAAAAGTA  
 GTTCTTACCTATGATGACGTTTAAAGATACTATATAAGTAACAAATTT  
 TTACAATACAAATAATCGTACAACGCTAAGTCCGAAGAGTGAAGAAGAAC

Table 41: Comparative Sequences relating to SAG0649

CAAATACTATTTCGTGATTTCCTCAATTCCCAAAATTCGTGATGTTCTGTGAG  
 TTTCCGGTACTAACCATCAGTAATCAGAAGAAAATGGGTGAGGTTGAATT  
 TATTAAAGTTAATAAAGACAAACATTCAGAATCGCTTTTGGGAGCTAAGT  
 TTCAACTTCAGATAGAAAAAGATTTTCTGGGTATAAGCAATTTGTTCCA  
 GAGGGAAGTGATGTTTACAACAAAGAAATGATGGTAAAAATTTATTTTAAAGC  
 ACTTCAAGATGGTAATATATAATATATGAAATTTCAAGTCCAGATGGCT  
 ATATAGAGGTTAAACGAAACCTGTTGTGACATTTACAATTCAAATGGA  
 GAAGTTACGAACCTGAAAGCAGATCCAAATGCTAATAAAATCAAATCGG  
 GTATCTTGAAGGAAATGGTAAACATCTTATTACCAACACTCCCAACGCC  
 CACCAGGTGT

SEQ ID NO. 4106: SAG0649 FROM COH1 GBS TYPE III STRAIN

GGTGAAACCCAGATACCAATCAAGCACTTGGAAAAG  
 TAATTGTTAAAAAACCGGAGACAAATGCTACACCATTAGGCAAGCGACT  
 TTTGTGTTAAAAATGACAAATGATAAGTCAGAAACAAGTCAGCAACCGT  
 AGAGGGTTCTGGAAAGCAACCTTTGAAAAATATAAACTGGAGACTACA  
 CATTAAGAGAAGAAACAGCACCAATTTGGTTATAAAAAACATGATAAAACC  
 TGGAAAGTTAAAGTTGAGATAACGGAGCAACAATAATCGAGGGTATGGA  
 TGCAGATAAAGCAGAGAAACGAAAAAGAGTTTGAATGCCCAATATCCAA  
 AATCAGCTATTTATGAGGATACAAAAGAAAATACCCATTAGTTAATGTA  
 GAGGGTTCCAAAGTTGGTGAACAATAAAGCAATTTGAATCCAAATAATGG  
 AAAAGATGGTGAAGAGAGATTGCTGAAGGTTGGTTATCAAAAAAATA  
 CAGGGGTCAATGATCTCTGAAGAAATAAATAAATAATGAATTAATCTGT  
 GAGGGTAAAAACCACTGTTGAAAACGAAAGAACTTAATCAACCACTAGATGT  
 CGTTGTGCTATTAGATAAATCAAATAGTATGAATAATGAAGAGCCAATA  
 ATTCTCAAAGAGCATTAAAAAGCTGGGGAAGCAGTTGAAAAGCTGATTTGAT  
 AAAATTACATCAAAATAAGACAATAGAGTAGCTCTTTGTGACATATGCCCTC  
 AACCATTTTGTATGGTACTGAAGCGACCGTATCAAAGGAGTTGCGCATC  
 AAAATGGTAAAGCGCTGAATGATAGTGTATCATGGGATTATCATAAACT  
 ACTTTTACAGCACTACACATAATTACAGTTATTAAATTTAAACAAATGA  
 TGCTAACGAAGTTAATATTCTAAAGTCAAGAATTCCAAAGGAGCGGAGC  
 ATATAAATGGGATCGCAACGCTCTATCAATTTGGTGCGACATTTACTCAA  
 AAAGCTCTAAAGAAAGCAATGAATTTTAGAGACACAAAGTTCTAATGC  
 TAGAAAAAACTTATTTTACGTAACGTGATGGTGTCCCTACGATGTCTT  
 ATGCCATAAATTTAATCCTTATATATCAACATCTTACCAAAACAGTTT  
 AATTCTTTTAAATAAATAACAGATAGAAGTGGTATTCTCCAAGAGGA  
 TTTTATAATCAATGGTGATGATTATCAAATAGTAAAAGGAGATGGAGAGA  
 GTTTTAAAGCTTTTCGGATAGAAAAGTTCTGTTACTGGAGGAACGACA  
 CAGCAGCTTATCGAGTACCGCAAAATCAACTCTCTGTAATGAGTAATGA  
 GGGATATGCAATTAATAGTGGATATAATTATCTCTATTGGAGAGATTACA  
 ACTGGGTCTATCCATTGATCCTAAGACAAAGAAAGTTCTGCAACGAAA  
 CAAATCAAACCTCATGGTGAGCCCAACCAATTATACTTTAATGGAAATAT  
 AAGACCTAAAGGTTATGACATTTTACTGTTGGGATTGGTGTAAACGGAG  
 ATCTGGTGCAACTCCTCTTGAAGCTGAGAAATTTATGCAATCAATATCA  
 AGTAAACAGAAAAATATACTAATGTTGATGATACAAATAAAATTTATGA  
 TGAGCTAAATAAATACTTTAAACAATTTGTTGAGGAAAAACATTTCTATTG  
 TTGATGGAATGTGACTGATCCTATGGGAGAGATGATTGAATTTCCAATTA  
 AAAAATGGTCAAAGTTTACACATGATGATTACGTTTGGTTGGAATGA  
 TGGCAGTCAATTAATAAATGGTGTGGCTCTTGGTGGACCAACAGTGATG  
 GGGGAATTTAAAGATGTTACAGTGACTTATGATAAGACATCTCAAACC  
 ATCAAAATCAATCATTTGAACCTTAGGAAGTGGACAAAAGTAGTTCTTAC  
 CTATGATGTACGTTAAAGATAACTATATAAGTAACAAATTTTACAATA  
 CAAATAATCGTACAAACGCTAAGTCCGAAGAGTGAAGAAAGAACCAATACT  
 ATTCGTGATTTCCCAATTCCTCAAAATTCGTGATGTTGTTGAGTTTCCGGT  
 ACTAACCATCAGTAATCAGAAGAAAATGGGTGAGGTTGAATTTATTAAG  
 TTAATAAGACAAACATTCAGAAATCGCTTTTGGGAGCTAAGTTTCAACTT  
 CAGATAGAAAAAGATTTTCTGGGTATAAGCAATTTGTTCCAGAGGGAAG  
 TGATGTTACAACAAAGAAATGATGGTAAAAATTTATTTAAAGCACTTCAAG  
 ATGGTAACATAAATATATGAATTTCAAGTCCAGATGGCTATATAGAG  
 GTTAAACGAAACCTGTTGTGACATTTACAATTCAAAATGGAGAAAGTTAC  
 GAACCTGAAGCAGATCCAAATGCTAATAAATAAATAAATCGGATATCTTG  
 AAGGAAATGGTAAACATCTTATTACCAACACTCCCAACGCCACCAGGT  
 GTT

SEQ ID NO. 4107: SAG0649 FROM M781 GBS TYPE III STRAIN

TTGGAAAAGTAATTGTTAAAAAACCGGAGACACTGCTACACCATTAGGC  
 AAAGCGACTTTTGTGTTAAAAATGACAAATGATAAGTCAGAAACAAGTCA  
 CGAAACGGTAGAGGGTTCTGGAAAAGCAACCTTTGAAAACATAAAACCTG  
 GAGACTACACATTAAGAGAAGAAACAGCACCAATTTGGTTATAAAAAAAT  
 GATAAAACCTGGAAGTTAAAGTTGCAGATAACGGAGCAmCAATAATCGA  
 GGGTATGATGCAGATAAAGCAGAGAAACGAAAAGAAAGTTTGAATGCC  
 AATATCCAAATCAGCTATTTATGAGGATACAAAAGAAAATACCCATTA  
 GTTAATGTAGAGGGTTCCAAAGTTGGTGAACAATACAAAGCATTTGAATCC  
 AATAAATGGAAGAGATGGTCGAAGAGAGATTGCTGAAGGTTGGTTATCAA  
 AAAAAATTACAGGGGTCAATGATCTCGATAAGAAATAAATAAATAATGAA  
 TTAATCTGTTGAGGGTAAACCACTGTTGAAACGAAGAACTTAATCAACC  
 ACTAGATGTCGTTGTGCTATTAGATAAATCAAATAGTATGAATAATGAAA  
 GAGCCAATAATTTCTCAAAGAGCATTAAAGCTGGGGAAGCAGTTGAAAAG  
 CTGATTGATAAATAATACATCAATAAAGACAATAGAGTAGCTCTTGTGAC  
 ATATGCCCTCAACCATTTTGTATGGTACTGAAGCGACCGTATCAAAGGGAG  
 TTGCCGATCAAAATGGTAAAGCGCTGAATGATAGTGTATCATGGGATTAT  
 CATAAACTACTTTTACAGCACTACACATAATTAACAGTTATTAAATTT  
 AACAAATGATGCTAACGAAGTTAATATTCTAAAGTCAAGAATTCAAAGG

Table 41: Comparative Sequences relating to SAG0649

AAGCGGAGCATATAAATGGGGATCGCACGCTCTATCAATTTGGTGGGACA  
 TTTACTCAAAAAGCTCTAATGAAAGCAAATGAAATTTAGAGACACAAAG  
 TTCTAATGCTAGAAAAAACTTATTTTTCACGTAAGTGAATGGTGTCCCTA  
 CGATGTCTTATGCCATAAATTTTAACTCCTATATATCAACATCTTACCAA  
 AACCATGTTAATTCITTTTTTAAATAAAATACCAGATAGAAGTGGTATCTCT  
 CCAAGAGGATTTTATATCAATGGTGTATGATTATCAAATAGTAAAGGAG  
 ATGGAGAGAGTTTAAACTGTTTTTCGGATAGAAAAGTTCCGTGTACTGGA  
 GGAACGACACACAGCAGCTTATCGAGTACCGCAAATCAACTCTCTGTAAAT  
 GAGTAATGAGGGATATGCAATTAATAGTGGATATATTATCTCTATGGA  
 GAGATTACAACTGGGTCTATCCATTTGATCCTAAGACAAAGAAAGTTTCT  
 GCACCGAAACAAATCAAACCTCATGGTGGCCCAACATTTATCTTTAA  
 TGGAAATATAAGACCTAAAGGTTATGACATTTTACTGTTGGGATTGGTG  
 TAAACGGAGATCCTGGTGCAACTCCTCTTGAAGCTGAGAAATTTATGCAA  
 TCAATATCAAGTAAACAGAAAATTTATCTAATGTTGATGATCAAAATAA  
 AATTTATGATGAGCTAAATAAAATACITTTAAACAATTTGTTGAGGAAAAAC  
 AITCTATGTTGATGGAATGTGACTGATCCTATGGGAGAGATGATTGAA  
 TTCCAATTAATAAATGGTCAAAGTTTACACATGATGATTACGTTTGGT  
 TGGAAATGATGGCAGTCAATTAATAAATGGTGTGGCTCTTGGTGGACCA  
 ACAGTGATGGGGAAATTTTAAAGATGTTACAGTGACTTATGATAAGACA  
 TCTCAAAACCATCAAATCAATCATTTGAACCTTAGGAAGTGGACAAAAAGT  
 AGTTCTTACCTATGATGTACGTTTAAAGATAACTATATAAGTAACAAAT  
 TTTACATACAAATAATCGTACAAACGCTAAGTCCGAAGAGTGAAGAAAGAA  
 CCAATACTATTCTGTGATTTCCCAATTCCTCAAAATTCGTGATGTTCTGGA  
 GTTTCGGTACTAACCATCAGTAATCAGAAGAAATGGGTGAGGTTGAAT  
 TTATTAAGTTAATAAAGACAAACATTGAGAAATCGCTTTTGGGAGCTAAG  
 TTTCAACTTCAGATAGAAAAGATTTTCTGGGTATAGCAATTTGTTCC  
 AGAGGGAAGTGATGTTTACAAACAAAGATGATGGTAAATTTATTTTAAAG  
 CACTTCAAGATGGTAACTATAAATATATGAAATTTCAAGTCCAGATGGC  
 TATATAGAGGTTAAACGAAACCTGTTGTGACATTTCAATTCAAAATGG  
 AGAAGTTACGAACCTGAAAGCAGATCCAAATGCTAATAAAAATCAATCG  
 GGTATCTTGAAGGAAATGGTAAACATCTTATTACCAACTCCCAACGCG  
 CCACCGGTT

SEQ ID NO. 4108: SAG0649 FROM CJB GBS NONTYPEABLE STRAIN  
 GGTGAAACCCAGATACCAATCAAGCACTTGGAAAGT

AATGTTAAAAAACCGGAGACATGCTACACCATTAGGCAAGCGACTT  
 TTGTTTAAAAAATGACAATGATAGTACAGAAACAGTACGAAACGGTA  
 GAGGGTCTCGGATAGCAACCTTTGAAACATATAAACCTGGAGACTACAC  
 ATTAAGAGAAGAAACAGCACCAATTTGGTTATAAAAAAACTGATAAAACCT  
 GGAAAGTTAAAGTTGCAGATAACGGAGCAACAATATCGAGGGTATGGAT  
 GCAGATAAAGCAGAGAAACGAAAGAAAGTTTGAATGCCCAATATCCAAA  
 ATCAGCTATTTATGAGGATACAAAAGAAAATTACCCATTAGTTAATGTAG  
 AGGGTTCCAAAGTTGGTGAAACATACAAAGCATTTGAATCCAAATAATGGA  
 AAAGATGGTGAAGAGAGATGCTGAAGGTTGGTTATCAAAAAAATTTAC  
 aGGGGTCAATGATCTCGATAAGAATAAATAAATTTGAATTAACGTGTTG  
 AGGGTAAAAACCTGTTGAAACGAAAGAACTTAATCAACCACTAGATGTC  
 GTTGTGCTATTAGATAAATTCAAATAGTATGAATAATGAAGAGCCAAATA  
 TTCTCAAGAGCATTAAAGCTGGGGAAGCAGTTGAAAGCTGATTGATA  
 AAATTACATCAAATAAAGACAAATAGAGTAGCTCTTGTGACATATGCCTCA  
 ACCATTTTGTGTTACTGAAGCGACCGTATCAAAGGGAGTTGCCGATCA  
 AAATGGTAAAGCGCTGAATGATGTTGATCATGGGATTATCATAAAACTA  
 CTTTACAGCACTACACATAATTACAGTTATTAAATTTAACAATATGAT  
 GCTAACGAAGTTAATATTCTAAAGTCAAGAAATTCAAAGGAAGCGGAGCA  
 TATAAATGGGGATCGCACGCTCTATCAATTTGGTGCACATTTACTCAAA  
 AAGCTCTAATGAAAGCAATGAAATTTTAGAGACACAAAGTTCTAATGCT  
 AGAAAAAACTTATTTTTCACGTAAGTGTGTTCCCTACGATGCTTA  
 TGCCATAAATTTAATCCTTATATATCAACATCTTACCAAAACAGTTTA  
 ATTCTTTTAAATAAATAACAGATAGAAGTGGTATCTCCAAGAGGAT  
 TTTATAATCAATGGTGTATGATTATCAATAGTAAAGGAGATGGAGAGAG  
 TTTTAACTGTTTTCGGATAGAAAAGTTCTCTGTACTGGAGGAACGACAC  
 AAGCAGCTTATCGAGTACGCAAAATCAACTCTCTGTAATGAGTAATGAG  
 GGATATGCAATTAATAGTGGATATATTATCTCTATTGGAGAGATTACAA  
 CTGGGTCTATCCATTGATCTTAAGACAAAGAAAGTTTCTGCAACGAAAC  
 AAATCAAACCTCATGGTGGCCCAACATTTATCTTTAATGGAAATATA  
 AGACCTAAAGGTTATGACATTTTACTGTTGGGATGGGTGTAACCGAGA  
 TCCTGGTGCACTCCTCTTGAAGCTGAGAAATTTATGCAATCAATATCAA  
 GTAAACAGAAAATATACTAATGTTGATGATACAAATAAATTTATGAT  
 GAGCTAAATAAATACTTTAAACAATTTGTTGAGGAAAAACATTTCTATTGT  
 TGATGAAATGTGACTGATCCTATGGGAGAGATGATTGAATTTCAATTA  
 AAAATGGTCAAAGTTTACACATGATGATTACGTTTGGTTGGAAATGAT  
 GGCAGTCAATTAATAAATGGTGTGGCTCTTGGTGGACCAACAGTGTGG  
 GGAATTTTAAAGATGTTACAGTGACTTATGATAAGACATCTCAACCA  
 TCAAAATCAATCATTGAACTTAGGAAGTGGACAAAAGTAGTTCTTACC  
 TATGATGTACGTTTAAAGATAACTATATAAGTAACAAATTTTACAATAC  
 AAATAATCGTACAAACGCTAAGTCCGAAGAGTGAAGAAAGAACCAATACTA  
 TTCGTGATTTCCCAATTCCTCAAAATTCGTGATGTTCTGTGAGTTTCGGTA  
 CTAACCATCAGTAATCAGAAGAAATGGGTGAGGTTGAATTTATTAAGT  
 TAATAAGACAAACATTCAGAAATCGCTTTTGGGAGCTAAGTTTCAACTTC  
 AGATAGAAAAGATTTTCTGGGTATAAGCAATTTGTTCCAGAGGGAAGT  
 GATGTTACAAACAAAGATGATGGTAAAAATTTATTTTAAAGCACTTCAAGA  
 TGGTAACATATAAATATATGAAATTTCAAGTCCAGATGGCTATATAGAGG  
 TTAACGAAACCTGTTGTGACATTTCAATTCaAATGGAGAAAGTTACG  
 AACCTGAAAGCAGATCCAAATGCTAATAAATAAATCAATCGGCTATCTGA

Table 41: Comparative Sequences relating to SAG0649

AGGAAATGGTAAACATCTTATTACCAACTCCCAAACGCCACCAGTG  
TT

SEQ ID NO. 4109: SAG0649 FROM JN9130013 GBS TYPE VIII STRAIN

GGTGAACCCCAAGATACCAATCAAGCACTTGGAAAAG  
TAATTGTTAAAAAAGCGGAGACAATGCTACACCATTAGGCAAGCGACT  
TTTGTGTTAAAAAATGACATGATAAGTCAGAAACAAGTCACGAAACGGT  
AGAGGGTCTGGAGAAGCAACCTTTGAAAACATAAAACCTGGAGACTACA  
CATTAAAGAGAAGAAACAGCACCAATTGGTTATAAAAAACATGATAAAACC  
TGGAAAGTTAAAGTTGCAGATAACGGAGCAACAATAATCGAGGGTATGGA  
TGCAGATAAAGCAGAGAAACGAAAAGAAGTTTGAATGCCCAATATCCAA  
AATCAGCTATTTATGAGGATACAAAAGAAAATTACCCATTAGTTAATGTA  
GAGGGTTCCAAAGTTGGTGAACAATACAAAGCATTGAATCCAATAAATGG  
AAAAGATGGTCGAAGAGAGATTGCTGAAGGTTGGTTATCAAAAAAATTA  
CAGGGGTCAATGATCTCGATAAGAATAAATATAAAATTGAATTAACTGTT  
GAGGGTAAAACCACTGTTGAAACGAAAGAACTTAATCAACCACTAGATGT  
CGTTGTGCTATTAGATAATTCAAAATAGTATGAATAATGAAAGAGCCAATA  
ATTCTCAAAGAGCATTAAAGCTGGGGAAGCAGTTGAAAAGCTGATTGAT  
AAAATTACATCAAAATAAGACAATAGAGTAGCTCTGTGACATATGCCTC  
AACCATTTTGTATGGTACTGAAGCGACCGTATCAAAGGGAGTTGCCGATC  
AAAATGGTAAAGCGCTGAATGATAGTGATCATGGGATTATCATAAACT  
ACTTTTACAGCAACTACACATAATTACAGTTATTTAAATTTAACAATGA  
TGCTAACGAAAGTTAATATTTCAAAGTCAAGAAATCCAAAGGAAGCGGAGC  
ATATAAATGGGGATCGCACGCTCTATCAATTTGGTGCGACATTTACTCAA  
AAAGCTCTAATGAAAGCAAAATGAAATTTAGAGACACAAAGTTCTAATGC  
TAGAAAAAACTTATTTTTCAGTTAACTGATGGTGTCCCTACGATGTCTT  
ATGCCATAAAATTTTAAATCCTTATATATCAACATCTTACCAAAACAGTTT  
AATTCCTTTTAAATAAAATACAGATAGAAGTGGTATTTCTCAAAGGA  
TTTTATAATCAATGGTGATGATTATCAAAATAGTAAAAGGAGATGGAGAGA  
GTTTTAAACTGTTTTCGGATAGAAAAGTTCTCTGTTACTGGAGGAACGACA  
CAAGCAGCTTATCGAGTACCGCAAAATCAACTCTCTGTAATGAGTAATGA  
GGGATATGCAATTAATAGTGGATATATTTATCTCTATTGGAGAGATTACA  
ACTGGGTCTATCCATTGATCCTAAGACAAAGAAAGTTCTGCAACGAAA  
CAAACTCAAACTCATGGTGAGCCAAACACATTATACTTTAATGGAATAT  
AAGACCTAAAGGTTATGACATTTTACTGTTGGGATTGGTGTAACGGAG  
ATCCTGGTGCAACTCCTCTTGAAGCTGAGAAAATTATGCAATCAATATCA  
AGTAAAAACAGAAAATTTATACTAATGTTGATGATACAAATAAAATTTATGA  
TGAGCTAAATAAATCTTTAAAACAATTTGTTGAGGAAAAACATTCTATGT  
TTGATGGAAATGAGCTGATCCTATGGGAGAGATGATTGAATTCCAATTA  
AAAAATGGTCAAAGTTTACACATGATGATTACGTTTGGTTGGAAATGA  
TGGCAGTCAATTAATAAATGGTGTGGCTCTTGGTGGACCAACAGTGATG  
GGGGAATTTAAAGATGTTACAGTGACTTATGATAAGACATCTCAAACC  
ATCAAAATCAATCATTGAACTTAGGAAGTGGACAAAAGTAGTTCTTAC  
CTATGATGTACGTTTAAAGATAACTATATAAGTAACAAATTTTACAATA  
CAATAATCGTACCAACGCTAAGTCCGAAGAGTGAAGAAAGCAAAATACT  
ATTCTGATTTCCCAATTTCCCAAAATTCGTGATGTTCTGTAGTTTCCGGT  
ACTAACCATCAGTAATCAAAAGAAAATGGGTGAGGTTGAATTTATTAAG  
TTAATAAGACAAACATTCAGAATCGCTTTTGGGAGCTAAGTTTCAACT  
CAGATAAAAAAAGATTTTCTGGGTATAAGCAATTTGTTCCAGAGGGAAG  
TGATGTTACACAAAGAAATGATGGTAAATTTATTTTAAAGCACTTCAAG  
ATGGTAACATAAATTAATGAAATTTCAAGTCCAGATGGCTATATAGAG  
GTTAAACGAAACCTGTTGTGACATTTACAATTCAAATGGAGAGTTAC  
GAACCTGAAAGCAGATCCAATGCTAATAAAATCAAAATCGGGTATCTTG  
AA

Table 41: Comparative Sequences relating to SAG0649

PRETTY of: /biotmp/msal178297.2(\*) May 12, 2003 09:22 ..

	1				50
msal178297.2{104_090}	-----	-----	-----	-----	-----
msal178297.2{104_18RS21}	-----	-----	-----	-----	-----
msal178297.2{104_2603}	atgaaaaaga	gacaaaaaat	atggagaggg	ttatcagtta	ctttactaat
msal178297.2{104_CJB110}	-----	-----	-----	-----	-----
msal178297.2{104_COH1}	-----	-----	-----	-----	-----
msal178297.2{104_M732}	-----	-----	-----	-----	-----
msal178297.2{104_A909}	-----	-----	-----	-----	-----
msal178297.2{104_M781}	-----	-----	-----	-----	-----
msal178297.2{104_JM9130013}	-----	-----	-----	-----	-----
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
	51				100
msal178297.2{104_090}	-----	-----	-----	----ggtgaa	acccaagata
msal178297.2{104_18RS21}	-----	-----	-----	----ggtgaa	acccaagata
msal178297.2{104_2603}	cctgtcccaa	attccatttg	gtatattggg	acaagggtgaa	acccaagata
msal178297.2{104_CJB110}	-----	-----	-----	----ggtgaa	acccaagata
msal178297.2{104_COH1}	-----	-----	-----	----ggtgaa	acccaagata
msal178297.2{104_M732}	-----	-----	-----	----ggtgaa	acccaagata
msal178297.2{104_A909}	-----	-----	-----	----ggtgaa	acccaagata
msal178297.2{104_M781}	-----	-----	-----	----ggtgaa	acccaagata
msal178297.2{104_JM9130013}	-----	-----	-----	----ggtgaa	acccaagata
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
	101				150
msal178297.2{104_090}	ccaatcaagc	actTGGAAAA	GTAATTGTTA	AAAAAACGGG	agACaATGCT
msal178297.2{104_18RS21}	ccaatcaagc	actTGGAAAA	GTAATTGTTA	AAAAAACGGG	agACaATGCT
msal178297.2{104_2603}	ccaatcaagc	actTGGAAAA	GTAATTGTTA	AAAAAACGGG	agACaATGCT
msal178297.2{104_CJB110}	ccaatcaagc	actTGGAAAA	GTAATTGTTA	AAAAAACGGG	agACaATGCT
msal178297.2{104_COH1}	ccaatcaagc	actTGGAAAA	GTAATTGTTA	AAAAAACGGG	agACaATGCT
msal178297.2{104_M732}	ccaatcaagc	actTGGAAAA	GTAATTGTTA	AAAAAACGGG	agACaATGCT
msal178297.2{104_A909}	ccaatcaagc	actTGGAAAA	GTAATTGTTA	AAAAAACGGG	agACaATGCT
msal178297.2{104_M781}	-----	--TTGGAAAA	GTAATTGTTA	AAAAAACGGG	agACaCTGCT
msal178297.2{104_JM9130013}	ccaatcaagc	actTGGAAAA	GTAATTGTTA	AAAAAACGGG	agACaATGCT
Consensus	-----	-----	-----	*****	-----
	151				200
msal178297.2{104_090}	ACACCATTAG	GCAAAGCGAC	TTTTGTGTTA	AAAAATGACA	ATGATAAGTC
msal178297.2{104_18RS21}	ACACCATTAG	GCAAAGCGAC	TTTTGTGTTA	AAAAATGACA	ATGATAAGTC
msal178297.2{104_2603}	ACACCATTAG	GCAAAGCGAC	TTTTGTGTTA	AAAAATGACA	ATGATAAGTC
msal178297.2{104_CJB110}	ACACCATTAG	GCAAAGCGAC	TTTTGTGTTA	AAAAATGACA	ATGATAAGTC
msal178297.2{104_COH1}	ACACCATTAG	GCAAAGCGAC	TTTTGTGTTA	AAAAATGACA	ATGATAAGTC
msal178297.2{104_M732}	ACACCATTAG	GCAAAGCGAC	TTTTGTGTTA	AAAAATGACA	ATGATAAGTC
msal178297.2{104_A909}	ACACCATTAG	GCAAAGCGAC	TTTTGTGTTA	AAAAATGACA	ATGATAAGTC
msal178297.2{104_M781}	ACACCATTAG	GCAAAGCGAC	TTTTGTGTTA	AAAAATGACA	ATGATAAGTC
msal178297.2{104_JM9130013}	ACACCATTAG	GCAAAGCGAC	TTTTGTGTTA	AAAAATGACA	ATGATAAGTC
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
	201				250
msal178297.2{104_090}	AGAAACAAGT	CACGAAACGG	TAGAGGGTTC	TGGAgAAGCA	ACCTTTGAAA
msal178297.2{104_18RS21}	AGAAACAAGT	CACGAAACGG	TAGAGGGTTC	TGGAgAAGCA	ACCTTTGAAA
msal178297.2{104_2603}	AGAAACAAGT	CACGAAACGG	TAGAGGGTTC	TGGAgAAGCA	ACCTTTGAAA
msal178297.2{104_CJB110}	AGAAACAAGT	CACGAAACGG	TAGAGGGTTC	TGGAgAAGCA	ACCTTTGAAA
msal178297.2{104_COH1}	AGAAACAAGT	CACGAAACGG	TAGAGGGTTC	TGGAgAAGCA	ACCTTTGAAA
msal178297.2{104_M732}	AGAAACAAGT	CACGAAACGG	TAGAGGGTTC	TGGAgAAGCA	ACCTTTGAAA
msal178297.2{104_A909}	AGAAACAAGT	CACGAAACGG	TAGAGGGTTC	TGGAgAAGCA	ACCTTTGAAA
msal178297.2{104_M781}	AGAAACAAGT	CACGAAACGG	TAGAGGGTTC	TGGAgAAGCA	ACCTTTGAAA
msal178297.2{104_JM9130013}	AGAAACAAGT	CACGAAACGG	TAGAGGGTTC	TGGAgAAGCA	ACCTTTGAAA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
	251				300
msal178297.2{104_090}	ACATAAAACC	TGGAGACTAC	ACATTAAGAG	AAGAAACAGC	ACCAATTGGT
msal178297.2{104_18RS21}	ACATAAAACC	TGGAGACTAC	ACATTAAGAG	AAGAAACAGC	ACCAATTGGT
msal178297.2{104_2603}	ACATAAAACC	TGGAGACTAC	ACATTAAGAG	AAGAAACAGC	ACCAATTGGT
msal178297.2{104_CJB110}	ACATAAAACC	TGGAGACTAC	ACATTAAGAG	AAGAAACAGC	ACCAATTGGT
msal178297.2{104_COH1}	ACATAAAACC	TGGAGACTAC	ACATTAAGAG	AAGAAACAGC	ACCAATTGGT
msal178297.2{104_M732}	ACATAAAACC	TGGAGACTAC	ACATTAAGAG	AAGAAACAGC	ACCAATTGGT
msal178297.2{104_A909}	ACATAAAACC	TGGAGACTAC	ACATTAAGAG	AAGAAACAGC	ACCAATTGGT
msal178297.2{104_M781}	ACATAAAACC	TGGAGACTAC	ACATTAAGAG	AAGAAACAGC	ACCAATTGGT
msal178297.2{104_JM9130013}	ACATAAAACC	TGGAGACTAC	ACATTAAGAG	AAGAAACAGC	ACCAATTGGT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
	301				350
msal178297.2{104_090}	TATAAAAAAA	CTGATAAAAC	CTGAAAAGTT	AAAGTTGCAG	ATAACGGAGC
msal178297.2{104_18RS21}	TATAAAAAAA	CTGATAAAAC	CTGAAAAGTT	AAAGTTGCAG	ATAACGGAGC
msal178297.2{104_2603}	TATAAAAAAA	CTGATAAAAC	CTGAAAAGTT	AAAGTTGCAG	ATAACGGAGC
msal178297.2{104_CJB110}	TATAAAAAAA	CTGATAAAAC	CTGAAAAGTT	AAAGTTGCAG	ATAACGGAGC
msal178297.2{104_COH1}	TATAAAAAAA	CTGATAAAAC	CTGAAAAGTT	AAAGTTGCAG	ATAACGGAGC
msal178297.2{104_M732}	TATAAAAAAA	CTGATAAAAC	CTGAAAAGTT	AAAGTTGCAG	ATAACGGAGC
msal178297.2{104_A909}	TATAAAAAAA	CTGATAAAAC	CTGAAAAGTT	AAAGTTGCAG	ATAACGGAGC
msal178297.2{104_M781}	TATAAAAAAA	CTGATAAAAC	CTGAAAAGTT	AAAGTTGCAG	ATAACGGAGC



Table 41: Comparative Sequences relating to SAG0649

msa178297.2{104_JM9130013}	TATAAAAAA	CTGATAAAC	CTGGAAAGTT	AAAGTTGCAG	ATAACGGAGC
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa178297.2{104_090}	351				400
AaCAATAATC	GAGGGTATGG	ATGCAGATAA	AGCAGAGAAA	CGAAAAAGAA	
AaCAATAATC	GAGGGTATGG	ATGCAGATAA	AGCAGAGAAA	CGAAAAAGAA	
AaCAATAATC	GAGGGTATGG	ATGCAGATAA	AGCAGAGAAA	CGAAAAAGAA	
AaCAATAATC	GAGGGTATGG	ATGCAGATAA	AGCAGAGAAA	CGAAAAAGAA	
AaCAATAATC	GAGGGTATGG	ATGCAGATAA	AGCAGAGAAA	CGAAAAAGAA	
AaCAATAATC	GAGGGTATGG	ATGCAGATAA	AGCAGAGAAA	CGAAAAAGAA	
AaCAATAATC	GAGGGTATGG	ATGCAGATAA	AGCAGAGAAA	CGAAAAAGAA	
AaCAATAATC	GAGGGTATGG	ATGCAGATAA	AGCAGAGAAA	CGAAAAAGAA	
AaCAATAATC	GAGGGTATGG	ATGCAGATAA	AGCAGAGAAA	CGAAAAAGAA	
msa178297.2{104_JM9130013}	351				400
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa178297.2{104_090}	401				450
TTTTGAATGC	CCAATATCCA	AAATCAGCTA	TTTATGAGGA	TACAAAAGAA	
TTTTGAATGC	CCAATATCCA	AAATCAGCTA	TTTATGAGGA	TACAAAAGAA	
TTTTGAATGC	CCAATATCCA	AAATCAGCTA	TTTATGAGGA	TACAAAAGAA	
TTTTGAATGC	CCAATATCCA	AAATCAGCTA	TTTATGAGGA	TACAAAAGAA	
TTTTGAATGC	CCAATATCCA	AAATCAGCTA	TTTATGAGGA	TACAAAAGAA	
TTTTGAATGC	CCAATATCCA	AAATCAGCTA	TTTATGAGGA	TACAAAAGAA	
TTTTGAATGC	CCAATATCCA	AAATCAGCTA	TTTATGAGGA	TACAAAAGAA	
TTTTGAATGC	CCAATATCCA	AAATCAGCTA	TTTATGAGGA	TACAAAAGAA	
TTTTGAATGC	CCAATATCCA	AAATCAGCTA	TTTATGAGGA	TACAAAAGAA	
msa178297.2{104_JM9130013}	401				450
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa178297.2{104_090}	451				500
AATTACCCAT	TAGTTAATGT	AGAGGGTTCC	AAAGTTGGTG	AACAATACAA	
AATTACCCAT	TAGTTAATGT	AGAGGGTTCC	AAAGTTGGTG	AACAATACAA	
AATTACCCAT	TAGTTAATGT	AGAGGGTTCC	AAAGTTGGTG	AACAATACAA	
AATTACCCAT	TAGTTAATGT	AGAGGGTTCC	AAAGTTGGTG	AACAATACAA	
AATTACCCAT	TAGTTAATGT	AGAGGGTTCC	AAAGTTGGTG	AACAATACAA	
AATTACCCAT	TAGTTAATGT	AGAGGGTTCC	AAAGTTGGTG	AACAATACAA	
AATTACCCAT	TAGTTAATGT	AGAGGGTTCC	AAAGTTGGTG	AACAATACAA	
AATTACCCAT	TAGTTAATGT	AGAGGGTTCC	AAAGTTGGTG	AACAATACAA	
AATTACCCAT	TAGTTAATGT	AGAGGGTTCC	AAAGTTGGTG	AACAATACAA	
msa178297.2{104_JM9130013}	451				500
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa178297.2{104_090}	501				550
AGCATTGAAT	CCAATAAATG	GAAAAGATGG	TCGAAGAGAG	ATTGCTGAAG	
AGCATTGAAT	CCAATAAATG	GAAAAGATGG	TCGAAGAGAG	ATTGCTGAAG	
AGCATTGAAT	CCAATAAATG	GAAAAGATGG	TCGAAGAGAG	ATTGCTGAAG	
AGCATTGAAT	CCAATAAATG	GAAAAGATGG	TCGAAGAGAG	ATTGCTGAAG	
AGCATTGAAT	CCAATAAATG	GAAAAGATGG	TCGAAGAGAG	ATTGCTGAAG	
AGCATTGAAT	CCAATAAATG	GAAAAGATGG	TCGAAGAGAG	ATTGCTGAAG	
AGCATTGAAT	CCAATAAATG	GAAAAGATGG	TCGAAGAGAG	ATTGCTGAAG	
AGCATTGAAT	CCAATAAATG	GAAAAGATGG	TCGAAGAGAG	ATTGCTGAAG	
AGCATTGAAT	CCAATAAATG	GAAAAGATGG	TCGAAGAGAG	ATTGCTGAAG	
msa178297.2{104_JM9130013}	501				550
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa178297.2{104_090}	551				600
GTTGGTTATC	AAAAAAAAT	ACAGGGGTCA	ATGATCTCGA	TAAGAATAAA	
GTTGGTTATC	AAAAAAAAT	ACAGGGGTCA	ATGATCTCGA	TAAGAATAAA	
GTTGGTTATC	AAAAAAAAT	ACAGGGGTCA	ATGATCTCGA	TAAGAATAAA	
GTTGGTTATC	AAAAAAAAT	ACAGGGGTCA	ATGATCTCGA	TAAGAATAAA	
GTTGGTTATC	AAAAAAAAT	ACAGGGGTCA	ATGATCTCGA	TAAGAATAAA	
GTTGGTTATC	AAAAAAAAT	ACAGGGGTCA	ATGATCTCGA	TAAGAATAAA	
GTTGGTTATC	AAAAAAAAT	ACAGGGGTCA	ATGATCTCGA	TAAGAATAAA	
GTTGGTTATC	AAAAAAAAT	ACAGGGGTCA	ATGATCTCGA	TAAGAATAAA	
GTTGGTTATC	AAAAAAAAT	ACAGGGGTCA	ATGATCTCGA	TAAGAATAAA	
msa178297.2{104_JM9130013}	551				600
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa178297.2{104_090}	601				650
TATAAAATTG	AATTAACGTG	TGAGGGTAAA	ACCACTGTTG	AAACGAAAGA	
TATAAAATTG	AATTAACGTG	TGAGGGTAAA	ACCACTGTTG	AAACGAAAGA	
TATAAAATTG	AATTAACGTG	TGAGGGTAAA	ACCACTGTTG	AAACGAAAGA	
TATAAAATTG	AATTAACGTG	TGAGGGTAAA	ACCACTGTTG	AAACGAAAGA	
TATAAAATTG	AATTAACGTG	TGAGGGTAAA	ACCACTGTTG	AAACGAAAGA	
TATAAAATTG	AATTAACGTG	TGAGGGTAAA	ACCACTGTTG	AAACGAAAGA	
TATAAAATTG	AATTAACGTG	TGAGGGTAAA	ACCACTGTTG	AAACGAAAGA	
TATAAAATTG	AATTAACGTG	TGAGGGTAAA	ACCACTGTTG	AAACGAAAGA	
TATAAAATTG	AATTAACGTG	TGAGGGTAAA	ACCACTGTTG	AAACGAAAGA	
msa178297.2{104_JM9130013}	601				650
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa178297.2{104_090}	651				700
ACTTAATCAA	CCACTAGATG	TCGTTGTGCT	ATTAGATAAT	TCAAATAGTA	
ACTTAATCAA	CCACTAGATG	TCGTTGTGCT	ATTAGATAAT	TCAAATAGTA	
ACTTAATCAA	CCACTAGATG	TCGTTGTGCT	ATTAGATAAT	TCAAATAGTA	
ACTTAATCAA	CCACTAGATG	TCGTTGTGCT	ATTAGATAAT	TCAAATAGTA	
ACTTAATCAA	CCACTAGATG	TCGTTGTGCT	ATTAGATAAT	TCAAATAGTA	
ACTTAATCAA	CCACTAGATG	TCGTTGTGCT	ATTAGATAAT	TCAAATAGTA	
ACTTAATCAA	CCACTAGATG	TCGTTGTGCT	ATTAGATAAT	TCAAATAGTA	
ACTTAATCAA	CCACTAGATG	TCGTTGTGCT	ATTAGATAAT	TCAAATAGTA	
ACTTAATCAA	CCACTAGATG	TCGTTGTGCT	ATTAGATAAT	TCAAATAGTA	
msa178297.2{104_JM9130013}	651				700
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****

Table 41: Comparative Sequences relating to SAG0649

msa178297.2{104_M781}	ACITTAATCAA	CCACTAGATG	TCGTTGTGCT	ATTAGATAAT	TCAAATAGTA
msa178297.2{104_JM9130013}	ACTTAATCAA	CCACTAGATG	TCGTTGTGCT	ATTAGATAAT	TCAAATAGTA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa178297.2{104_090}	701				750
msa178297.2{104_18RS21}	TGAATAATGA	AAGAGCCAAT	AATTCTCAAA	GAGCATTAAA	AGCTGGGGAA
msa178297.2{104_2603}	TGAATAATGA	AAGAGCCAAT	AATTCTCAAA	GAGCATTAAA	AGCTGGGGAA
msa178297.2{104_CJB110}	TGAATAATGA	AAGAGCCAAT	AATTCTCAAA	GAGCATTAAA	AGCTGGGGAA
msa178297.2{104_COH1}	TGAATAATGA	AAGAGCCAAT	AATTCTCAAA	GAGCATTAAA	AGCTGGGGAA
msa178297.2{104_M732}	TGAATAATGA	AAGAGCCAAT	AATTCTCAAA	GAGCATTAAA	AGCTGGGGAA
msa178297.2{104_A909}	TGAATAATGA	AAGAGCCAAT	AATTCTCAAA	GAGCATTAAA	AGCTGGGGAA
msa178297.2{104_M781}	TGAATAATGA	AAGAGCCAAT	AATTCTCAAA	GAGCATTAAA	AGCTGGGGAA
msa178297.2{104_JM9130013}	TGAATAATGA	AAGAGCCAAT	AATTCTCAAA	GAGCATTAAA	AGCTGGGGAA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa178297.2{104_090}	751				800
msa178297.2{104_18RS21}	GCAGTTGAAA	AGCTGATTGA	TAAAATTACA	TCAAATAAAG	ACAATAGAGT
msa178297.2{104_2603}	GCAGTTGAAA	AGCTGATTGA	TAAAATTACA	TCAAATAAAG	ACAATAGAGT
msa178297.2{104_CJB110}	GCAGTTGAAA	AGCTGATTGA	TAAAATTACA	TCAAATAAAG	ACAATAGAGT
msa178297.2{104_COH1}	GCAGTTGAAA	AGCTGATTGA	TAAAATTACA	TCAAATAAAG	ACAATAGAGT
msa178297.2{104_M732}	GCAGTTGAAA	AGCTGATTGA	TAAAATTACA	TCAAATAAAG	ACAATAGAGT
msa178297.2{104_A909}	GCAGTTGAAA	AGCTGATTGA	TAAAATTACA	TCAAATAAAG	ACAATAGAGT
msa178297.2{104_M781}	GCAGTTGAAA	AGCTGATTGA	TAAAATTACA	TCAAATAAAG	ACAATAGAGT
msa178297.2{104_JM9130013}	GCAGTTGAAA	AGCTGATTGA	TAAAATTACA	TCAAATAAAG	ACAATAGAGT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa178297.2{104_090}	801				850
msa178297.2{104_18RS21}	AGCTCTTGTG	ACATATGCCT	CAACCATTTT	TGATGGTACT	GAAGCGACCG
msa178297.2{104_2603}	AGCTCTTGTG	ACATATGCCT	CAACCATTTT	TGATGGTACT	GAAGCGACCG
msa178297.2{104_CJB110}	AGCTCTTGTG	ACATATGCCT	CAACCATTTT	TGATGGTACT	GAAGCGACCG
msa178297.2{104_COH1}	AGCTCTTGTG	ACATATGCCT	CAACCATTTT	TGATGGTACT	GAAGCGACCG
msa178297.2{104_M732}	AGCTCTTGTG	ACATATGCCT	CAACCATTTT	TGATGGTACT	GAAGCGACCG
msa178297.2{104_A909}	AGCTCTTGTG	ACATATGCCT	CAACCATTTT	TGATGGTACT	GAAGCGACCG
msa178297.2{104_M781}	AGCTCTTGTG	ACATATGCCT	CAACCATTTT	TGATGGTACT	GAAGCGACCG
msa178297.2{104_JM9130013}	AGCTCTTGTG	ACATATGCCT	CAACCATTTT	TGATGGTACT	GAAGCGACCG
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa178297.2{104_090}	851				900
msa178297.2{104_18RS21}	TATCAAAGGG	AGTTGCCGAT	CAAAATGGTA	AAGCGCTGAA	TGATAGTGTA
msa178297.2{104_2603}	TATCAAAGGG	AGTTGCCGAT	CAAAATGGTA	AAGCGCTGAA	TGATAGTGTA
msa178297.2{104_CJB110}	TATCAAAGGG	AGTTGCCGAT	CAAAATGGTA	AAGCGCTGAA	TGATAGTGTA
msa178297.2{104_COH1}	TATCAAAGGG	AGTTGCCGAT	CAAAATGGTA	AAGCGCTGAA	TGATAGTGTA
msa178297.2{104_M732}	TATCAAAGGG	AGTTGCCGAT	CAAAATGGTA	AAGCGCTGAA	TGATAGTGTA
msa178297.2{104_A909}	TATCAAAGGG	AGTTGCCGAT	CAAAATGGTA	AAGCGCTGAA	TGATAGTGTA
msa178297.2{104_M781}	TATCAAAGGG	AGTTGCCGAT	CAAAATGGTA	AAGCGCTGAA	TGATAGTGTA
msa178297.2{104_JM9130013}	TATCAAAGGG	AGTTGCCGAT	CAAAATGGTA	AAGCGCTGAA	TGATAGTGTA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa178297.2{104_090}	901				950
msa178297.2{104_18RS21}	TCATGGGATT	ATCATAAAAC	TACTTTTACA	GCAACTACAC	ATAATTACAG
msa178297.2{104_2603}	TCATGGGATT	ATCATAAAAC	TACTTTTACA	GCAACTACAC	ATAATTACAG
msa178297.2{104_CJB110}	TCATGGGATT	ATCATAAAAC	TACTTTTACA	GCAACTACAC	ATAATTACAG
msa178297.2{104_COH1}	TCATGGGATT	ATCATAAAAC	TACTTTTACA	GCAACTACAC	ATAATTACAG
msa178297.2{104_M732}	TCATGGGATT	ATCATAAAAC	TACTTTTACA	GCAACTACAC	ATAATTACAG
msa178297.2{104_A909}	TCATGGGATT	ATCATAAAAC	TACTTTTACA	GCAACTACAC	ATAATTACAG
msa178297.2{104_M781}	TCATGGGATT	ATCATAAAAC	TACTTTTACA	GCAACTACAC	ATAATTACAG
msa178297.2{104_JM9130013}	TCATGGGATT	ATCATAAAAC	TACTTTTACA	GCAACTACAC	ATAATTACAG
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa178297.2{104_090}	951				1000
msa178297.2{104_18RS21}	TTATTTAAAT	TTAACAAATG	ATGCTAACGA	AGTTAATATT	CTAAAGTCAA
msa178297.2{104_2603}	TTATTTAAAT	TTAACAAATG	ATGCTAACGA	AGTTAATATT	CTAAAGTCAA
msa178297.2{104_CJB110}	TTATTTAAAT	TTAACAAATG	ATGCTAACGA	AGTTAATATT	CTAAAGTCAA
msa178297.2{104_COH1}	TTATTTAAAT	TTAACAAATG	ATGCTAACGA	AGTTAATATT	CTAAAGTCAA
msa178297.2{104_M732}	TTATTTAAAT	TTAACAAATG	ATGCTAACGA	AGTTAATATT	CTAAAGTCAA
msa178297.2{104_A909}	TTATTTAAAT	TTAACAAATG	ATGCTAACGA	AGTTAATATT	CTAAAGTCAA
msa178297.2{104_M781}	TTATTTAAAT	TTAACAAATG	ATGCTAACGA	AGTTAATATT	CTAAAGTCAA
msa178297.2{104_JM9130013}	TTATTTAAAT	TTAACAAATG	ATGCTAACGA	AGTTAATATT	CTAAAGTCAA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa178297.2{104_090}	1001				1050
msa178297.2{104_18RS21}	GAATTCCTAAA	GGAAGCGGAG	CATATAAATG	GGGATCGCAC	GCTCTATCAA
msa178297.2{104_2603}	GAATTCCTAAA	GGAAGCGGAG	CATATAAATG	GGGATCGCAC	GCTCTATCAA
msa178297.2{104_CJB110}	GAATTCCTAAA	GGAAGCGGAG	CATATAAATG	GGGATCGCAC	GCTCTATCAA
msa178297.2{104_COH1}	GAATTCCTAAA	GGAAGCGGAG	CATATAAATG	GGGATCGCAC	GCTCTATCAA
msa178297.2{104_M732}	GAATTCCTAAA	GGAAGCGGAG	CATATAAATG	GGGATCGCAC	GCTCTATCAA

Table 41: Comparative Sequences relating to SAG0649

msa178297.2{104_A909}	GAATTCCAAA	GGAAGCGGAG	CATATAAATG	GGGATCGCAC	GCTCTATCAA
msa178297.2{104_M781}	GAATTCCAAA	GGAAGCGGAG	CATATAAATG	GGGATCGCAC	GCTCTATCAA
msa178297.2{104_JM9130013}	GAATTCCAAA	GGAAGCGGAG	CATATAAATG	GGGATCGCAC	GCTCTATCAA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa178297.2{104_090}	TTTGGTGC	CATTACTCA	AAAAGCTCTA	ATGAAAGCAA	ATGAAATTTT
msa178297.2{104_18RS21}	TTTGGTGC	CATTACTCA	AAAAGCTCTA	ATGAAAGCAA	ATGAAATTTT
msa178297.2{104_2603}	TTTGGTGC	CATTACTCA	AAAAGCTCTA	ATGAAAGCAA	ATGAAATTTT
msa178297.2{104_CJB110}	TTTGGTGC	CATTACTCA	AAAAGCTCTA	ATGAAAGCAA	ATGAAATTTT
msa178297.2{104_COH1}	TTTGGTGC	CATTACTCA	AAAAGCTCTA	ATGAAAGCAA	ATGAAATTTT
msa178297.2{104_M732}	TTTGGTGC	CATTACTCA	AAAAGCTCTA	ATGAAAGCAA	ATGAAATTTT
msa178297.2{104_A909}	TTTGGTGC	CATTACTCA	AAAAGCTCTA	ATGAAAGCAA	ATGAAATTTT
msa178297.2{104_M781}	TTTGGTGC	CATTACTCA	AAAAGCTCTA	ATGAAAGCAA	ATGAAATTTT
msa178297.2{104_JM9130013}	TTTGGTGC	CATTACTCA	AAAAGCTCTA	ATGAAAGCAA	ATGAAATTTT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa178297.2{104_090}	AGAGACACAA	AGTTCTAATG	CTAGAAAAAA	ACTTATTTTT	CACGTAAC
msa178297.2{104_18RS21}	AGAGACACAA	AGTTCTAATG	CTAGAAAAAA	ACTTATTTTT	CACGTAAC
msa178297.2{104_2603}	AGAGACACAA	AGTTCTAATG	CTAGAAAAAA	ACTTATTTTT	CACGTAAC
msa178297.2{104_CJB110}	AGAGACACAA	AGTTCTAATG	CTAGAAAAAA	ACTTATTTTT	CACGTAAC
msa178297.2{104_COH1}	AGAGACACAA	AGTTCTAATG	CTAGAAAAAA	ACTTATTTTT	CACGTAAC
msa178297.2{104_M732}	AGAGACACAA	AGTTCTAATG	CTAGAAAAAA	ACTTATTTTT	CACGTAAC
msa178297.2{104_A909}	AGAGACACAA	AGTTCTAATG	CTAGAAAAAA	ACTTATTTTT	CACGTAAC
msa178297.2{104_M781}	AGAGACACAA	AGTTCTAATG	CTAGAAAAAA	ACTTATTTTT	CACGTAAC
msa178297.2{104_JM9130013}	AGAGACACAA	AGTTCTAATG	CTAGAAAAAA	ACTTATTTTT	CACGTAAC
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa178297.2{104_090}	ATGGTGTCCC	TACGATGTCT	TATGCCATAA	ATTTTAATCC	TTATATATCA
msa178297.2{104_18RS21}	ATGGTGTCCC	TACGATGTCT	TATGCCATAA	ATTTTAATCC	TTATATATCA
msa178297.2{104_2603}	ATGGTGTCCC	TACGATGTCT	TATGCCATAA	ATTTTAATCC	TTATATATCA
msa178297.2{104_CJB110}	ATGGTGTCCC	TACGATGTCT	TATGCCATAA	ATTTTAATCC	TTATATATCA
msa178297.2{104_COH1}	ATGGTGTCCC	TACGATGTCT	TATGCCATAA	ATTTTAATCC	TTATATATCA
msa178297.2{104_M732}	ATGGTGTCCC	TACGATGTCT	TATGCCATAA	ATTTTAATCC	TTATATATCA
msa178297.2{104_A909}	ATGGTGTCCC	TACGATGTCT	TATGCCATAA	ATTTTAATCC	TTATATATCA
msa178297.2{104_M781}	ATGGTGTCCC	TACGATGTCT	TATGCCATAA	ATTTTAATCC	TTATATATCA
msa178297.2{104_JM9130013}	ATGGTGTCCC	TACGATGTCT	TATGCCATAA	ATTTTAATCC	TTATATATCA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa178297.2{104_090}	ACATCTTACC	AAAACCAAGT	TAATTCITTT	TAAATAAAAA	TACCAGATAG
msa178297.2{104_18RS21}	ACATCTTACC	AAAACCAAGT	TAATTCITTT	TAAATAAAAA	TACCAGATAG
msa178297.2{104_2603}	ACATCTTACC	AAAACCAAGT	TAATTCITTT	TAAATAAAAA	TACCAGATAG
msa178297.2{104_CJB110}	ACATCTTACC	AAAACCAAGT	TAATTCITTT	TAAATAAAAA	TACCAGATAG
msa178297.2{104_COH1}	ACATCTTACC	AAAACCAAGT	TAATTCITTT	TAAATAAAAA	TACCAGATAG
msa178297.2{104_M732}	ACATCTTACC	AAAACCAAGT	TAATTCITTT	TAAATAAAAA	TACCAGATAG
msa178297.2{104_A909}	ACATCTTACC	AAAACCAAGT	TAATTCITTT	TAAATAAAAA	TACCAGATAG
msa178297.2{104_M781}	ACATCTTACC	AAAACCAAGT	TAATTCITTT	TAAATAAAAA	TACCAGATAG
msa178297.2{104_JM9130013}	ACATCTTACC	AAAACCAAGT	TAATTCITTT	TAAATAAAAA	TACCAGATAG
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa178297.2{104_090}	AAGTGGTATT	CTCCAAGAGG	ATTTTATAAT	CAATGGTGAT	GATTATCAAA
msa178297.2{104_18RS21}	AAGTGGTATT	CTCCAAGAGG	ATTTTATAAT	CAATGGTGAT	GATTATCAAA
msa178297.2{104_2603}	AAGTGGTATT	CTCCAAGAGG	ATTTTATAAT	CAATGGTGAT	GATTATCAAA
msa178297.2{104_CJB110}	AAGTGGTATT	CTCCAAGAGG	ATTTTATAAT	CAATGGTGAT	GATTATCAAA
msa178297.2{104_COH1}	AAGTGGTATT	CTCCAAGAGG	ATTTTATAAT	CAATGGTGAT	GATTATCAAA
msa178297.2{104_M732}	AAGTGGTATT	CTCCAAGAGG	ATTTTATAAT	CAATGGTGAT	GATTATCAAA
msa178297.2{104_A909}	AAGTGGTATT	CTCCAAGAGG	ATTTTATAAT	CAATGGTGAT	GATTATCAAA
msa178297.2{104_M781}	AAGTGGTATT	CTCCAAGAGG	ATTTTATAAT	CAATGGTGAT	GATTATCAAA
msa178297.2{104_JM9130013}	AAGTGGTATT	CTCCAAGAGG	ATTTTATAAT	CAATGGTGAT	GATTATCAAA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa178297.2{104_090}	TAGTAAAAGG	AGATGGAGAG	AGTTTTAAAC	TGTTTTCGGA	TAGAAAAGTT
msa178297.2{104_18RS21}	TAGTAAAAGG	AGATGGAGAG	AGTTTTAAAC	TGTTTTCGGA	TAGAAAAGTT
msa178297.2{104_2603}	TAGTAAAAGG	AGATGGAGAG	AGTTTTAAAC	TGTTTTCGGA	TAGAAAAGTT
msa178297.2{104_CJB110}	TAGTAAAAGG	AGATGGAGAG	AGTTTTAAAC	TGTTTTCGGA	TAGAAAAGTT
msa178297.2{104_COH1}	TAGTAAAAGG	AGATGGAGAG	AGTTTTAAAC	TGTTTTCGGA	TAGAAAAGTT
msa178297.2{104_M732}	TAGTAAAAGG	AGATGGAGAG	AGTTTTAAAC	TGTTTTCGGA	TAGAAAAGTT
msa178297.2{104_A909}	TAGTAAAAGG	AGATGGAGAG	AGTTTTAAAC	TGTTTTCGGA	TAGAAAAGTT
msa178297.2{104_M781}	TAGTAAAAGG	AGATGGAGAG	AGTTTTAAAC	TGTTTTCGGA	TAGAAAAGTT
msa178297.2{104_JM9130013}	TAGTAAAAGG	AGATGGAGAG	AGTTTTAAAC	TGTTTTCGGA	TAGAAAAGTT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa178297.2{104_090}	CCTGTTACTG	GAGGAACGAC	ACAAGCAGCT	TATCGAGTAC	CGCAAAATCA
msa178297.2{104_18RS21}	CCTGTTACTG	GAGGAACGAC	ACAAGCAGCT	TATCGAGTAC	CGCAAAATCA
msa178297.2{104_2603}	CCTGTTACTG	GAGGAACGAC	ACAAGCAGCT	TATCGAGTAC	CGCAAAATCA
msa178297.2{104_CJB110}	CCTGTTACTG	GAGGAACGAC	ACAAGCAGCT	TATCGAGTAC	CGCAAAATCA
msa178297.2{104_COH1}	CCTGTTACTG	GAGGAACGAC	ACAAGCAGCT	TATCGAGTAC	CGCAAAATCA

Table 41: Comparative Sequences relating to SAG0649

msa178297.2{104_M732}	CCTGTTACTG	GAGGAACGAC	ACAAGCAGCT	TATCGAGTAC	CGCAAAATCA
msa178297.2{104_A909}	CCTGTTACTG	GAGGAACGAC	ACAAGCAGCT	TATCGAGTAC	CGCAAAATCA
msa178297.2{104_M781}	CCTGTTACTG	GAGGAACGAC	ACAAGCAGCT	TATCGAGTAC	CGCAAAATCA
msa178297.2{104_JM9130013}	CCTGTTACTG	GAGGAACGAC	ACAAGCAGCT	TATCGAGTAC	CGCAAAATCA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
1401					
msa178297.2{104_090}	ACTCTCTGTA	ATGAGTAATG	AGGGATATGC	AATTAATAGT	GGATATATTT
msa178297.2{104_18RS21}	ACTCTCTGTA	ATGAGTAATG	AGGGATATGC	AATTAATAGT	GGATATATTT
msa178297.2{104_2603}	ACTCTCTGTA	ATGAGTAATG	AGGGATATGC	AATTAATAGT	GGATATATTT
msa178297.2{104_CJB110}	ACTCTCTGTA	ATGAGTAATG	AGGGATATGC	AATTAATAGT	GGATATATTT
msa178297.2{104_COH1}	ACTCTCTGTA	ATGAGTAATG	AGGGATATGC	AATTAATAGT	GGATATATTT
msa178297.2{104_M732}	ACTCTCTGTA	ATGAGTAATG	AGGGATATGC	AATTAATAGT	GGATATATTT
msa178297.2{104_A909}	ACTCTCTGTA	ATGAGTAATG	AGGGATATGC	AATTAATAGT	GGATATATTT
msa178297.2{104_M781}	ACTCTCTGTA	ATGAGTAATG	AGGGATATGC	AATTAATAGT	GGATATATTT
msa178297.2{104_JM9130013}	ACTCTCTGTA	ATGAGTAATG	AGGGATATGC	AATTAATAGT	GGATATATTT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
1451					
msa178297.2{104_090}	ATCTCTATTG	GAGAGATTAC	AACCTGGTCT	ATCCATTGGA	TCCTAAGACA
msa178297.2{104_18RS21}	ATCTCTATTG	GAGAGATTAC	AACCTGGTCT	ATCCATTGGA	TCCTAAGACA
msa178297.2{104_2603}	ATCTCTATTG	GAGAGATTAC	AACCTGGTCT	ATCCATTGGA	TCCTAAGACA
msa178297.2{104_CJB110}	ATCTCTATTG	GAGAGATTAC	AACCTGGTCT	ATCCATTGGA	TCCTAAGACA
msa178297.2{104_COH1}	ATCTCTATTG	GAGAGATTAC	AACCTGGTCT	ATCCATTGGA	TCCTAAGACA
msa178297.2{104_M732}	ATCTCTATTG	GAGAGATTAC	AACCTGGTCT	ATCCATTGGA	TCCTAAGACA
msa178297.2{104_A909}	ATCTCTATTG	GAGAGATTAC	AACCTGGTCT	ATCCATTGGA	TCCTAAGACA
msa178297.2{104_M781}	ATCTCTATTG	GAGAGATTAC	AACCTGGTCT	ATCCATTGGA	TCCTAAGACA
msa178297.2{104_JM9130013}	ATCTCTATTG	GAGAGATTAC	AACCTGGTCT	ATCCATTGGA	TCCTAAGACA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
1501					
msa178297.2{104_090}	AAGAAAGTTT	CTGCAACGAA	ACAAATCAAA	ACTCATGGTG	AGCCAACAAC
msa178297.2{104_18RS21}	AAGAAAGTTT	CTGCAACGAA	ACAAATCAAA	ACTCATGGTG	AGCCAACAAC
msa178297.2{104_2603}	AAGAAAGTTT	CTGCAACGAA	ACAAATCAAA	ACTCATGGTG	AGCCAACAAC
msa178297.2{104_CJB110}	AAGAAAGTTT	CTGCAACGAA	ACAAATCAAA	ACTCATGGTG	AGCCAACAAC
msa178297.2{104_COH1}	AAGAAAGTTT	CTGCAACGAA	ACAAATCAAA	ACTCATGGTG	AGCCAACAAC
msa178297.2{104_M732}	AAGAAAGTTT	CTGCAACGAA	ACAAATCAAA	ACTCATGGTG	AGCCAACAAC
msa178297.2{104_A909}	AAGAAAGTTT	CTGCAACGAA	ACAAATCAAA	ACTCATGGTG	AGCCAACAAC
msa178297.2{104_M781}	AAGAAAGTTT	CTGCAACGAA	ACAAATCAAA	ACTCATGGTG	AGCCAACAAC
msa178297.2{104_JM9130013}	AAGAAAGTTT	CTGCAACGAA	ACAAATCAAA	ACTCATGGTG	AGCCAACAAC
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
1551					
msa178297.2{104_090}	ATTATACTTT	AATGGAAATA	TAAGACCTAA	AGGTTATGAC	ATTTTACTG
msa178297.2{104_18RS21}	ATTATACTTT	AATGGAAATA	TAAGACCTAA	AGGTTATGAC	ATTTTACTG
msa178297.2{104_2603}	ATTATACTTT	AATGGAAATA	TAAGACCTAA	AGGTTATGAC	ATTTTACTG
msa178297.2{104_CJB110}	ATTATACTTT	AATGGAAATA	TAAGACCTAA	AGGTTATGAC	ATTTTACTG
msa178297.2{104_COH1}	ATTATACTTT	AATGGAAATA	TAAGACCTAA	AGGTTATGAC	ATTTTACTG
msa178297.2{104_M732}	ATTATACTTT	AATGGAAATA	TAAGACCTAA	AGGTTATGAC	ATTTTACTG
msa178297.2{104_A909}	ATTATACTTT	AATGGAAATA	TAAGACCTAA	AGGTTATGAC	ATTTTACTG
msa178297.2{104_M781}	ATTATACTTT	AATGGAAATA	TAAGACCTAA	AGGTTATGAC	ATTTTACTG
msa178297.2{104_JM9130013}	ATTATACTTT	AATGGAAATA	TAAGACCTAA	AGGTTATGAC	ATTTTACTG
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
1601					
msa178297.2{104_090}	TTGGGATTGG	TGTAAACGGA	GATCCTGGTG	CAACTCCTCT	TGAAGCTGAG
msa178297.2{104_18RS21}	TTGGGATTGG	TGTAAACGGA	GATCCTGGTG	CAACTCCTCT	TGAAGCTGAG
msa178297.2{104_2603}	TTGGGATTGG	TGTAAACGGA	GATCCTGGTG	CAACTCCTCT	TGAAGCTGAG
msa178297.2{104_CJB110}	TTGGGATTGG	TGTAAACGGA	GATCCTGGTG	CAACTCCTCT	TGAAGCTGAG
msa178297.2{104_COH1}	TTGGGATTGG	TGTAAACGGA	GATCCTGGTG	CAACTCCTCT	TGAAGCTGAG
msa178297.2{104_M732}	TTGGGATTGG	TGTAAACGGA	GATCCTGGTG	CAACTCCTCT	TGAAGCTGAG
msa178297.2{104_A909}	TTGGGATTGG	TGTAAACGGA	GATCCTGGTG	CAACTCCTCT	TGAAGCTGAG
msa178297.2{104_M781}	TTGGGATTGG	TGTAAACGGA	GATCCTGGTG	CAACTCCTCT	TGAAGCTGAG
msa178297.2{104_JM9130013}	TTGGGATTGG	TGTAAACGGA	GATCCTGGTG	CAACTCCTCT	TGAAGCTGAG
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
1651					
msa178297.2{104_090}	AAATTTATGC	AATCAATATC	AAGTAAACA	GAAAATTATA	CTAATGTTGA
msa178297.2{104_18RS21}	AAATTTATGC	AATCAATATC	AAGTAAACA	GAAAATTATA	CTAATGTTGA
msa178297.2{104_2603}	AAATTTATGC	AATCAATATC	AAGTAAACA	GAAAATTATA	CTAATGTTGA
msa178297.2{104_CJB110}	AAATTTATGC	AATCAATATC	AAGTAAACA	GAAAATTATA	CTAATGTTGA
msa178297.2{104_COH1}	AAATTTATGC	AATCAATATC	AAGTAAACA	GAAAATTATA	CTAATGTTGA
msa178297.2{104_M732}	AAATTTATGC	AATCAATATC	AAGTAAACA	GAAAATTATA	CTAATGTTGA
msa178297.2{104_A909}	AAATTTATGC	AATCAATATC	AAGTAAACA	GAAAATTATA	CTAATGTTGA
msa178297.2{104_M781}	AAATTTATGC	AATCAATATC	AAGTAAACA	GAAAATTATA	CTAATGTTGA
msa178297.2{104_JM9130013}	AAATTTATGC	AATCAATATC	AAGTAAACA	GAAAATTATA	CTAATGTTGA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
1701					
msa178297.2{104_090}	TGATACAAAT	AAAATTTATG	ATGAGCTAAA	TAAATACCTT	AAAACAATTG
msa178297.2{104_18RS21}	TGATACAAAT	AAAATTTATG	ATGAGCTAAA	TAAATACCTT	AAAACAATTG
msa178297.2{104_2603}	TGATACAAAT	AAAATTTATG	ATGAGCTAAA	TAAATACCTT	AAAACAATTG
msa178297.2{104_CJB110}	TGATACAAAT	AAAATTTATG	ATGAGCTAAA	TAAATACCTT	AAAACAATTG

Table 41: Comparative Sequences relating to SAG0649

msa178297.2{104_COH1}	TGATACAAAT	AAAAATTTATG	ATGAGCTAAA	TAAATACITTT	AAAACAATTG
msa178297.2{104_M732}	TGATACAAAT	AAAAATTTATG	ATGAGCTAAA	TAAATACITTT	AAAACAATTG
msa178297.2{104_A909}	TGATACAAAT	AAAAATTTATG	ATGAGCTAAA	TAAATACITTT	AAAACAATTG
msa178297.2{104_M781}	TGATACAAAT	AAAAATTTATG	ATGAGCTAAA	TAAATACITTT	AAAACAATTG
msa178297.2{104_JM9130013}	TGATACAAAT	AAAAATTTATG	ATGAGCTAAA	TAAATACITTT	AAAACAATTG
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa178297.2{104_090}	TTGAGGAAAA	ACATTCTATT	GTGATGGAA	ATGTGACTGA	TCCTATGGGA
msa178297.2{104_18RS21}	TTGAGGAAAA	ACATTCTATT	GTGATGGAA	ATGTGACTGA	TCCTATGGGA
msa178297.2{104_2603}	TTGAGGAAAA	ACATTCTATT	GTGATGGAA	ATGTGACTGA	TCCTATGGGA
msa178297.2{104_CJB110}	TTGAGGAAAA	ACATTCTATT	GTGATGGAA	ATGTGACTGA	TCCTATGGGA
msa178297.2{104_COH1}	TTGAGGAAAA	ACATTCTATT	GTGATGGAA	ATGTGACTGA	TCCTATGGGA
msa178297.2{104_M732}	TTGAGGAAAA	ACATTCTATT	GTGATGGAA	ATGTGACTGA	TCCTATGGGA
msa178297.2{104_A909}	TTGAGGAAAA	ACATTCTATT	GTGATGGAA	ATGTGACTGA	TCCTATGGGA
msa178297.2{104_M781}	TTGAGGAAAA	ACATTCTATT	GTGATGGAA	ATGTGACTGA	TCCTATGGGA
msa178297.2{104_JM9130013}	TTGAGGAAAA	ACATTCTATT	GTGATGGAA	ATGTGACTGA	TCCTATGGGA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa178297.2{104_090}	GAGATGATTG	AATTCCAATT	AAAAAATGGT	CAAAGTTTTA	CACATGATGA
msa178297.2{104_18RS21}	GAGATGATTG	AATTCCAATT	AAAAAATGGT	CAAAGTTTTA	CACATGATGA
msa178297.2{104_2603}	GAGATGATTG	AATTCCAATT	AAAAAATGGT	CAAAGTTTTA	CACATGATGA
msa178297.2{104_CJB110}	GAGATGATTG	AATTCCAATT	AAAAAATGGT	CAAAGTTTTA	CACATGATGA
msa178297.2{104_COH1}	GAGATGATTG	AATTCCAATT	AAAAAATGGT	CAAAGTTTTA	CACATGATGA
msa178297.2{104_M732}	GAGATGATTG	AATTCCAATT	AAAAAATGGT	CAAAGTTTTA	CACATGATGA
msa178297.2{104_A909}	GAGATGATTG	AATTCCAATT	AAAAAATGGT	CAAAGTTTTA	CACATGATGA
msa178297.2{104_M781}	GAGATGATTG	AATTCCAATT	AAAAAATGGT	CAAAGTTTTA	CACATGATGA
msa178297.2{104_JM9130013}	GAGATGATTG	AATTCCAATT	AAAAAATGGT	CAAAGTTTTA	CACATGATGA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa178297.2{104_090}	TTACGTTTTG	GTTGGAAATG	ATGGCAGTCA	ATTAAAAAAT	GGTGTGGCTC
msa178297.2{104_18RS21}	TTACGTTTTG	GTTGGAAATG	ATGGCAGTCA	ATTAAAAAAT	GGTGTGGCTC
msa178297.2{104_2603}	TTACGTTTTG	GTTGGAAATG	ATGGCAGTCA	ATTAAAAAAT	GGTGTGGCTC
msa178297.2{104_CJB110}	TTACGTTTTG	GTTGGAAATG	ATGGCAGTCA	ATTAAAAAAT	GGTGTGGCTC
msa178297.2{104_COH1}	TTACGTTTTG	GTTGGAAATG	ATGGCAGTCA	ATTAAAAAAT	GGTGTGGCTC
msa178297.2{104_M732}	TTACGTTTTG	GTTGGAAATG	ATGGCAGTCA	ATTAAAAAAT	GGTGTGGCTC
msa178297.2{104_A909}	TTACGTTTTG	GTTGGAAATG	ATGGCAGTCA	ATTAAAAAAT	GGTGTGGCTC
msa178297.2{104_M781}	TTACGTTTTG	GTTGGAAATG	ATGGCAGTCA	ATTAAAAAAT	GGTGTGGCTC
msa178297.2{104_JM9130013}	TTACGTTTTG	GTTGGAAATG	ATGGCAGTCA	ATTAAAAAAT	GGTGTGGCTC
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa178297.2{104_090}	TTGGTGGACC	AAACAGTGAT	GGGGGAATTT	TAAAAGATGT	TACAGTGACT
msa178297.2{104_18RS21}	TTGGTGGACC	AAACAGTGAT	GGGGGAATTT	TAAAAGATGT	TACAGTGACT
msa178297.2{104_2603}	TTGGTGGACC	AAACAGTGAT	GGGGGAATTT	TAAAAGATGT	TACAGTGACT
msa178297.2{104_CJB110}	TTGGTGGACC	AAACAGTGAT	GGGGGAATTT	TAAAAGATGT	TACAGTGACT
msa178297.2{104_COH1}	TTGGTGGACC	AAACAGTGAT	GGGGGAATTT	TAAAAGATGT	TACAGTGACT
msa178297.2{104_M732}	TTGGTGGACC	AAACAGTGAT	GGGGGAATTT	TAAAAGATGT	TACAGTGACT
msa178297.2{104_A909}	TTGGTGGACC	AAACAGTGAT	GGGGGAATTT	TAAAAGATGT	TACAGTGACT
msa178297.2{104_M781}	TTGGTGGACC	AAACAGTGAT	GGGGGAATTT	TAAAAGATGT	TACAGTGACT
msa178297.2{104_JM9130013}	TTGGTGGACC	AAACAGTGAT	GGGGGAATTT	TAAAAGATGT	TACAGTGACT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa178297.2{104_090}	TATGATAAGA	CATCTCAAAC	CATCAAAATC	AATCATTTGA	ACTTAGGAAG
msa178297.2{104_18RS21}	TATGATAAGA	CATCTCAAAC	CATCAAAATC	AATCATTTGA	ACTTAGGAAG
msa178297.2{104_2603}	TATGATAAGA	CATCTCAAAC	CATCAAAATC	AATCATTTGA	ACTTAGGAAG
msa178297.2{104_CJB110}	TATGATAAGA	CATCTCAAAC	CATCAAAATC	AATCATTTGA	ACTTAGGAAG
msa178297.2{104_COH1}	TATGATAAGA	CATCTCAAAC	CATCAAAATC	AATCATTTGA	ACTTAGGAAG
msa178297.2{104_M732}	TATGATAAGA	CATCTCAAAC	CATCAAAATC	AATCATTTGA	ACTTAGGAAG
msa178297.2{104_A909}	TATGATAAGA	CATCTCAAAC	CATCAAAATC	AATCATTTGA	ACTTAGGAAG
msa178297.2{104_M781}	TATGATAAGA	CATCTCAAAC	CATCAAAATC	AATCATTTGA	ACTTAGGAAG
msa178297.2{104_JM9130013}	TATGATAAGA	CATCTCAAAC	CATCAAAATC	AATCATTTGA	ACTTAGGAAG
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa178297.2{104_090}	TGGACAAAAA	GTAGTTCTTA	CCTATGATGT	ACGTTTAAAA	GATAACTATA
msa178297.2{104_18RS21}	TGGACAAAAA	GTAGTTCTTA	CCTATGATGT	ACGTTTAAAA	GATAACTATA
msa178297.2{104_2603}	TGGACAAAAA	GTAGTTCTTA	CCTATGATGT	ACGTTTAAAA	GATAACTATA
msa178297.2{104_CJB110}	TGGACAAAAA	GTAGTTCTTA	CCTATGATGT	ACGTTTAAAA	GATAACTATA
msa178297.2{104_COH1}	TGGACAAAAA	GTAGTTCTTA	CCTATGATGT	ACGTTTAAAA	GATAACTATA
msa178297.2{104_M732}	TGGACAAAAA	GTAGTTCTTA	CCTATGATGT	ACGTTTAAAA	GATAACTATA
msa178297.2{104_A909}	TGGACAAAAA	GTAGTTCTTA	CCTATGATGT	ACGTTTAAAA	GATAACTATA
msa178297.2{104_M781}	TGGACAAAAA	GTAGTTCTTA	CCTATGATGT	ACGTTTAAAA	GATAACTATA
msa178297.2{104_JM9130013}	TGGACAAAAA	GTAGTTCTTA	CCTATGATGT	ACGTTTAAAA	GATAACTATA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa178297.2{104_090}	TAAGTAACAA	ATTTTACAAT	ACAAATAATC	GTACAACGCT	AAGTCCGAAG
msa178297.2{104_18RS21}	TAAGTAACAA	ATTTTACAAT	ACAAATAATC	GTACAACGCT	AAGTCCGAAG
msa178297.2{104_2603}	TAAGTAACAA	ATTTTACAAT	ACAAATAATC	GTACAACGCT	AAGTCCGAAG

Table 41: Comparative Sequences relating to SAG0649

msa178297.2{104_CJB110}	TAAGTAACAA	ATTTTACAAT	ACAAATAATC	GTACAACGCT	AAGTCCGAAG
msa178297.2{104_COH1}	TAAGTAACAA	ATTTTACAAT	ACAAATAATC	GTACAACGCT	AAGTCCGAAG
msa178297.2{104_M732}	TAAGTAACAA	ATTTTACAAT	ACAAATAATC	GTACAACGCT	AAGTCCGAAG
msa178297.2{104_A909}	TAAGTAACAA	ATTTTACAAT	ACAAATAATC	GTACAACGCT	AAGTCCGAAG
msa178297.2{104_M781}	TAAGTAACAA	ATTTTACAAT	ACAAATAATC	GTACAACGCT	AAGTCCGAAG
msa178297.2{104_JM9130013}	TAAGTAACAA	ATTTTACAAT	ACAAATAATC	GTACAACGCT	AAGTCCGAAG
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa178297.2{104_090}	AGTGAAAAAG	AACCAAATAC	TATTCGTGAT	TTCCCAATTC	CCAAAATTCG
msa178297.2{104_18RS21}	AGTGAAAAAG	AACCAAATAC	TATTCGTGAT	TTCCCAATTC	CCAAAATTCG
msa178297.2{104_2603}	AGTGAAAAAG	AACCAAATAC	TATTCGTGAT	TTCCCAATTC	CCAAAATTCG
msa178297.2{104_CJB110}	AGTGAAAAAG	AACCAAATAC	TATTCGTGAT	TTCCCAATTC	CCAAAATTCG
msa178297.2{104_COH1}	AGTGAAAAAG	AACCAAATAC	TATTCGTGAT	TTCCCAATTC	CCAAAATTCG
msa178297.2{104_M732}	AGTGAAAAAG	AACCAAATAC	TATTCGTGAT	TTCCCAATTC	CCAAAATTCG
msa178297.2{104_A909}	AGTGAAAAAG	AACCAAATAC	TATTCGTGAT	TTCCCAATTC	CCAAAATTCG
msa178297.2{104_M781}	AGTGAAAAAG	AACCAAATAC	TATTCGTGAT	TTCCCAATTC	CCAAAATTCG
msa178297.2{104_JM9130013}	AGTGAAAAAG	AACCAAATAC	TATTCGTGAT	TTCCCAATTC	CCAAAATTCG
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa178297.2{104_090}	TGATGTTTCT	GAGTTTCCGG	TACTAACCAT	CAGTAATCag	AAGAAAATGG
msa178297.2{104_18RS21}	TGATGTTTCT	GAGTTTCCGG	TACTAACCAT	CAGTAATCag	AAGAAAATGG
msa178297.2{104_2603}	TGATGTTTCT	GAGTTTCCGG	TACTAACCAT	CAGTAATCag	AAGAAAATGG
msa178297.2{104_CJB110}	TGATGTTTCT	GAGTTTCCGG	TACTAACCAT	CAGTAATCag	AAGAAAATGG
msa178297.2{104_COH1}	TGATGTTTCT	GAGTTTCCGG	TACTAACCAT	CAGTAATCag	AAGAAAATGG
msa178297.2{104_M732}	TGATGTTTCT	GAGTTTCCGG	TACTAACCAT	CAGTAATCag	AAGAAAATGG
msa178297.2{104_A909}	TGATGTTTCT	GAGTTTCCGG	TACTAACCAT	CAGTAATCag	AAGAAAATGG
msa178297.2{104_M781}	TGATGTTTCT	GAGTTTCCGG	TACTAACCAT	CAGTAATCag	AAGAAAATGG
msa178297.2{104_JM9130013}	TGATGTTTCT	GAGTTTCCGG	TACTAACCAT	CAGTAATCag	AAGAAAATGG
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa178297.2{104_090}	GTGAGGTTGA	ATTTATTAAA	GTTAATAAAG	ACAAACATTC	AGAATCGCTT
msa178297.2{104_18RS21}	GTGAGGTTGA	ATTTATTAAA	GTTAATAAAG	ACAAACATTC	AGAATCGCTT
msa178297.2{104_2603}	GTGAGGTTGA	ATTTATTAAA	GTTAATAAAG	ACAAACATTC	AGAATCGCTT
msa178297.2{104_CJB110}	GTGAGGTTGA	ATTTATTAAA	GTTAATAAAG	ACAAACATTC	AGAATCGCTT
msa178297.2{104_COH1}	GTGAGGTTGA	ATTTATTAAA	GTTAATAAAG	ACAAACATTC	AGAATCGCTT
msa178297.2{104_M732}	GTGAGGTTGA	ATTTATTAAA	GTTAATAAAG	ACAAACATTC	AGAATCGCTT
msa178297.2{104_A909}	GTGAGGTTGA	ATTTATTAAA	GTTAATAAAG	ACAAACATTC	AGAATCGCTT
msa178297.2{104_M781}	GTGAGGTTGA	ATTTATTAAA	GTTAATAAAG	ACAAACATTC	AGAATCGCTT
msa178297.2{104_JM9130013}	GTGAGGTTGA	ATTTATTAAA	GTTAATAAAG	ACAAACATTC	AGAATCGCTT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa178297.2{104_090}	TTGGGAGCTA	AGTTTCAACT	TCAGATAGAA	AAAGATTTTT	CTGGGTATAA
msa178297.2{104_18RS21}	TTGGGAGCTA	AGTTTCAACT	TCAGATAGAA	AAAGATTTTT	CTGGGTATAA
msa178297.2{104_2603}	TTGGGAGCTA	AGTTTCAACT	TCAGATAGAA	AAAGATTTTT	CTGGGTATAA
msa178297.2{104_CJB110}	TTGGGAGCTA	AGTTTCAACT	TCAGATAGAA	AAAGATTTTT	CTGGGTATAA
msa178297.2{104_COH1}	TTGGGAGCTA	AGTTTCAACT	TCAGATAGAA	AAAGATTTTT	CTGGGTATAA
msa178297.2{104_M732}	TTGGGAGCTA	AGTTTCAACT	TCAGATAGAA	AAAGATTTTT	CTGGGTATAA
msa178297.2{104_A909}	TTGGGAGCTA	AGTTTCAACT	TCAGATAGAA	AAAGATTTTT	CTGGGTATAA
msa178297.2{104_M781}	TTGGGAGCTA	AGTTTCAACT	TCAGATAGAA	AAAGATTTTT	CTGGGTATAA
msa178297.2{104_JM9130013}	TTGGGAGCTA	AGTTTCAACT	TCAGATAGAA	AAAGATTTTT	CTGGGTATAA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa178297.2{104_090}	GCAATTTGTT	CCAGAGGGAA	GTGATGTTAC	AACAAAGAAT	GATGGTAAAA
msa178297.2{104_18RS21}	GCAATTTGTT	CCAGAGGGAA	GTGATGTTAC	AACAAAGAAT	GATGGTAAAA
msa178297.2{104_2603}	GCAATTTGTT	CCAGAGGGAA	GTGATGTTAC	AACAAAGAAT	GATGGTAAAA
msa178297.2{104_CJB110}	GCAATTTGTT	CCAGAGGGAA	GTGATGTTAC	AACAAAGAAT	GATGGTAAAA
msa178297.2{104_COH1}	GCAATTTGTT	CCAGAGGGAA	GTGATGTTAC	AACAAAGAAT	GATGGTAAAA
msa178297.2{104_M732}	GCAATTTGTT	CCAGAGGGAA	GTGATGTTAC	AACAAAGAAT	GATGGTAAAA
msa178297.2{104_A909}	GCAATTTGTT	CCAGAGGGAA	GTGATGTTAC	AACAAAGAAT	GATGGTAAAA
msa178297.2{104_M781}	GCAATTTGTT	CCAGAGGGAA	GTGATGTTAC	AACAAAGAAT	GATGGTAAAA
msa178297.2{104_JM9130013}	GCAATTTGTT	CCAGAGGGAA	GTGATGTTAC	AACAAAGAAT	GATGGTAAAA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa178297.2{104_090}	TTTATTTTAA	AGCACTTCAA	GATGGTAACT	ATAAATTATA	TGAAATTTCA
msa178297.2{104_18RS21}	TTTATTTTAA	AGCACTTCAA	GATGGTAACT	ATAAATTATA	TGAAATTTCA
msa178297.2{104_2603}	TTTATTTTAA	AGCACTTCAA	GATGGTAACT	ATAAATTATA	TGAAATTTCA
msa178297.2{104_CJB110}	TTTATTTTAA	AGCACTTCAA	GATGGTAACT	ATAAATTATA	TGAAATTTCA
msa178297.2{104_COH1}	TTTATTTTAA	AGCACTTCAA	GATGGTAACT	ATAAATTATA	TGAAATTTCA
msa178297.2{104_M732}	TTTATTTTAA	AGCACTTCAA	GATGGTAACT	ATAAATTATA	TGAAATTTCA
msa178297.2{104_A909}	TTTATTTTAA	AGCACTTCAA	GATGGTAACT	ATAAATTATA	TGAAATTTCA
msa178297.2{104_M781}	TTTATTTTAA	AGCACTTCAA	GATGGTAACT	ATAAATTATA	TGAAATTTCA
msa178297.2{104_JM9130013}	TTTATTTTAA	AGCACTTCAA	GATGGTAACT	ATAAATTATA	TGAAATTTCA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa178297.2{104_090}	AGTCCAGATG	GCTATATAGA	GGTTAAAACG	AAACCTGTGT	TGACATTTAC
msa178297.2{104_18RS21}	AGTCCAGATG	GCTATATAGA	GGTTAAAACG	AAACCTGTGT	TGACATTTAC

Table 41: Comparative Sequences relating to SAG0649

msa178297.2{104_2603}	AGTCCAGATG	GCTATATAGA	GGTTAAAACG	AAACCTGTTG	TGACATTAC
msa178297.2{104_CJB110}	AGTCCAGATG	GCTATATAGA	GGTTAAAACG	AAACCTGTTG	TGACATTAC
msa178297.2{104_COH1}	AGTCCAGATG	GCTATATAGA	GGTTAAAACG	AAACCTGTTG	TGACATTAC
msa178297.2{104_M732}	AGTCCAGATG	GCTATATAGA	GGTTAAAACG	AAACCTGTTG	TGACATTAC
msa178297.2{104_A909}	AGTCCAGATG	GCTATATAGA	GGTTAAAACG	AAACCTGTTG	TGACATTAC
msa178297.2{104_M781}	AGTCCAGATG	GCTATATAGA	GGTTAAAACG	AAACCTGTTG	TGACATTAC
msa178297.2{104_JM9130013}	AGTCCAGATG	GCTATATAGA	GGTTAAAACG	AAACCTGTTG	TGACATTAC
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
2451					
msa178297.2{104_090}	AATTCAAAAT	GGAGAAGTTA	CGAACCTGAA	AGCAGATCCA	AATGCTAATA
msa178297.2{104_18RS21}	AATTCAAAAT	GGAGAAGTTA	CGAACCTGAA	AGCAGATCCA	AATGCTAATA
msa178297.2{104_2603}	AATTCAAAAT	GGAGAAGTTA	CGAACCTGAA	AGCAGATCCA	AATGCTAATA
msa178297.2{104_CJB110}	AATTCAAAAT	GGAGAAGTTA	CGAACCTGAA	AGCAGATCCA	AATGCTAATA
msa178297.2{104_COH1}	AATTCAAAAT	GGAGAAGTTA	CGAACCTGAA	AGCAGATCCA	AATGCTAATA
msa178297.2{104_M732}	AATTCAAAAT	GGAGAAGTTA	CGAACCTGAA	AGCAGATCCA	AATGCTAATA
msa178297.2{104_A909}	AATTCAAAAT	GGAGAAGTTA	CGAACCTGAA	AGCAGATCCA	AATGCTAATA
msa178297.2{104_M781}	AATTCAAAAT	GGAGAAGTTA	CGAACCTGAA	AGCAGATCCA	AATGCTAATA
msa178297.2{104_JM9130013}	AATTCAAAAT	GGAGAAGTTA	CGAACCTGAA	AGCAGATCCA	AATGCTAATA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
2501					
msa178297.2{104_090}	AAAATCAAAT	CGGGTATCTT	GAAGgaatg	gtaaacatct	tattaccaac
msa178297.2{104_18RS21}	AAAATCAAAT	CGGGTATCTT	GAAGgaatg	gtaaacatct	tattaccaac
msa178297.2{104_2603}	AAAATCAAAT	CGGGTATCTT	GAAGgaatg	gtaaacatct	tattaccaac
msa178297.2{104_CJB110}	AAAATCAAAT	CGGGTATCTT	GAAGgaatg	gtaaacatct	tattaccaac
msa178297.2{104_COH1}	AAAATCAAAT	CGGGTATCTT	GAAGgaatg	gtaaacatct	tattaccaac
msa178297.2{104_M732}	AAAATCAAAT	CGGGTATCTT	GAAGgaatg	gtaaacatct	tattaccaac
msa178297.2{104_A909}	AAAATCAAAT	CGGGTATCTT	GAAGgaatg	gtaaacatct	tattaccaac
msa178297.2{104_M781}	AAAATCAAAT	CGGGTATCTT	GAAGgaatg	gtaaacatct	tattaccaac
msa178297.2{104_JM9130013}	AAAATCAAAT	CGGGTATCTT	GAAGgaatg	gtaaacatct	tattaccaac
Consensus	*****	*****	***-----	-----	-----
2551					
msa178297.2{104_090}	actcccaaac	gcccaccagg	tggt-----	-----	-----
msa178297.2{104_18RS21}	actcccaaac	gcccaccagg	tggt-----	-----	-----
msa178297.2{104_2603}	actcccaaac	gcccaccagg	tggttttctt	aaaacagggg	gaattggtac
msa178297.2{104_CJB110}	actcccaaac	gcccaccagg	tggt-----	-----	-----
msa178297.2{104_COH1}	actcccaaac	gcccaccagg	tggt-----	-----	-----
msa178297.2{104_M732}	actcccaaac	gcccaccagg	tggt-----	-----	-----
msa178297.2{104_A909}	actcccaaac	gcccaccagg	tggt-----	-----	-----
msa178297.2{104_M781}	actcccaaac	gcccaccagg	tggt-----	-----	-----
msa178297.2{104_JM9130013}	actcccaaac	gcccaccagg	tggt-----	-----	-----
Consensus	-----	-----	-----	*****	*****
2601					
msa178297.2{104_090}	-----	-----	-----	-----	-----
msa178297.2{104_18RS21}	-----	-----	-----	-----	-----
msa178297.2{104_2603}	aattgtctat	atattagttg	gttctacttt	tatgatactt	accatttggt
msa178297.2{104_CJB110}	-----	-----	-----	-----	-----
msa178297.2{104_COH1}	-----	-----	-----	-----	-----
msa178297.2{104_M732}	-----	-----	-----	-----	-----
msa178297.2{104_A909}	-----	-----	-----	-----	-----
msa178297.2{104_M781}	-----	-----	-----	-----	-----
msa178297.2{104_JM9130013}	-----	-----	-----	-----	-----
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
2651					
msa178297.2{104_090}	-----	-----	-----	-----	-----
msa178297.2{104_18RS21}	-----	-----	-----	-----	-----
msa178297.2{104_2603}	ctttccgctcg	taaacaattg	-----	-----	-----
msa178297.2{104_CJB110}	-----	-----	-----	-----	-----
msa178297.2{104_COH1}	-----	-----	-----	-----	-----
msa178297.2{104_M732}	-----	-----	-----	-----	-----
msa178297.2{104_A909}	-----	-----	-----	-----	-----
msa178297.2{104_M781}	-----	-----	-----	-----	-----
msa178297.2{104_JM9130013}	-----	-----	-----	-----	-----
Consensus	*****	*****	-----	-----	-----

Table 41: Comparative Sequences relating to SAG0649

SEQ ID NO. 4110: SAG0649 FROM 2603 V/R GBS TYPE V STRAIN  
 MKKRQKIWRGLSVTLILSLQIPFGILVQGETQDTNQLGKVIKKTGDNATPLGKATFVL  
 KNDNDKSETSHETVEGSGEATFENIKPGDYTLREETAPIGYKKTDKTWKVKVADNGATIIEGMDADKAEKRKEVLNAQYPKSAIYEDT  
 EGMDADKAEKRKEVLNAQYPKSAIYEDTKENYPLVNVGSKVGEQYKALNPINGKDGRRREIAEGWLSKKITGVNDLKNKYKIELTVE  
 IAEGLWSKKITGVNDLKNKYKIELTVEGKTTVETKELNQPLDVVLLDNSNSMNERAN  
 NSQRALKAGEAVEKLIDKITSNKDNRAVLTASTIFDGTATVSKGVADQNGKALNDSV  
 SWDYHKTFTTATTNNYSYLNLTNDANEVNLKSRIPKEAEHINGDRTLYQFGATFTQKAL  
 MKANEILETQSSNARKKLI FHVTDGVPTMSYAINFNPIYSTSYQNQFNSFLNKIPDRSGI  
 LQEDFIINGDDYQIVKGDGSEFSLFSDRKVPVTGGTTQAAAYRVPQNQLSVMSNEGYAINS  
 GYIYLWRDYNWVYFPDPKTKKVSATKQIKTHGEPTTLYFNGNIRPKGYDIFTVGIGVNG  
 DPGATPLEAEKFMQSISSKTENYTNVDDTNKIYDELNKYFKTIVEEKHSIVDGNVTPMG  
 EMIEFQKNGQSFTHDDYVLVGNDSGQLKNGVALGGPNSDGGILKDVTVTYDKTSQTIKI  
 NHLNLGSGQKVVLTVDVRLKDNYSNKFPYNTNNRTTILSPKSEKEPNTIRDFPIPKIRDVR  
 EFPVLTISNQKKMGEVEFIVKVKDKHSESLGAKFQLQIEKDFSGYKQFVPEGSDVTTKNDGKIYFKALQDGNKYLYEISSPDGYIEV  
 DGKIYFKALQDGNKYLYEISSPDGYIEVKTKEPVVTTIQNGEVNTLKPANANKQIGYLEGNGKHLITNTPKRPPGV

SEQ ID NO. 4111: SAG0649 FROM 090 GBS TYPE Ia STRAIN  
 GETQDTNQLGKVIKKTGDNATPLGKATFVLKNDNDKSETSHETVEGSGEATFENIKPG  
 DYTTLREETAPIGYKKTDKTWKVKVADNGATIIEGMDADKAEKRKEVLNAQYPKSAIYEDT  
 KENYPLVNVGSKVGEQYKALNPINGKDGRRREIAEGWLSKKITGVNDLKNKYKIELTVE  
 GKTIVETKELNQPLDVVLLDNSNSMNERANNSQRALKAGEAVEKLIDKITSNKDNRA  
 LVTYASTIFDGTATVSKGVADQNGKALNDSVSWDYHKTFTTATTNNYSYLNLTNDANEV  
 NLKSRIPKEAEHINGDRTLYQFGATFTQKALMKANEILETQSSNARKKLI FHVTDGVPT  
 MSYAINFNPIYSTSYQNQFNSFLNKIPDRSGILQEDFIINGDDYQIVKGDGSEFSLFSDR  
 KVPVTGGTTQAAAYRVPQNQLSVMSNEGYAINS GYIYLWRDYNWVYFPDPKTKKVSATKQ  
 IKTHGEPTTLYFNGNIRPKGYDIFTVGIGVNGDPGATPLEAEKFMQSISSKTENYTNVDD  
 TNKIYDELNKYFKTIVEEKHSIVDGNVTPMGEMIEFQKNGQSFTHDDYVLVGNDSGQL  
 KNGVALGGPNSDGGILKDVTVTYDKTSQTIKINHLNLGSGQKVVLTVDVRLKDNYSNKFP  
 YNTNNRTTILSPKSEKEPNTIRDFPIPKIRDVREFPVLTISNQKKMGEVEFIVKVKDKHSE  
 SLLGAKFQLQIEKDFSGYKQFVPEGSDVTTKNDGKIYFKALQDGNKYLYEISSPDGYIEV  
 KTKPVVTTIQNGEVNTLKPANANKQIGYLEGNGKHLITNTPKRPPGV

SEQ ID NO. 4112: SAG0649 FROM A909 GBS TYPE Ia STRAIN  
 GETQDTNQLGKVIKKTGDNATPLGKATFVLKNDNDKSETSHETVEGSGEATFENIKPG  
 DYTTLREETAPIGYKKTDKTWKVKVADNGATIIEGMDADKAEKRKEVLNAQYPKSAIYEDT  
 KENYPLVNVGSKVGEQYKALNPINGKDGRRREIAEGWLSKKITGVNDLKNKYKIELTVE  
 GKTIVETKELNQPLDVVLLDNSNSMNERANNSQRALKAGEAVEKLIDKITSNKDNRA  
 LVTYASTIFDGTATVSKGVADQNGKALNDSVSWDYHKTFTTATTNNYSYLNLTNDANEV  
 NLKSRIPKEAEHINGDRTLYQFGATFTQKALMKANEILETQSSNARKKLI FHVTDGVPT  
 MSYAINFNPIYSTSYQNQFNSFLNKIPDRSGILQEDFIINGDDYQIVKGDGSEFSLFSDR  
 KVPVTGGTTQAAAYRVPQNQLSVMSNEGYAINS GYIYLWRDYNWVYFPDPKTKKVSATKQ  
 IKTHGEPTTLYFNGNIRPKGYDIFTVGIGVNGDPGATPLEAEKFMQSISSKTENYTNVDD  
 TNKIYDELNKYFKTIVEEKHSIVDGNVTPMGEMIEFQKNGQSFTHDDYVLVGNDSGQL  
 KNGVALGGPNSDGGILKDVTVTYDKTSQTIKINHLNLGSGQKVVLTVDVRLKDNYSNKFP  
 YNTNNRTTILSPKSEKEPNTIRDFPIPKIRDVREFPVLTISNQKKMGEVEFIVKVKDKHSE  
 SLLGAKFQLQIEKDFSGYKQFVPEGSDVTTKNDGKIYFKALQDGNKYLYEISSPDGYIEV  
 KTKPVVTTIQNGEVNTLKPANANKQIGYLEGNGKHLITNTPKRPPGV

SEQ ID NO. 4113: SAG0649 FROM 18RS21 GBS TYPE II STRAIN  
 GETQDTNQLGKVIKKTGDNATPLGKATFVLKNDNDKSETSHETVEGSGEATFENIKPG  
 DYTTLREETAPIGYKKTDKTWKVKVADNGATIIEGMDADKAEKRKEVLNAQYPKSAIYEDT  
 KENYPLVNVGSKVGEQYKALNPINGKDGRRREIAEGWLSKKITGVNDLKNKYKIELTVE  
 GKTIVETKELNQPLDVVLLDNSNSMNERANNSQRALKAGEAVEKLIDKITSNKDNRA  
 LVTYASTIFDGTATVSKGVADQNGKALNDSVSWDYHKTFTTATTNNYSYLNLTNDANEV  
 NLKSRIPKEAEHINGDRTLYQFGATFTQKALMKANEILETQSSNARKKLI FHVTDGVPT  
 MSYAINFNPIYSTSYQNQFNSFLNKIPDRSGILQEDFIINGDDYQIVKGDGSEFSLFSDR  
 KVPVTGGTTQAAAYRVPQNQLSVMSNEGYAINS GYIYLWRDYNWVYFPDPKTKKVSATKQ  
 IKTHGEPTTLYFNGNIRPKGYDIFTVGIGVNGDPGATPLEAEKFMQSISSKTENYTNVDD  
 TNKIYDELNKYFKTIVEEKHSIVDGNVTPMGEMIEFQKNGQSFTHDDYVLVGNDSGQL  
 KNGVALGGPNSDGGILKDVTVTYDKTSQTIKINHLNLGSGQKVVLTVDVRLKDNYSNKFP  
 YNTNNRTTILSPKSEKEPNTIRDFPIPKIRDVREFPVLTISNQKKMGEVEFIVKVKDKHSE  
 SLLGAKFQLQIEKDFSGYKQFVPEGSDVTTKNDGKIYFKALQDGNKYLYEISSPDGYIEV  
 KTKPVVTTIQNGEVNTLKPANANKQIGYLEGNGKHLITNTPKRPPGV

SEQ ID NO. 4114: SAG0649 FROM M732 GBS TYPE III STRAIN  
 GETQDTNQLGKVIKKTGDNATPLGKATFVLKNDNDKSETSHETVEGSGEATFENIKPG  
 DYTTLREETAPIGYKKTDKTWKVKVADNGATIIEGMDADKAEKRKEVLNAQYPKSAIYEDT  
 KENYPLVNVGSKVGEQYKALNPINGKDGRRREIAEGWLSKKITGVNDLKNKYKIELTVE  
 GKTIVETKELNQPLDVVLLDNSNSMNERANNSQRALKAGEAVEKLIDKITSNKDNRA  
 LVTYASTIFDGTATVSKGVADQNGKALNDSVSWDYHKTFTTATTNNYSYLNLTNDANEV  
 NLKSRIPKEAEHINGDRTLYQFGATFTQKALMKANEILETQSSNARKKLI FHVTDGVPT  
 MSYAINFNPIYSTSYQNQFNSFLNKIPDRSGILQEDFIINGDDYQIVKGDGSEFSLFSDR  
 KVPVTGGTTQAAAYRVPQNQLSVMSNEGYAINS GYIYLWRDYNWVYFPDPKTKKVSATKQ  
 IKTHGEPTTLYFNGNIRPKGYDIFTVGIGVNGDPGATPLEAEKFMQSISSKTENYTNVDD  
 TNKIYDELNKYFKTIVEEKHSIVDGNVTPMGEMIEFQKNGQSFTHDDYVLVGNDSGQL  
 KNGVALGGPNSDGGILKDVTVTYDKTSQTIKINHLNLGSGQKVVLTVDVRLKDNYSNKFP  
 YNTNNRTTILSPKSEKEPNTIRDFPIPKIRDVREFPVLTISNQKKMGEVEFIVKVKDKHSE  
 SLLGAKFQLQIEKDFSGYKQFVPEGSDVTTKNDGKIYFKALQDGNKYLYEISSPDGYIEV  
 KTKPVVTTIQNGEVNTLKPANANKQIGYLEGNGKHLITNTPKRPPGV

SEQ ID NO. 4115: SAG0649 FROM COH1 GBS TYPE III STRAIN  
 GETQDTNQLGKVIKKTGDNATPLGKATFVLKNDNDKSETSHETVEGSGEATFENIKPG



Table 41: Comparative Sequences relating to SAG0649

DYTLREBETAPIGYKKTDKTWKVKVADNGATIIEGMDADKAEKRKEVLNAQYPKSAIYEDT  
 KENYPLVNVVEGSKVGEQYKALNPINGKDGRRREIAEGWLSKKTITGVNDLDKNKYKIELTVE  
 GKTTVETKELNQPLDVVLLDNSNSMNERANNSQRALKAGEAVEKLIDKITSNKDNRA  
 LVITYASTIFDGTATVSKGVADQNGKALNDSVSWDYHKTFTTATTHNYSYLNLTNDANEV  
 NILKSRIPEAEHINGDRITLYQFGATFTQKALMKANEILETQSSNARKKLI FHVTDGVPT  
 MSYAINFNPISTSYQNQFNSFLNKIPDRSGILQEDFIINGDDYQIVKGDGESFKLFSDR  
 KVPVTGGTTQAAAYRVPQNLQSVMSNEGAI NSGYIYLYWRDYNWVYFPDPKTKKVSATKQ  
 IKTGHEPTTLYFNGNI RPKGYDIFTVGIGVNGDPGATPLEAEKFMQSISSKTENYTNVDD  
 TNKIYDELNKYFKTIIVEEKHSIVDGNVTDPMGEMIEFQKNGQSFTHDDYVLVNGDGSQ  
 KNGVALGGPNSDGGILKDVTVTYDKTSQTIKINHNLGSGQKVLTVDVRLKONYISNKF  
 YNTNNRTTLPKSEKEPNTIRDFPIPKIRDVREFPVLTISNQKMGGEVEFIKVNKDKHSE  
 SLLGAKFQLQIEKDFSGYKQFVPEGSVDVTTKNDGKIYFKALQDGNKYLYEISSPDGYIEV  
 KTKPVVFTTIQNGEVTNLKADPNANKNQIGYLEGNGKHLITNTPKRPPGV

SEQ ID NO. 4115: SAG0649 FROM M781 GBS TYPE III STRAIN  
 GKVI VVKITGDATPLGKATFVLKNDNDKSETSHETVEGSGKATFENIKPGDYTLREBETAP  
 IGYKKTDKTWKVKVADNGAXIIIEGMDADKAEKRKEVLNAQYPKSAIYEDTKENYPLVNVB  
 GSKVGEQYKALNPINGKDGRRREIAEGWLSKKTITGVNDLDKNKYKIELTVEGKTTVETKEL  
 NQPLDVVLLDNSNSMNERANNSQRALKAGEAVEKLIDKITSNKDNRAVLTASTIFD  
 GTEATVSKGVADQNGKALNDSVSWDYHKTFTTATTHNYSYLNLTNDANEVNI LKSRIPE  
 AEHINGDRITLYQFGATFTQKALMKANEILETQSSNARKKLI FHVTDGVPTMSYAINFNPI  
 ISTSYQNQFNSFLNKIPDRSGILQEDFIINGDDYQIVKGDGESFKLFSDRKVPVTGGTTQ  
 AAYRVPQNLQSVMSNEGAI NSGYIYLYWRDYNWVYFPDPKTKKVSATKQIKTHGHEPTT  
 LYFNGNI RPKGYDIFTVGIGVNGDPGATPLEAEKFMQSISSKTENYTNVDDTNKIYDELNK  
 YFKTIIVEEKHSIVDGNVTDPMGEMIEFQKNGQSFTHDDYVLVNGDGSQKNGVALGGPN  
 SDGGILKDVTVTYDKTSQTIKINHNLGSGQKVLTVDVRLKONYISNKFYNTNNRTTLP  
 KSEKEPNTIRDFPIPKIRDVREFPVLTISNQKMGGEVEFIKVNKDKHSESLGAKFQLQ  
 IEKDFSGYKQFVPEGSVDVTTKNDGKIYFKALQDGNKYLYEISSPDGYIEVKT KPVVFTTI  
 QNGEVTNLKADPNANKNQIGYLEGNGKHLITNTPKRPPGV

SEQ ID NO. 4117: SAG0649 FROM CJB110 GBS NONTYPEABLE STRAIN  
 GETQDTNQALGKVI VVKITGDNATPLGKATFVLKNDNDKSETSHETVEGSGXATFENIKPG  
 DYTLREBETAPIGYKKTDKTWKVKVADNGATIIEGMDADKAEKRKEVLNAQYPKSAIYEDT  
 KENYPLVNVVEGSKVGEQYKALNPINGKDGRRREIAEGWLSKKTITGVNDLDKNKYKIELTVE  
 GKTTVETKELNQPLDVVLLDNSNSMNERANNSQRALKAGEAVEKLIDKITSNKDNRA  
 LVITYASTIFDGTATVSKGVADQNGKALNDSVSWDYHKTFTTATTHNYSYLNLTNDANEV  
 NILKSRIPEAEHINGDRITLYQFGATFTQKALMKANEILETQSSNARKKLI FHVTDGVPT  
 MSYAINFNPISTSYQNQFNSFLNKIPDRSGILQEDFIINGDDYQIVKGDGESFKLFSDR  
 KVPVTGGTTQAAAYRVPQNLQSVMSNEGAI NSGYIYLYWRDYNWVYFPDPKTKKVSATKQ  
 IKTGHEPTTLYFNGNI RPKGYDIFTVGIGVNGDPGATPLEAEKFMQSISSKTENYTNVDD  
 TNKIYDELNKYFKTIIVEEKHSIVDGNVTDPMGEMIEFQKNGQSFTHDDYVLVNGDGSQ  
 KNGVALGGPNSDGGILKDVTVTYDKTSQTIKINHNLGSGQKVLTVDVRLKONYISNKF  
 YNTNNRTTLPKSEKEPNTIRDFPIPKIRDVREFPVLTISNQKMGGEVEFIKVNKDKHSE  
 SLLGAKFQLQIEKDFSGYKQFVPEGSVDVTTKNDGKIYFKALQDGNKYLYEISSPDGYIEV  
 KTKPVVFTTIQNGEVTNLKADPNANKNQIGYLEGNGKHLITNTPKRPPGV

SEQ ID NO. 4118: SAG0649 FROM JM9130013 GBS TYPE VIII STRAIN  
 GETQDTNQALGKVI VVKITGDNATPLGKATFVLKNDNDKSETSHETVEGSGEATFENIKPG  
 DYTLREBETAPIGYKKTDKTWKVKVADNGATIIEGMDADKAEKRKEVLNAQYPKSAIYEDT  
 KENYPLVNVVEGSKVGEQYKALNPINGKDGRRREIAEGWLSKKTITGVNDLDKNKYKIELTVE  
 GKTTVETKELNQPLDVVLLDNSNSMNERANNSQRALKAGEAVEKLIDKITSNKDNRA  
 LVITYASTIFDGTATVSKGVADQNGKALNDSVSWDYHKTFTTATTHNYSYLNLTNDANEV  
 NILKSRIPEAEHINGDRITLYQFGATFTQKALMKANEILETQSSNARKKLI FHVTDGVPT  
 MSYAINFNPISTSYQNQFNSFLNKIPDRSGILQEDFIINGDDYQIVKGDGESFKLFSDR  
 KVPVTGGTTQAAAYRVPQNLQSVMSNEGAI NSGYIYLYWRDYNWVYFPDPKTKKVSATKQ  
 IKTGHEPTTLYFNGNI RPKGYDIFTVGIGVNGDPGATPLEAEKFMQSISSKTENYTNVDD  
 TNKIYDELNKYFKTIIVEEKHSIVDGNVTDPMGEMIEFQKNGQSFTHDDYVLVNGDGSQ  
 KNGVALGGPNSDGGILKDVTVTYDKTSQTIKINHNLGSGQKVLTVDVRLKONYISNKF  
 YNTNNRTTLPKSEKEPNTIRDFPIPKIRDVREFPVLTISNQKMGGEVEFIKVNKDKHSE  
 SLLGAKFQLQIEKDFSGYKQFVPEGSVDVTTKNDGKIYFKALQDGNKYLYEISSPDGYIEV  
 KTKPVVFTTIQNGEVTNLKADPNANKNQIGYLE

Table 41: Comparative Sequences relating to SAG0649

PRETTY of: /biotmp/msa178371.2(\*) May 12, 2003 09:25 ..

	1			50
msa178371.2{104_CJB110}	-----	-----	-----ge	tqdtngalGK VIVKKTGDnA
msa178371.2{104_M781}	-----	-----	-----GK	VIVKKTGDnA
msa178371.2{104_COH1}	-----	-----	-----ge	tqdtngalGK VIVKKTGDnA
msa178371.2{104_M732}	-----	-----	-----ge	tqdtngalGK VIVKKTGDnA
msa178371.2{104_090}	-----	-----	-----ge	tqdtngalGK VIVKKTGDnA
msa178371.2{104_18RS21}	-----	-----	-----ge	tqdtngalGK VIVKKTGDnA
msa178371.2{104_2603}	-----	-----	-----ge	tqdtngalGK VIVKKTGDnA
msa178371.2{104_A909}	-----	-----	-----ge	tqdtngalGK VIVKKTGDnA
msa178371.2{104_JM9130013}	-----	-----	-----ge	tqdtngalGK VIVKKTGDnA
Consensus	*****	*****	*****	*****
	51			100
msa178371.2{104_CJB110}	TPLGKATFVL	KNDNDKSETS	HETVEGSGxA	TFENIKPGDY TLREETAPIG
msa178371.2{104_M781}	TPLGKATFVL	KNDNDKSETS	HETVEGSGxA	TFENIKPGDY TLREETAPIG
msa178371.2{104_COH1}	TPLGKATFVL	KNDNDKSETS	HETVEGSGxA	TFENIKPGDY TLREETAPIG
msa178371.2{104_M732}	TPLGKATFVL	KNDNDKSETS	HETVEGSGeA	TFENIKPGDY TLREETAPIG
msa178371.2{104_090}	TPLGKATFVL	KNDNDKSETS	HETVEGSGeA	TFENIKPGDY TLREETAPIG
msa178371.2{104_18RS21}	TPLGKATFVL	KNDNDKSETS	HETVEGSGeA	TFENIKPGDY TLREETAPIG
msa178371.2{104_2603}	TPLGKATFVL	KNDNDKSETS	HETVEGSGeA	TFENIKPGDY TLREETAPIG
msa178371.2{104_A909}	TPLGKATFVL	KNDNDKSETS	HETVEGSGeA	TFENIKPGDY TLREETAPIG
msa178371.2{104_JM9130013}	TPLGKATFVL	KNDNDKSETS	HETVEGSGeA	TFENIKPGDY TLREETAPIG
Consensus	*****	*****	*****	*****
	101			150
msa178371.2{104_CJB110}	YKKTDKTWKV	KVADNGATII	EGMDADKA EK	RKEVLNAQYP KSAIYEDTKE
msa178371.2{104_M781}	YKKTDKTWKV	KVADNGATII	EGMDADKA EK	RKEVLNAQYP KSAIYEDTKE
msa178371.2{104_COH1}	YKKTDKTWKV	KVADNGATII	EGMDADKA EK	RKEVLNAQYP KSAIYEDTKE
msa178371.2{104_M732}	YKKTDKTWKV	KVADNGATII	EGMDADKA EK	RKEVLNAQYP KSAIYEDTKE
msa178371.2{104_090}	YKKTDKTWKV	KVADNGATII	EGMDADKA EK	RKEVLNAQYP KSAIYEDTKE
msa178371.2{104_18RS21}	YKKTDKTWKV	KVADNGATII	EGMDADKA EK	RKEVLNAQYP KSAIYEDTKE
msa178371.2{104_2603}	YKKTDKTWKV	KVADNGATII	EGMDADKA EK	RKEVLNAQYP KSAIYEDTKE
msa178371.2{104_A909}	YKKTDKTWKV	KVADNGATII	EGMDADKA EK	RKEVLNAQYP KSAIYEDTKE
msa178371.2{104_JM9130013}	YKKTDKTWKV	KVADNGATII	EGMDADKA EK	RKEVLNAQYP KSAIYEDTKE
Consensus	*****	*****	*****	*****
	151			200
msa178371.2{104_CJB110}	NYPLVNVEGS	KVGEQYKALN	PINGKDGRR	IAEGWLSKKI TGVDLDKNK
msa178371.2{104_M781}	NYPLVNVEGS	KVGEQYKALN	PINGKDGRR	IAEGWLSKKI TGVDLDKNK
msa178371.2{104_COH1}	NYPLVNVEGS	KVGEQYKALN	PINGKDGRR	IAEGWLSKKI TGVDLDKNK
msa178371.2{104_M732}	NYPLVNVEGS	KVGEQYKALN	PINGKDGRR	IAEGWLSKKI TGVDLDKNK
msa178371.2{104_090}	NYPLVNVEGS	KVGEQYKALN	PINGKDGRR	IAEGWLSKKI TGVDLDKNK
msa178371.2{104_18RS21}	NYPLVNVEGS	KVGEQYKALN	PINGKDGRR	IAEGWLSKKI TGVDLDKNK
msa178371.2{104_2603}	NYPLVNVEGS	KVGEQYKALN	PINGKDGRR	IAEGWLSKKI TGVDLDKNK
msa178371.2{104_A909}	NYPLVNVEGS	KVGEQYKALN	PINGKDGRR	IAEGWLSKKI TGVDLDKNK
msa178371.2{104_JM9130013}	NYPLVNVEGS	KVGEQYKALN	PINGKDGRR	IAEGWLSKKI TGVDLDKNK
Consensus	*****	*****	*****	*****
	201			250
msa178371.2{104_CJB110}	YKIELTVEGK	TTVETKELNQ	PLDVVVLLDN	SNSMNNERAN NSQRALKAGE
msa178371.2{104_M781}	YKIELTVEGK	TTVETKELNQ	PLDVVVLLDN	SNSMNNERAN NSQRALKAGE
msa178371.2{104_COH1}	YKIELTVEGK	TTVETKELNQ	PLDVVVLLDN	SNSMNNERAN NSQRALKAGE
msa178371.2{104_M732}	YKIELTVEGK	TTVETKELNQ	PLDVVVLLDN	SNSMNNERAN NSQRALKAGE
msa178371.2{104_090}	YKIELTVEGK	TTVETKELNQ	PLDVVVLLDN	SNSMNNERAN NSQRALKAGE
msa178371.2{104_18RS21}	YKIELTVEGK	TTVETKELNQ	PLDVVVLLDN	SNSMNNERAN NSQRALKAGE
msa178371.2{104_2603}	YKIELTVEGK	TTVETKELNQ	PLDVVVLLDN	SNSMNNERAN NSQRALKAGE
msa178371.2{104_A909}	YKIELTVEGK	TTVETKELNQ	PLDVVVLLDN	SNSMNNERAN NSQRALKAGE
msa178371.2{104_JM9130013}	YKIELTVEGK	TTVETKELNQ	PLDVVVLLDN	SNSMNNERAN NSQRALKAGE
Consensus	*****	*****	*****	*****
	251			300
msa178371.2{104_CJB110}	AVEKLIDKIT	SNKDNRVAlV	TYASTIFDGT	EATVSKGVAD QNGKALNDSV
msa178371.2{104_M781}	AVEKLIDKIT	SNKDNRVAlV	TYASTIFDGT	EATVSKGVAD QNGKALNDSV
msa178371.2{104_COH1}	AVEKLIDKIT	SNKDNRVAlV	TYASTIFDGT	EATVSKGVAD QNGKALNDSV
msa178371.2{104_M732}	AVEKLIDKIT	SNKDNRVAlV	TYASTIFDGT	EATVSKGVAD QNGKALNDSV
msa178371.2{104_090}	AVEKLIDKIT	SNKDNRVAlV	TYASTIFDGT	EATVSKGVAD QNGKALNDSV
msa178371.2{104_18RS21}	AVEKLIDKIT	SNKDNRVAlV	TYASTIFDGT	EATVSKGVAD QNGKALNDSV
msa178371.2{104_2603}	AVEKLIDKIT	SNKDNRVAlV	TYASTIFDGT	EATVSKGVAD QNGKALNDSV
msa178371.2{104_A909}	AVEKLIDKIT	SNKDNRVAlV	TYASTIFDGT	EATVSKGVAD QNGKALNDSV
msa178371.2{104_JM9130013}	AVEKLIDKIT	SNKDNRVAlV	TYASTIFDGT	EATVSKGVAD QNGKALNDSV
Consensus	*****	*****	*****	*****
	301			350
msa178371.2{104_CJB110}	SWDYHKTTFT	ATTHNYSYLN	LTNDANEVNI	LKSRIPEKAE HINGDRTLYQ
msa178371.2{104_M781}	SWDYHKTTFT	ATTHNYSYLN	LTNDANEVNI	LKSRIPEKAE HINGDRTLYQ
msa178371.2{104_COH1}	SWDYHKTTFT	ATTHNYSYLN	LTNDANEVNI	LKSRIPEKAE HINGDRTLYQ
msa178371.2{104_M732}	SWDYHKTTFT	ATTHNYSYLN	LTNDANEVNI	LKSRIPEKAE HINGDRTLYQ
msa178371.2{104_090}	SWDYHKTTFT	ATTHNYSYLN	LTNDANEVNI	LKSRIPEKAE HINGDRTLYQ
msa178371.2{104_18RS21}	SWDYHKTTFT	ATTHNYSYLN	LTNDANEVNI	LKSRIPEKAE HINGDRTLYQ
msa178371.2{104_2603}	SWDYHKTTFT	ATTHNYSYLN	LTNDANEVNI	LKSRIPEKAE HINGDRTLYQ
msa178371.2{104_A909}	SWDYHKTTFT	ATTHNYSYLN	LTNDANEVNI	LKSRIPEKAE HINGDRTLYQ

Table 41: Comparative Sequences relating to SAG0649

msa178371.2{104_JM9130013}	SWDYHKTFT	ATTHNYSYLN	LTNDANEVNI	LKSRIPEAE	HINGDRTLYQ
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa178371.2{104_CJB110}	351				400
msa178371.2{104_M781}	FGATFTQKAL	MKANIEILETQ	SSNARKKLIF	HVTDGVPTMS	YAINFNPHYIS
msa178371.2{104_COH1}	FGATFTQKAL	MKANIEILETQ	SSNARKKLIF	HVTDGVPTMS	YAINFNPHYIS
msa178371.2{104_M732}	FGATFTQKAL	MKANIEILETQ	SSNARKKLIF	HVTDGVPTMS	YAINFNPHYIS
msa178371.2{104_090}	FGATFTQKAL	MKANIEILETQ	SSNARKKLIF	HVTDGVPTMS	YAINFNPHYIS
msa178371.2{104_18RS21}	FGATFTQKAL	MKANIEILETQ	SSNARKKLIF	HVTDGVPTMS	YAINFNPHYIS
msa178371.2{104_2603}	FGATFTQKAL	MKANIEILETQ	SSNARKKLIF	HVTDGVPTMS	YAINFNPHYIS
msa178371.2{104_A909}	FGATFTQKAL	MKANIEILETQ	SSNARKKLIF	HVTDGVPTMS	YAINFNPHYIS
msa178371.2{104_JM9130013}	FGATFTQKAL	MKANIEILETQ	SSNARKKLIF	HVTDGVPTMS	YAINFNPHYIS
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa178371.2{104_CJB110}	401				450
msa178371.2{104_M781}	TSYQNQFNSF	LNKIPDRSGI	LQEDFIINGD	DYQIVKGDGE	SFKLFSDRKV
msa178371.2{104_COH1}	TSYQNQFNSF	LNKIPDRSGI	LQEDFIINGD	DYQIVKGDGE	SFKLFSDRKV
msa178371.2{104_M732}	TSYQNQFNSF	LNKIPDRSGI	LQEDFIINGD	DYQIVKGDGE	SFKLFSDRKV
msa178371.2{104_090}	TSYQNQFNSF	LNKIPDRSGI	LQEDFIINGD	DYQIVKGDGE	SFKLFSDRKV
msa178371.2{104_18RS21}	TSYQNQFNSF	LNKIPDRSGI	LQEDFIINGD	DYQIVKGDGE	SFKLFSDRKV
msa178371.2{104_2603}	TSYQNQFNSF	LNKIPDRSGI	LQEDFIINGD	DYQIVKGDGE	SFKLFSDRKV
msa178371.2{104_A909}	TSYQNQFNSF	LNKIPDRSGI	LQEDFIINGD	DYQIVKGDGE	SFKLFSDRKV
msa178371.2{104_JM9130013}	TSYQNQFNSF	LNKIPDRSGI	LQEDFIINGD	DYQIVKGDGE	SFKLFSDRKV
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa178371.2{104_CJB110}	451				500
msa178371.2{104_M781}	PVTGGTTQAA	YRVPQNQLSV	MSNEGYAINS	GYIYLYWRDY	NWVYFPDPKT
msa178371.2{104_COH1}	PVTGGTTQAA	YRVPQNQLSV	MSNEGYAINS	GYIYLYWRDY	NWVYFPDPKT
msa178371.2{104_M732}	PVTGGTTQAA	YRVPQNQLSV	MSNEGYAINS	GYIYLYWRDY	NWVYFPDPKT
msa178371.2{104_090}	PVTGGTTQAA	YRVPQNQLSV	MSNEGYAINS	GYIYLYWRDY	NWVYFPDPKT
msa178371.2{104_18RS21}	PVTGGTTQAA	YRVPQNQLSV	MSNEGYAINS	GYIYLYWRDY	NWVYFPDPKT
msa178371.2{104_2603}	PVTGGTTQAA	YRVPQNQLSV	MSNEGYAINS	GYIYLYWRDY	NWVYFPDPKT
msa178371.2{104_A909}	PVTGGTTQAA	YRVPQNQLSV	MSNEGYAINS	GYIYLYWRDY	NWVYFPDPKT
msa178371.2{104_JM9130013}	PVTGGTTQAA	YRVPQNQLSV	MSNEGYAINS	GYIYLYWRDY	NWVYFPDPKT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa178371.2{104_CJB110}	501				550
msa178371.2{104_M781}	KKVSATKQIK	THGEPTTLFY	NGNIRPKGYD	IFTVGIGVNG	DPGATPLEAE
msa178371.2{104_COH1}	KKVSATKQIK	THGEPTTLFY	NGNIRPKGYD	IFTVGIGVNG	DPGATPLEAE
msa178371.2{104_M732}	KKVSATKQIK	THGEPTTLFY	NGNIRPKGYD	IFTVGIGVNG	DPGATPLEAE
msa178371.2{104_090}	KKVSATKQIK	THGEPTTLFY	NGNIRPKGYD	IFTVGIGVNG	DPGATPLEAE
msa178371.2{104_18RS21}	KKVSATKQIK	THGEPTTLFY	NGNIRPKGYD	IFTVGIGVNG	DPGATPLEAE
msa178371.2{104_2603}	KKVSATKQIK	THGEPTTLFY	NGNIRPKGYD	IFTVGIGVNG	DPGATPLEAE
msa178371.2{104_A909}	KKVSATKQIK	THGEPTTLFY	NGNIRPKGYD	IFTVGIGVNG	DPGATPLEAE
msa178371.2{104_JM9130013}	KKVSATKQIK	THGEPTTLFY	NGNIRPKGYD	IFTVGIGVNG	DPGATPLEAE
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa178371.2{104_CJB110}	551				600
msa178371.2{104_M781}	KFMQSISSKT	ENYTNVDDTN	KIYDELNKYP	KTIVEEKHSI	VDGNVTDPMG
msa178371.2{104_COH1}	KFMQSISSKT	ENYTNVDDTN	KIYDELNKYP	KTIVEEKHSI	VDGNVTDPMG
msa178371.2{104_M732}	KFMQSISSKT	ENYTNVDDTN	KIYDELNKYP	KTIVEEKHSI	VDGNVTDPMG
msa178371.2{104_090}	KFMQSISSKT	ENYTNVDDTN	KIYDELNKYP	KTIVEEKHSI	VDGNVTDPMG
msa178371.2{104_18RS21}	KFMQSISSKT	ENYTNVDDTN	KIYDELNKYP	KTIVEEKHSI	VDGNVTDPMG
msa178371.2{104_2603}	KFMQSISSKT	ENYTNVDDTN	KIYDELNKYP	KTIVEEKHSI	VDGNVTDPMG
msa178371.2{104_A909}	KFMQSISSKT	ENYTNVDDTN	KIYDELNKYP	KTIVEEKHSI	VDGNVTDPMG
msa178371.2{104_JM9130013}	KFMQSISSKT	ENYTNVDDTN	KIYDELNKYP	KTIVEEKHSI	VDGNVTDPMG
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa178371.2{104_CJB110}	601				650
msa178371.2{104_M781}	EMIEFQLKNG	QSFTHDDYVL	VGNDGSQKLN	GVALGGPNSD	GGILKDVTVT
msa178371.2{104_COH1}	EMIEFQLKNG	QSFTHDDYVL	VGNDGSQKLN	GVALGGPNSD	GGILKDVTVT
msa178371.2{104_M732}	EMIEFQLKNG	QSFTHDDYVL	VGNDGSQKLN	GVALGGPNSD	GGILKDVTVT
msa178371.2{104_090}	EMIEFQLKNG	QSFTHDDYVL	VGNDGSQKLN	GVALGGPNSD	GGILKDVTVT
msa178371.2{104_18RS21}	EMIEFQLKNG	QSFTHDDYVL	VGNDGSQKLN	GVALGGPNSD	GGILKDVTVT
msa178371.2{104_2603}	EMIEFQLKNG	QSFTHDDYVL	VGNDGSQKLN	GVALGGPNSD	GGILKDVTVT
msa178371.2{104_A909}	EMIEFQLKNG	QSFTHDDYVL	VGNDGSQKLN	GVALGGPNSD	GGILKDVTVT
msa178371.2{104_JM9130013}	EMIEFQLKNG	QSFTHDDYVL	VGNDGSQKLN	GVALGGPNSD	GGILKDVTVT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa178371.2{104_CJB110}	651				700
msa178371.2{104_M781}	YDKTSQTIKI	NHLNLGSGQK	VVLTYDVRLK	DNYISNKFYN	TNNRTTSLPK
msa178371.2{104_COH1}	YDKTSQTIKI	NHLNLGSGQK	VVLTYDVRLK	DNYISNKFYN	TNNRTTSLPK
msa178371.2{104_M732}	YDKTSQTIKI	NHLNLGSGQK	VVLTYDVRLK	DNYISNKFYN	TNNRTTSLPK
msa178371.2{104_090}	YDKTSQTIKI	NHLNLGSGQK	VVLTYDVRLK	DNYISNKFYN	TNNRTTSLPK
msa178371.2{104_18RS21}	YDKTSQTIKI	NHLNLGSGQK	VVLTYDVRLK	DNYISNKFYN	TNNRTTSLPK
msa178371.2{104_2603}	YDKTSQTIKI	NHLNLGSGQK	VVLTYDVRLK	DNYISNKFYN	TNNRTTSLPK

Table 41: Comparative Sequences relating to SAG0649

msa178371.2{104_A909}	YDKTSQTIKI	NHLNLGSGQK	VVLTYDVRLK	DNYISNKFYN	TNNRTTLPSPK
msa178371.2{104_JM9130013}	YDKTSQTIKI	NHLNLGSGQK	VVLTYDVRLK	DNYISNKFYN	TNNRTTLPSPK
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
	701				750
msa178371.2{104_CJB110}	SEKEPNTIRD	FPIPKIRDVR	EFPVLTISNQ	KMGGEVEFIK	VNKDKHSESL
msa178371.2{104_M781}	SEKEPNTIRD	FPIPKIRDVR	EFPVLTISNQ	KMGGEVEFIK	VNKDKHSESL
msa178371.2{104_COH1}	SEKEPNTIRD	FPIPKIRDVR	EFPVLTISNQ	KMGGEVEFIK	VNKDKHSESL
msa178371.2{104_M732}	SEKEPNTIRD	FPIPKIRDVR	EFPVLTISNQ	KMGGEVEFIK	VNKDKHSESL
msa178371.2{104_090}	SEKEPNTIRD	FPIPKIRDVR	EFPVLTISNQ	KMGGEVEFIK	VNKDKHSESL
msa178371.2{104_18RS21}	SEKEPNTIRD	FPIPKIRDVR	EFPVLTISNQ	KMGGEVEFIK	VNKDKHSESL
msa178371.2{104_2603}	SEKEPNTIRD	FPIPKIRDVR	EFPVLTISNQ	KMGGEVEFIK	VNKDKHSESL
msa178371.2{104_A909}	SEKEPNTIRD	FPIPKIRDVR	EFPVLTISNQ	KMGGEVEFIK	VNKDKHSESL
msa178371.2{104_JM9130013}	SEKEPNTIRD	FPIPKIRDVR	EFPVLTISNQ	KMGGEVEFIK	VNKDKHSESL
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
	751				800
msa178371.2{104_CJB110}	LGAKFQLQIe	KDFSGYKQFV	PEGSDVTTKN	DGKIYFKALQ	DGNYKLYEIS
msa178371.2{104_M781}	LGAKFQLQIe	KDFSGYKQFV	PEGSDVTTKN	DGKIYFKALQ	DGNYKLYEIS
msa178371.2{104_COH1}	LGAKFQLQIe	KDFSGYKQFV	PEGSDVTTKN	DGKIYFKALQ	DGNYKLYEIS
msa178371.2{104_M732}	LGAKFQLQIe	KDFSGYKQFV	PEGSDVTTKN	DGKIYFKALQ	DGNYKLYEIS
msa178371.2{104_090}	LGAKFQLQIe	KDFSGYKQFV	PEGSDVTTKN	DGKIYFKALQ	DGNYKLYEIS
msa178371.2{104_18RS21}	LGAKFQLQIe	KDFSGYKQFV	PEGSDVTTKN	DGKIYFKALQ	DGNYKLYEIS
msa178371.2{104_2603}	LGAKFQLQIe	KDFSGYKQFV	PEGSDVTTKN	DGKIYFKALQ	DGNYKLYEIS
msa178371.2{104_A909}	LGAKFQLQIe	KDFSGYKQFV	PEGSDVTTKN	DGKIYFKALQ	DGNYKLYEIS
msa178371.2{104_JM9130013}	LGAKFQLQIk	KDFSGYKQFV	PEGSDVTTKN	DGKIYFKALQ	DGNYKLYEIS
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
	801				850
msa178371.2{104_CJB110}	SPDGYIEVKT	KPVVTFITQN	GEVTNLKADP	NANKNQIGYL	Egngkhlitn
msa178371.2{104_M781}	SPDGYIEVKT	KPVVTFITQN	GEVTNLKADP	NANKNQIGYL	Egngkhlitn
msa178371.2{104_COH1}	SPDGYIEVKT	KPVVTFITQN	GEVTNLKADP	NANKNQIGYL	Egngkhlitn
msa178371.2{104_M732}	SPDGYIEVKT	KPVVTFITQN	GEVTNLKADP	NANKNQIGYL	Egngkhlitn
msa178371.2{104_090}	SPDGYIEVKT	KPVVTFITQN	GEVTNLKADP	NANKNQIGYL	Egngkhlitn
msa178371.2{104_18RS21}	SPDGYIEVKT	KPVVTFITQN	GEVTNLKADP	NANKNQIGYL	Egngkhlitn
msa178371.2{104_2603}	SPDGYIEVKT	KPVVTFITQN	GEVTNLKADP	NANKNQIGYL	Egngkhlitn
msa178371.2{104_A909}	SPDGYIEVKT	KPVVTFITQN	GEVTNLKADP	NANKNQIGYL	Egngkhlitn
msa178371.2{104_JM9130013}	SPDGYIEVKT	KPVVTFITQN	GEVTNLKADP	NANKNQIGYL	E-----
Consensus	*****	*****	*****	*****	*-----
	851				890
msa178371.2{104_CJB110}	tpkrppgv--	-----	-----	-----	-----
msa178371.2{104_M781}	tpkrppgv--	-----	-----	-----	-----
msa178371.2{104_COH1}	tpkrppgv--	-----	-----	-----	-----
msa178371.2{104_M732}	tpkrppgv--	-----	-----	-----	-----
msa178371.2{104_090}	tpkrppgv--	-----	-----	-----	-----
msa178371.2{104_18RS21}	tpkrppgv--	-----	-----	-----	-----
msa178371.2{104_2603}	tpkrppgvfp	ktggigtivy	ilvgstfmil	ticsfrrkql	-----
msa178371.2{104_A909}	tpkrppgv--	-----	-----	-----	-----
msa178371.2{104_JM9130013}	-----	-----	-----	-----	-----
Consensus	-----*	*****	*****	*****	-----

Table 42: Comparative Sequences relating to SAG 0764

## SEQ ID NO. 4201: 2603 V/R STRAIN

ATGGTAAATAGTATTGCGACGCCACGGTGAATCTGAGTGGAAATAAGCTAACCTTTTC  
 ACTGGATGGGCTGACGTAGATCTTTCAAAAAAGGTACACAACAGCTATTGATGCTGGG  
 AAATTAATTAAGCAGCAGGTATTGAGTTCGACCTTGCTTTTACATCAGTTCTTAAACGT  
 GCCATCAAAACAACTAACCTTGCCCTTGAAGCAGCTGATCAACTTTGGGTACCAAGTTGAA  
 AAATCATGGCGCTTGAACGAACGTCATTACGGTGGATTGACAGGAAAAATAAGCAGAA  
 GCAGCTGAACAATTTGGTGATGAGCAAGTTCATATTGGCGTGGTTCATATGATGATTG  
 CCTCCAGATATGGCTAAAGATGATGAACATTCAGCACATACTGATCGTCCGTATGCTTCA  
 CTAGATGATTCTGTTATTCCAGATGCGAAAACTTAAAGTTACTTTAGAGCGTGCTCTT  
 CCTTTCTGGGAAGATAAAATTTGCTCCTGCTCTTAAAGATGGTAAAAATGTGTTTGTGGT  
 GCACACGGTAACCTCAATCCGTGCTCTTGTAAAAATATCAAAACAAATGTGATGATGAA  
 ATCATGGACGTTGAAATTCCTAACTTCCACCCTTGTGTTTCAATTTGATGAAAAATTA  
 AACCTTGTTTCAGAAATATTACTTAGGTAA

## SEQ ID NO. 4202: 090 STRAIN

GTAAAAATTAGTATTGCGACGCCACGGTGAATCTGAGTG  
 GAATAAGCTAACCTTTTCACTGGATGGGCTGACGTAGATCTTTCAAAAA  
 AAGGTACACAACAGCTATTGATGCTGGGAAATTAATTAAGCAGCAGGT  
 ATTGAGTTGACCTTGCTTTTACATCAGTTCTTAAACGTGCCATCAAAAC  
 AACTAACCTTGCCCTTGAAGCAGCTGATCAACTTTGGGTACCAAGTTGAAA  
 AATCATGGCGCTTGAACGAACGTCATTACGGTGGATTGACAGGAAAAATA  
 AAGCAGAAGCAGCTGAACAATTTGGTGATGAGCAAGTTCATATTGGCG  
 TCGTTTCATATGATGATTGCTCCAGATATGGCTAAAGATGATGAACATT  
 CAGCACATACTGATCGTCCGTATGCTTCACTAGATGATTCTGTTATTCCCA  
 GATGCAAAAAACCTTAAAGTTACTTTAGAGCGTGCTCTTCTTTCTGGGA  
 AGATAAAATTTGCTCCTGCTCTTAAAGATGGTAAAAATGTGTTTGTGGTG  
 CACACGGTAACCTCAATCCGTGCTCTTGTAAAAATATCAAAACAAATGTGCA  
 GATGATGAAATCATGGACGTTGAAATTCCTAACTTCCACCCTTGTGTTT  
 CGAATTTGATGAAAAATTAACCTTGTGTTTCAGAAATATTACTTAGGTAA

## SEQ ID NO. 4203: A909 STRAIN

GTAAAAATTAGTATTGCGACGCCACGGTGAATCTGAGTGG  
 AATAAAGCTAACCTTTTCACTGGATGGGCTGACGTAGATCTTTCAAAAA  
 AGGTACACAACAGCTATTGATGCTGGGAAATTAATTAAGCAGCAGGT  
 TTGAGTTGACCTTGCTTTTACATCAGTTCTTAAACGTGCCATCAAAACA  
 ACTAACCTTGCCCTTGAAGCAGCTGATCAACTTTGGGTACCAAGTTGAAA  
 ATCATGGCGCTTAAACGAACGTCATTACGGTGGATTGACAGGAAAAATA  
 AAGCAGAAGCAGCTGAACAATTTGGTGATGAGCAAGTTCATATTGGCGT  
 CGTTTCATATGATGATTGCTCCAGATATGGCTAAAGATGATGAACATT  
 AGCACATACTGATCGTCCGTATGCTTCACTAGATGATTCTGTTATTCCAG  
 ATGCAAAAAACCTTAAAGTTACTTTAGAGCGTGCTCTTCTTTCTGGGA  
 GATAAAATTTGCTCCTGCTCTTAAAGATGGTAAAAATGTGTTTGTGGTG  
 ACACGGTAACCTCAATCCGTGCTCTTGTAAAAATATCAAAACAAATGTGCA  
 ATGATGAAATCATGGACGTTGAAATTCCTAACTTCCACCCTTGTGTTT  
 GAATTTGATGAAAAATTAACCTTGTGTTTCAGAAATATTACTTAGGTAA

## SEQ ID NO. 4204: H36B STRAIN

GTAAAAATTAGTATTGCGACGCCACGGTGAATCTGAG  
 TGGAAATAAGCTAACCTTTTCACTGGATGGGCTGACGTAGATCTTTCA  
 AAAAGGTACACAACAGCTATTGATGCTGGGAAATTAATTAAGCAGCAG  
 GTATTGAGTTGACCTTGCTTTTACATCAGTTCTTAAACGTGCCATCAAA  
 ACACTAACCTTGCCCTTGAAGCAGCTGATCAACTTTGGGTACCAAGTTGA  
 AAAATCATGGCGCTTGAACGAACGTCATTACGGTGGATTGACAGGAAAA  
 AATAAGCAGAAGCAGCTGAACAATTTGGTGATGAGCAAGTTCATATTGG  
 CGTCTGTTTCATATGATGATTGCTCCAGATATGGCTAAAGATGATGAACA  
 TTCAGCACATACTGATCGTCCGTATGCTTCACTAGATGATTCTGTTATTCC  
 GATGCGAAAAACCTTAAAGTTACTTTAGAGCGTGCTCTTCTTTCTGGGA  
 GAGATAAAATTTGCTCCTGCTCTTAAAGATGGTAAAAATGTGTTTGTGG  
 TGCACACGGTAACCTCAATCCGTGCTCTTGTAAAAATATCAAAACAAATGT  
 CAGATGATGAAATCATGGACGTTGAAATTCCTAACTTCCACCCTTGTGTT  
 TCGAATTTGATGAAAAATTAACCTTGTGTTTCAGAAATATTACTTAGGTAA  
 A

## SEQ ID NO. 4205: 18R21 STRAIN

GTAAAAATTAGTATTGCGACGCCACGGTGAATCTGAGTGG  
 AATAAAGCTAACCTTTTCACTGGATGGGCTGACGTAGATCTTTCAAAAA  
 AGGTACACAACAGCTATTGATGCTGGGAAATTAATTAAGCAGCAGGT  
 TTGAGTTGACCTTGCTTTTACATCAGTTCTTAAACGTGCCATCAAAACA  
 ACTAACCTTGCCCTTGAAGCAGCTGATCAACTTTGGGTACCAAGTTGAAA  
 ATCATGGCGCTTGAACGAACGTCATTACGGTGGATTGACAGGAAAAATA  
 AAGCAGAAGCAGCTGAACAATTTGGTGATGAGCAAGTTCATATTGGCGT  
 CGTTTCATATGATGATTGCTCCAGATATGGCTAAAGATGATGAACATT  
 AGCACATACTGATCGTCCGTATGCTTCACTAGATGATTCTGTTATTCCAG  
 ATGCAAAAAACCTTAAAGTTACTTTAGAGCGTGCTCTTCTTTCTGGGA  
 GAGATAAAATTTGCTCCTGCTCTTAAAGATGGTAAAAATGTGTTTGTGG  
 TGCACACGGTAACCTCAATCCGTGCTCTTGTAAAAATATCAAAACAAATGT  
 CAGATGATGAAATCATGGACGTTGAAATTCCTAACTTCCACCCTTGTGTT  
 TCGAATTTGATGAAAAATTAACCTTGTGTTTCAGAAATATTACTTAGGTAA

## SEQ ID NO. 4206: M732 STRAIN

GTAAAAATTAGTATTGCGACGCCACGGTGAATCTGAGTGG  
 AATAAAGCTAACCTTTTCACTGGATGGGCTGACGTAGATCTTTCAAAAA  
 AGGTACACAACAGCTATTGATGCTGGGAAATTAATTAAGCAGCAGGT

Table 42: Comparative Sequences relating to SAG 0764

TTGAGTTGACCTTGCTTTTACATCAGTTCTTAAACGTGCCATCAAAACA  
 ACTAACCTTGCCCTTGAAGCAGCTGATCAACTTTGGGTACCAAGTTGAAAA  
 ATCATGGGCTTGAACGAACGTATTACGGTGGATTGACAGGAAAAATA  
 AAGCAGAAGCAGCTGAACAATTGGTGATGAGCAAGTTTCATATTTGGCGT  
 CGTTCATATGATGATTGCCCTCCAGATATGGCTAAAGATGATGAACATTC  
 AGCATACTGATCGTCGCTATGCTTCACTAGATGATTCTGTATTCCAG  
 ATGCAGAAAACTAAAGTTACTTTAGAGCGTGCTCTTCTTTCTGGGAA  
 GATAAAATTGCTCCTGCTCTTAAAGATGGTAAAAATGTGTTTGTGGTGC  
 ACACGGTAACCTCAATCGTGCTCTTGTAAAAACATATCAAAACATTTGCAG  
 ATGATGAAATCATGGAGCTTGAATTCCTAACTTCCACCACTTGTTTTTC  
 GAATTTGATGAAAAATTAAACCTTGTTTCAGAAATTAATCTAGGTAAA

## SEQ ID NO. 4207: COH1 STRAIN

GTAAAAATTAGTATTGCGACGCCACGG  
 TGAATCTGAGTGGAAATAAGCTAACCTTTTCACTGGATGGGCTGACGTAG  
 ATCTTTAGAAAAAGGTACACAACAAGCTATTGATGCTGGGAAATTAATT  
 CAAGCAGCAGGTATTGAGTTGACCTTGCTTTTACATCAGTTCTTAAACG  
 TGCCATCAAAACAACTAACCTTGCCCTTGAAGCAGCTGATCAACTTTGGG  
 TACCAGTTGAAAAATCATGGCGCTTGAACGAACGTATTACGGTGGATTG  
 ACAGGAAAAATAAGCAGAAGCAGCTGAACAATTGGTGATGAGCAAGT  
 TCATATTTGGCGTCTTCATATGATGATTGCTCCAGATATGGCTAAAG  
 ATGATGAACATTGAGCACATACTGATCGTCGCTATGCTTCACTAGATGAT  
 TCTGTTATTCCAGATGCGAAAAACCTAAAGTTACTTTAGAGCGTGCTCT  
 TCCTTTCTGGGAAGATAAAATTGCTCCTGCTCTTAAAGATGGTAAAAATG  
 TGTGTTGTTGGTGACACGGTAACCTCAATCCGTGCTCTTGTAAAAACATATC  
 AAACAATTGTGATGATGAAATCATGGACGTTGAAATTCCTAACTTCCC  
 ACCACTTGTTTTGGAATTTGATGAAAAATTAAACCTTGTTTCAGAAATTA  
 ACTTAGGTAAA

## SEQ ID NO. 4208: CJB110 STRAIN

GTAAAAATTAGTATTGCGACGCCACGG  
 TGAATCTGAGTGGAAATAAGCTAACCTTTTCACTGGATGGGCTGACGTAG  
 ATCTTTAGAAAAAGGTACACAACAAGCTATTGATGCTGGGAAATTAATT  
 CAAGCAGCAGGTATTGAGTTGACCTTGCTTTTACATCAGTTCTTAAACG  
 TGCCATCAAAACAACTAACCTTGCCCTTGAAGCAGCTGATCAACTTTGGG  
 TACCAGTTGAAAAATCATGGCGCTTGAACGAACGTATTACGGTGGATTG  
 ACAGGAAAAATAAGCAGAAGCAGCTGAACAATTGGTGATGAGCAAGT  
 TCATATTTGGCGTCTTCATATGATGATTGCTCCAGATATGGCTAAAG  
 ATGATGAACATTGAGCACATACTGATCGTCGCTATGCTTCACTAGATGAT  
 TCTGTTATTCCAGATGCGAAAAACCTAAAGTTACTTTAGAGCGTGCTCT  
 TCCTTTCTGGGAAGATAAAATTGCTCCTGCTCTTAAAGATGGTAAAAATG  
 TGTGTTGTTGGTGACACGGTAACCTCAATCCGTGCTCTTGTAAAAACATATC  
 AAACAATTGTGATGATGAAATCATGGACGTTGAAATTCCTAACTTCCC  
 ACCACTTGTTTTGGAATTTGATGAAAAATTAAACCTTGTTTCAGAAATTA  
 ACTTAGGTAAA

## SEQ ID NO. 4209: 1169NT STRAIN

AGTATTCGACGCCACGGTGAATCTGAGTGGAAATAAGCTAACCTTTTCA  
 CTGGATGGGCTGACGTAGATCTTTAGAAAAAGGTACACAACAAGCTATT  
 GATGCTGGGAAATTAATTCAAGCAGCAGGTATTGAGTTGACCTTGCTTT  
 TACATCAGTTCTTAAACGTGCCATCAAAACAACCTAACCTTGCCCTTGAAG  
 CAGCTGATCAACTTTGGGTACCAAGTTGAAAAATCATGGCGCTTGAACGAA  
 CGTCATTACGGTGGATTGACAGGAAAAATAAGCAGAAGCAGCTGAACA  
 ATTGGTGATGAGCAAGTTTCATATTTGGCGTCTTCATATGATGATTGCT  
 CTCAGATATGGCTAAAGATGATGAACATTGAGCACATACTGATCGTCGCT  
 TATGCTTCACTAGATGATTCTGTTATTCCAGATGCGAAAAACCTAAAGT  
 TACTTTAGAGCGTGCTCTTCTTTCTGGGAAGATAAAATTGCTCCTGCTC  
 TTAAGATGGTAAAAATGTGTTGTTGTTGGTGACACGGTAACCTCAATCCGT  
 GCTCTGTAAAAACATATCAACAATTGTGATGATGAAATCATGGACGTT  
 TGAATTCCTAACTTCCACCACTTGTTTTGGAATTTGATGAAAAATTAA  
 ACCTTGTTTCAGAAATTAATCTAGGTAAA

## SEQ ID NO. 4210: M781 STRAIN

GTAAAAATTAGTATTGCGACGCCACGGT  
 GAATCTGAGTGGAAATAAGCTAACCTTTTCACTGGATGGGCTGACGTAGA  
 TCTTTAGAAAAAGGTACACAACAAGCTATTGATGCTGGGAAATTAATT  
 AAGCAGCAGGTATTGAGTTGACCTTGCTTTTACATCAGTTCTTAAACGT  
 GCCATCAAAACAACCTAACCTTGCCCTTGAAGCAGCTGATCAACTTTGGGT  
 ACCAGTTGAAAAATCATGGCGCTTGAACGAACGTATTACGGTGGATTGA  
 CAGGAAAAATAAGCAGAAGCAGCTGAACAATTGGTGATGAGCAAGT  
 CATATTTGGCGTCTTCATATGATGATTGCTCCAGATATGGCTAAAGA  
 TGATGAACATTGAGCACATACTGATCGTCGCTATGCTTCACTAGATGATT  
 CTGTTATTCCAGATGCGAAAAACCTAAAGTTACTTTAGAGCGTGCTCTT  
 CCTTTCTGGGAAGATAAAATTGCTCCTGCTCTTAAAGATGGTAAAAATGT  
 GTTTGTTGGTGACACGGTAACCTCAATCCGTGCTCTTGTAAAAACATATCA  
 AACAAATTGTGATGATGAAATCATGGACGTTGAATTCCTAACTTCCCA  
 CCACTTGTTTTGGAATTTGATGAAAAATTAAACCTTGTTTCAGAAATTA  
 CTAGGTAAA

## SEQ ID NO. 4211: JM930013 STRAIN

GTAAAAATTAGTATTGCGACGCCACGGTGAATCT  
 GAGTGGAAATAAGCTAACCTTTTCACTGGATGGGCTGACGTAGATCTTT  
 AGAAAAAGGTACACAACAAGCTATTGATGCTGGGAAATTAATTCAAGCAG

Table 42: Comparative Sequences relating to SAG 0764

CAGGTATTGAGTTCGACCTTGCTTTTACATCAGTTCCTAAACGTGCCATC  
 AAAACAACCTAACCTTGCCCTTGAGCAGCTGATCAACTTTGGGTACCACT  
 TGAATAATCATGGCGCTTGAACGAAACGTCATTACGGTGGATTGACAGGAA  
 AAAATAAAGCAGAGCAGCTGAACAATTTGGTGATGAGCAAGTTTCATATT  
 TGGCGTCGTTTCATATGATGATTGCTCCAGATATGGCTAAAGATGATGA  
 ACATTACGACATACCTGATGCTGCTATGCTTCTACTAGATGATTCGTGTA  
 TTCCAGATGCGAAAACCTAAAGTTACTTTAGAGCGTGCTCTTCCTTTC  
 TGGGAAGATAAAATTTGCTCTGCTCTTAAAGATGGTAAAAATGTTTGT  
 TGGTGACACCGGTAACTCAATCCGTGCTCTTGTAAAAATATCAACCAAT  
 TGTGAGATGATGAAATCATGGACGTTGAAATTCCTAACTTCCACCACTT  
 GTTTTCGAATTTGATGAAAATTAACCTTTGTTTCAATATATCTTAGG  
 TAAA

PRETTY of: /biotmp/msa63264.2(\*) March 10, 2003 09:30 ..

msa63264.2{110_090}	1	50
msa63264.2{110_1169NT}	---gtaaaaat	tAGTATTGCG ACGCCACGGT GAATCTGAGT GGAATAAAGC
msa63264.2{110_18RS21}	-----	-AGTATTGCG ACGCCACGGT GAATCTGAGT GGAATAAAGC
msa63264.2{110_2603}	---gtaaaaat	tAGTATTGCG ACGCCACGGT GAATCTGAGT GGAATAAAGC
msa63264.2{110_CJB110}	atgggtaaaaat	tAGTATTGCG ACGCCACGGT GAATCTGAGT GGAATAAAGC
msa63264.2{110_COH1}	---gtaaaaat	tAGTATTGCG ACGCCACGGT GAATCTGAGT GGAATAAAGC
msa63264.2{110_H36B}	---gtaaaaat	tAGTATTGCG ACGCCACGGT GAATCTGAGT GGAATAAAGC
msa63264.2{110_JM9130013}	---gtaaaaat	tAGTATTGCG ACGCCACGGT GAATCTGAGT GGAATAAAGC
msa63264.2{110_M732}	---gtaaaaat	tAGTATTGCG ACGCCACGGT GAATCTGAGT GGAATAAAGC
msa63264.2{110_M781}	---gtaaaaat	tAGTATTGCG ACGCCACGGT GAATCTGAGT GGAATAAAGC
msa63264.2{110_A909}	---gtaaaaat	tAGTATTGCG ACGCCACGGT GAATCTGAGT GGAATAAAGC
Consensus	*****	*****
msa63264.2{110_090}	51	100
msa63264.2{110_1169NT}	TAACCTTTTC	ACTGGATGGG CTGACGTAGA TCTTTCAGAA AAAGGTACAC
msa63264.2{110_18RS21}	TAACCTTTTC	ACTGGATGGG CTGACGTAGA TCTTTCAGAA AAAGGTACAC
msa63264.2{110_2603}	TAACCTTTTC	ACTGGATGGG CTGACGTAGA TCTTTCAGAA AAAGGTACAC
msa63264.2{110_CJB110}	TAACCTTTTC	ACTGGATGGG CTGACGTAGA TCTTTCAGAA AAAGGTACAC
msa63264.2{110_COH1}	TAACCTTTTC	ACTGGATGGG CTGACGTAGA TCTTTCAGAA AAAGGTACAC
msa63264.2{110_H36B}	TAACCTTTTC	ACTGGATGGG CTGACGTAGA TCTTTCAGAA AAAGGTACAC
msa63264.2{110_JM9130013}	TAACCTTTTC	ACTGGATGGG CTGACGTAGA TCTTTCAGAA AAAGGTACAC
msa63264.2{110_M732}	TAACCTTTTC	ACTGGATGGG CTGACGTAGA TCTTTCAGAA AAAGGTACAC
msa63264.2{110_M781}	TAACCTTTTC	ACTGGATGGG CTGACGTAGA TCTTTCAGAA AAAGGTACAC
msa63264.2{110_A909}	TAACCTTTTC	ACTGGATGGG CTGACGTAGA TCTTTCAGAA AAAGGTACAC
Consensus	*****	*****
msa63264.2{110_090}	101	150
msa63264.2{110_1169NT}	AACAAGCTAT	TGATGCTGGG AAATTAATTC AAGCAGCAGG TATTGAGTTC
msa63264.2{110_18RS21}	AACAAGCTAT	TGATGCTGGG AAATTAATTC AAGCAGCAGG TATTGAGTTC
msa63264.2{110_2603}	AACAAGCTAT	TGATGCTGGG AAATTAATTC AAGCAGCAGG TATTGAGTTC
msa63264.2{110_CJB110}	AACAAGCTAT	TGATGCTGGG AAATTAATTC AAGCAGCAGG TATTGAGTTC
msa63264.2{110_COH1}	AACAAGCTAT	TGATGCTGGG AAATTAATTC AAGCAGCAGG TATTGAGTTC
msa63264.2{110_H36B}	AACAAGCTAT	TGATGCTGGG AAATTAATTC AAGCAGCAGG TATTGAGTTC
msa63264.2{110_JM9130013}	AACAAGCTAT	TGATGCTGGG AAATTAATTC AAGCAGCAGG TATTGAGTTC
msa63264.2{110_M732}	AACAAGCTAT	TGATGCTGGG AAATTAATTC AAGCAGCAGG TATTGAGTTC
msa63264.2{110_M781}	AACAAGCTAT	TGATGCTGGG AAATTAATTC AAGCAGCAGG TATTGAGTTC
msa63264.2{110_A909}	AACAAGCTAT	TGATGCTGGG AAATTAATTC AAGCAGCAGG TATTGAGTTC
Consensus	*****	*****
msa63264.2{110_090}	151	200
msa63264.2{110_1169NT}	GACCTTGCTT	TTACATCAGT TCTTAAACGT GCCATCAAAA CAACTAACCT
msa63264.2{110_18RS21}	GACCTTGCTT	TTACATCAGT TCTTAAACGT GCCATCAAAA CAACTAACCT
msa63264.2{110_2603}	GACCTTGCTT	TTACATCAGT TCTTAAACGT GCCATCAAAA CAACTAACCT
msa63264.2{110_CJB110}	GACCTTGCTT	TTACATCAGT TCTTAAACGT GCCATCAAAA CAACTAACCT
msa63264.2{110_COH1}	GACCTTGCTT	TTACATCAGT TCTTAAACGT GCCATCAAAA CAACTAACCT
msa63264.2{110_H36B}	GACCTTGCTT	TTACATCAGT TCTTAAACGT GCCATCAAAA CAACTAACCT
msa63264.2{110_JM9130013}	GACCTTGCTT	TTACATCAGT TCTTAAACGT GCCATCAAAA CAACTAACCT
msa63264.2{110_M732}	GACCTTGCTT	TTACATCAGT TCTTAAACGT GCCATCAAAA CAACTAACCT
msa63264.2{110_M781}	GACCTTGCTT	TTACATCAGT TCTTAAACGT GCCATCAAAA CAACTAACCT
msa63264.2{110_A909}	GACCTTGCTT	TTACATCAGT TCTTAAACGT GCCATCAAAA CAACTAACCT
Consensus	*****	*****
msa63264.2{110_090}	201	250
msa63264.2{110_1169NT}	TGCCCTTGAA	GCAGCTGATC AACTTTGGGT ACCAGTTGAA AAATCATGGC
msa63264.2{110_18RS21}	TGCCCTTGAA	GCAGCTGATC AACTTTGGGT ACCAGTTGAA AAATCATGGC
msa63264.2{110_2603}	TGCCCTTGAA	GCAGCTGATC AACTTTGGGT ACCAGTTGAA AAATCATGGC
msa63264.2{110_CJB110}	TGCCCTTGAA	GCAGCTGATC AACTTTGGGT ACCAGTTGAA AAATCATGGC
msa63264.2{110_COH1}	TGCCCTTGAA	GCAGCTGATC AACTTTGGGT ACCAGTTGAA AAATCATGGC
msa63264.2{110_H36B}	TGCCCTTGAA	GCAGCTGATC AACTTTGGGT ACCAGTTGAA AAATCATGGC
msa63264.2{110_JM9130013}	TGCCCTTGAA	GCAGCTGATC AACTTTGGGT ACCAGTTGAA AAATCATGGC
msa63264.2{110_M732}	TGCCCTTGAA	GCAGCTGATC AACTTTGGGT ACCAGTTGAA AAATCATGGC
msa63264.2{110_M781}	TGCCCTTGAA	GCAGCTGATC AACTTTGGGT ACCAGTTGAA AAATCATGGC

Table 42: Comparative Sequences relating to SAG 0764

msa63264.2{110_A909}	TGCCCTTGAA	GCAGCTGATC	AACCTTGGGT	ACCAGTTGAA	AAATCATGGC
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa63264.2{110_090}	251				300
msa63264.2{110_1169NT}	GCTTGAACGA	ACGTCATTAC	GGTGGATTGA	CAGGAAAAAA	TAAAGCAGAA
msa63264.2{110_18RS21}	GCTTGAACGA	ACGTCATTAC	GGTGGATTGA	CAGGAAAAAA	TAAAGCAGAA
msa63264.2{110_2603}	GCTTGAACGA	ACGTCATTAC	GGTGGATTGA	CAGGAAAAAA	TAAAGCAGAA
msa63264.2{110_CJB110}	GCTTGAACGA	ACGTCATTAC	GGTGGATTGA	CAGGAAAAAA	TAAAGCAGAA
msa63264.2{110_COH1}	GCTTGAACGA	ACGTCATTAC	GGTGGATTGA	CAGGAAAAAA	TAAAGCAGAA
msa63264.2{110_H36B}	GCTTGAACGA	ACGTCATTAC	GGTGGATTGA	CAGGAAAAAA	TAAAGCAGAA
msa63264.2{110_JM9130013}	GCTTGAACGA	ACGTCATTAC	GGTGGATTGA	CAGGAAAAAA	TAAAGCAGAA
msa63264.2{110_M732}	GCTTGAACGA	ACGTCATTAC	GGTGGATTGA	CAGGAAAAAA	TAAAGCAGAA
msa63264.2{110_M781}	GCTTGAACGA	ACGTCATTAC	GGTGGATTGA	CAGGAAAAAA	TAAAGCAGAA
msa63264.2{110_A909}	GCTTGAACGA	ACGTCATTAC	GGTGGATTGA	CAGGAAAAAA	TAAAGCAGAA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa63264.2{110_090}	301				350
msa63264.2{110_1169NT}	GCAGCTGAAC	AATTTGGTGA	TGAGCAAGTT	CATATTTGGC	GTCGTTTCATA
msa63264.2{110_18RS21}	GCAGCTGAAC	AATTTGGTGA	TGAGCAAGTT	CATATTTGGC	GTCGTTTCATA
msa63264.2{110_2603}	GCAGCTGAAC	AATTTGGTGA	TGAGCAAGTT	CATATTTGGC	GTCGTTTCATA
msa63264.2{110_CJB110}	GCAGCTGAAC	AATTTGGTGA	TGAGCAAGTT	CATATTTGGC	GTCGTTTCATA
msa63264.2{110_COH1}	GCAGCTGAAC	AATTTGGTGA	TGAGCAAGTT	CATATTTGGC	GTCGTTTCATA
msa63264.2{110_H36B}	GCAGCTGAAC	AATTTGGTGA	TGAGCAAGTT	CATATTTGGC	GTCGTTTCATA
msa63264.2{110_JM9130013}	GCAGCTGAAC	AATTTGGTGA	TGAGCAAGTT	CATATTTGGC	GTCGTTTCATA
msa63264.2{110_M732}	GCAGCTGAAC	AATTTGGTGA	TGAGCAAGTT	CATATTTGGC	GTCGTTTCATA
msa63264.2{110_M781}	GCAGCTGAAC	AATTTGGTGA	TGAGCAAGTT	CATATTTGGC	GTCGTTTCATA
msa63264.2{110_A909}	GCAGCTGAAC	AATTTGGTGA	TGAGCAAGTT	CATATTTGGC	GTCGTTTCATA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa63264.2{110_090}	351				400
msa63264.2{110_1169NT}	TGATGTATTG	CCTCCAGATA	TGGCTAAAGA	TGATGAACAT	TCAGCACATA
msa63264.2{110_18RS21}	TGATGTATTG	CCTCCAGATA	TGGCTAAAGA	TGATGAACAT	TCAGCACATA
msa63264.2{110_2603}	TGATGTATTG	CCTCCAGATA	TGGCTAAAGA	TGATGAACAT	TCAGCACATA
msa63264.2{110_CJB110}	TGATGTATTG	CCTCCAGATA	TGGCTAAAGA	TGATGAACAT	TCAGCACATA
msa63264.2{110_COH1}	TGATGTATTG	CCTCCAGATA	TGGCTAAAGA	TGATGAACAT	TCAGCACATA
msa63264.2{110_H36B}	TGATGTATTG	CCTCCAGATA	TGGCTAAAGA	TGATGAACAT	TCAGCACATA
msa63264.2{110_JM9130013}	TGATGTATTG	CCTCCAGATA	TGGCTAAAGA	TGATGAACAT	TCAGCACATA
msa63264.2{110_M732}	TGATGTATTG	CCTCCAGATA	TGGCTAAAGA	TGATGAACAT	TCAGCACATA
msa63264.2{110_M781}	TGATGTATTG	CCTCCAGATA	TGGCTAAAGA	TGATGAACAT	TCAGCACATA
msa63264.2{110_A909}	TGATGTATTG	CCTCCAGATA	TGGCTAAAGA	TGATGAACAT	TCAGCACATA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa63264.2{110_090}	401				450
msa63264.2{110_1169NT}	CTGATCGTCG	CTATGCTTCA	CTAGATGATT	CTGTTATTCC	AGATGCAGAA
msa63264.2{110_18RS21}	CTGATCGTCG	CTATGCTTCA	CTAGATGATT	CTGTTATTCC	AGATGCAGAA
msa63264.2{110_2603}	CTGATCGTCG	CTATGCTTCA	CTAGATGATT	CTGTTATTCC	AGATGCAGAA
msa63264.2{110_CJB110}	CTGATCGTCG	CTATGCTTCA	CTAGATGATT	CTGTTATTCC	AGATGCAGAA
msa63264.2{110_COH1}	CTGATCGTCG	CTATGCTTCA	CTAGATGATT	CTGTTATTCC	AGATGCAGAA
msa63264.2{110_H36B}	CTGATCGTCG	CTATGCTTCA	CTAGATGATT	CTGTTATTCC	AGATGCAGAA
msa63264.2{110_JM9130013}	CTGATCGTCG	CTATGCTTCA	CTAGATGATT	CTGTTATTCC	AGATGCAGAA
msa63264.2{110_M732}	CTGATCGTCG	CTATGCTTCA	CTAGATGATT	CTGTTATTCC	AGATGCAGAA
msa63264.2{110_M781}	CTGATCGTCG	CTATGCTTCA	CTAGATGATT	CTGTTATTCC	AGATGCAGAA
msa63264.2{110_A909}	CTGATCGTCG	CTATGCTTCA	CTAGATGATT	CTGTTATTCC	AGATGCAGAA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa63264.2{110_090}	451				500
msa63264.2{110_1169NT}	AACCTAAAAG	TTACTTTAGA	GCGTGCTCTT	CCTTTCGCGG	AAGATAAAAT
msa63264.2{110_18RS21}	AACCTAAAAG	TTACTTTAGA	GCGTGCTCTT	CCTTTCGCGG	AAGATAAAAT
msa63264.2{110_2603}	AACCTAAAAG	TTACTTTAGA	GCGTGCTCTT	CCTTTCGCGG	AAGATAAAAT
msa63264.2{110_CJB110}	AACCTAAAAG	TTACTTTAGA	GCGTGCTCTT	CCTTTCGCGG	AAGATAAAAT
msa63264.2{110_COH1}	AACCTAAAAG	TTACTTTAGA	GCGTGCTCTT	CCTTTCGCGG	AAGATAAAAT
msa63264.2{110_H36B}	AACCTAAAAG	TTACTTTAGA	GCGTGCTCTT	CCTTTCGCGG	AAGATAAAAT
msa63264.2{110_JM9130013}	AACCTAAAAG	TTACTTTAGA	GCGTGCTCTT	CCTTTCGCGG	AAGATAAAAT
msa63264.2{110_M732}	AACCTAAAAG	TTACTTTAGA	GCGTGCTCTT	CCTTTCGCGG	AAGATAAAAT
msa63264.2{110_M781}	AACCTAAAAG	TTACTTTAGA	GCGTGCTCTT	CCTTTCGCGG	AAGATAAAAT
msa63264.2{110_A909}	AACCTAAAAG	TTACTTTAGA	GCGTGCTCTT	CCTTTCGCGG	AAGATAAAAT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa63264.2{110_090}	501				550
msa63264.2{110_1169NT}	TGCTCCTGCT	CTTAAAGATG	GTA AAAATGT	GTTTGTGGT	GCACACGGTA
msa63264.2{110_18RS21}	TGCTCCTGCT	CTTAAAGATG	GTA AAAATGT	GTTTGTGGT	GCACACGGTA
msa63264.2{110_2603}	TGCTCCTGCT	CTTAAAGATG	GTA AAAATGT	GTTTGTGGT	GCACACGGTA
msa63264.2{110_CJB110}	TGCTCCTGCT	CTTAAAGATG	GTA AAAATGT	GTTTGTGGT	GCACACGGTA
msa63264.2{110_COH1}	TGCTCCTGCT	CTTAAAGATG	GTA AAAATGT	GTTTGTGGT	GCACACGGTA
msa63264.2{110_H36B}	TGCTCCTGCT	CTTAAAGATG	GTA AAAATGT	GTTTGTGGT	GCACACGGTA
msa63264.2{110_JM9130013}	TGCTCCTGCT	CTTAAAGATG	GTA AAAATGT	GTTTGTGGT	GCACACGGTA
msa63264.2{110_M732}	TGCTCCTGCT	CTTAAAGATG	GTA AAAATGT	GTTTGTGGT	GCACACGGTA



Table 42: Comparative Sequences relating to SAG 0764

msa63264.2{110_M781}	TGCTCCTGCT	CTTAAAGATG	GTAAAAATGT	GTTTGTGGT	GCACACGGTA
msa63264.2{110_A909}	TGCTCCTGCT	CTTAAAGATG	GTAAAAATGT	GTTTGTGGT	GCACACGGTA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa63264.2{110_090}	ACTCAATCCG	TGCTCTTGTA	AAACATATCA	AACAATTGTC	AGATGATGAA
msa63264.2{110_1169NT}	ACTCAATCCG	TGCTCTTGTA	AAACATATCA	AACAATTGTC	AGATGATGAA
msa63264.2{110_18RS21}	ACTCAATCCG	TGCTCTTGTA	AAACATATCA	AACAATTGTC	AGATGATGAA
msa63264.2{110_2603}	ACTCAATCCG	TGCTCTTGTA	AAACATATCA	AACAATTGTC	AGATGATGAA
msa63264.2{110_CJB110}	ACTCAATCCG	TGCTCTTGTA	AAACATATCA	AACAATTGTC	AGATGATGAA
msa63264.2{110_COH1}	ACTCAATCCG	TGCTCTTGTA	AAACATATCA	AACAATTGTC	AGATGATGAA
msa63264.2{110_H36B}	ACTCAATCCG	TGCTCTTGTA	AAACATATCA	AACAATTGTC	AGATGATGAA
msa63264.2{110_JM9130013}	ACTCAATCCG	TGCTCTTGTA	AAACATATCA	AACAATTGTC	AGATGATGAA
msa63264.2{110_M732}	ACTCAATCCG	TGCTCTTGTA	AAACATATCA	AACAATTGTC	AGATGATGAA
msa63264.2{110_M781}	ACTCAATCCG	TGCTCTTGTA	AAACATATCA	AACAATTGTC	AGATGATGAA
msa63264.2{110_A909}	ACTCAATCCG	TGCTCTTGTA	AAACATATCA	AACAATTGTC	AGATGATGAA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa63264.2{110_090}	ATCATGGACG	TTGAAATTC	TAACTTCCCA	CCACTTGT	TCGAATTGA
msa63264.2{110_1169NT}	ATCATGGACG	TTGAAATTC	TAACTTCCCA	CCACTTGT	TCGAATTGA
msa63264.2{110_18RS21}	ATCATGGACG	TTGAAATTC	TAACTTCCCA	CCACTTGT	TCGAATTGA
msa63264.2{110_2603}	ATCATGGACG	TTGAAATTC	TAACTTCCCA	CCACTTGT	TCGAATTGA
msa63264.2{110_CJB110}	ATCATGGACG	TTGAAATTC	TAACTTCCCA	CCACTTGT	TCGAATTGA
msa63264.2{110_COH1}	ATCATGGACG	TTGAAATTC	TAACTTCCCA	CCACTTGT	TCGAATTGA
msa63264.2{110_H36B}	ATCATGGACG	TTGAAATTC	TAACTTCCCA	CCACTTGT	TCGAATTGA
msa63264.2{110_JM9130013}	ATCATGGACG	TTGAAATTC	TAACTTCCCA	CCACTTGT	TCGAATTGA
msa63264.2{110_M732}	ATCATGGACG	TTGAAATTC	TAACTTCCCA	CCACTTGT	TCGAATTGA
msa63264.2{110_M781}	ATCATGGACG	TTGAAATTC	TAACTTCCCA	CCACTTGT	TCGAATTGA
msa63264.2{110_A909}	ATCATGGACG	TTGAAATTC	TAACTTCCCA	CCACTTGT	TCGAATTGA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa63264.2{110_090}	TGAAAAAATTA	AACCTTGTTT	CAGAATATTA	CTTAGGTAAA	
msa63264.2{110_1169NT}	TGAAAAAATTA	AACCTTGTTT	CAGAATATTA	CTTAGGTAAA	
msa63264.2{110_18RS21}	TGAAAAAATTA	AACCTTGTTT	CAGAATATTA	CTTAGGTAAA	
msa63264.2{110_2603}	TGAAAAAATTA	AACCTTGTTT	CAGAATATTA	CTTAGGTAAA	
msa63264.2{110_CJB110}	TGAAAAAATTA	AACCTTGTTT	CAGAATATTA	CTTAGGTAAA	
msa63264.2{110_COH1}	TGAAAAAATTA	AACCTTGTTT	CAGAATATTA	CTTAGGTAAA	
msa63264.2{110_H36B}	TGAAAAAATTA	AACCTTGTTT	CAGAATATTA	CTTAGGTAAA	
msa63264.2{110_JM9130013}	TGAAAAAATTA	AACCTTGTTT	CAGAATATTA	CTTAGGTAAA	
msa63264.2{110_M732}	TGAAAAAATTA	AACCTTGTTT	CAGAATATTA	CTTAGGTAAA	
msa63264.2{110_M781}	TGAAAAAATTA	AACCTTGTTT	CAGAATATTA	CTTAGGTAAA	
msa63264.2{110_A909}	TGAAAAAATTA	AACCTTGTTT	CAGAATATTA	CTTAGGTAAA	
Consensus	*****	*****	*****	*****	
SEQ ID NO. 4212: 2603 V/R STRAIN					
VKLVFARHGESEWNKANLFTGWADVDLSEKGTQQAIDAGKLIQAAGIEFDLAFTSVLKRA					
IKTTNLALAAADQLWVPVEKSWRLNERHYGGLTGKNKAAEABQFGDEQVHIWRRSYDVL					
PDMAKDDEHSAHTDRRYASLDSDVI PDAENLKVTLERALPFWEDKIAPALKDGNVFPVGA					
HGNSIRALVKHIKQLSDDEIMDVEI PNFPLVFEFDEKLNLVSEYYLGK					
SEQ ID NO. 4213: 090 STRAIN					
VKLVFARHGESEWNKANLFTGWADVDLSEKGTQQAIDAGKLIQAAGIEFDLAFTSVLKRA					
IKTTNLALAAADQLWVPVEKSWRLNERHYGGLTGKNKAAEABQFGDEQVHIWRRSYDVL					
PDMAKDDEHSAHTDRRYASLDSDVI PDAENLKVTLERALPFWEDKIAPALKDGNVFPVGA					
HGNSIRALVKHIKQLSDDEIMDVEI PNFPLVFEFDEKLNLVSEYYLGK					
SEQ ID NO. 4214: A909 STRAIN					
VKLVFARHGESEWNKANLFTGWADVDLSEKGTQQAIDAGKLIQAAGIEFDLAFTSVLKRA					
IKTTNLALAAADQLWVPVEKSWRLNERHYGGLTGKNKAAEABQFGDEQVHIWRRSYDVL					
PDMAKDDEHSAHTDRRYASLDSDVI PDAENLKVTLERALPFWEDKIAPALKDGNVFPVGA					
HGNSIRALVKHIKQLSDDEIMDVEI PNFPLVFEFDEKLNLVSEYYLGK					
SEQ ID NO. 4215: H36B STRAIN					
VKLVFARHGESEWNKANLFTGWADVDLSEKGTQQAIDAGKLIQAAGIEFDLAFTSVLKRA					
IKTTNLALAAADQLWVPVEKSWRLNERHYGGLTGKNKAAEABQFGDEQVHIWRRSYDVL					
PDMAKDDEHSAHTDRRYASLDSDVI PDAENLKVTLERALPFWEDKIAPALKDGNVFPVGA					
HGNSIRALVKHIKQLSDDEIMDVEI PNFPLVFEFDEKLNLVSEYYLGK					
SEQ ID NO. 4216: 18RS21 STRAIN					
VKLVFARHGESEWNKANLFTGWADVDLSEKGTQQAIDAGKLIQAAGIEFDLAFTSVLKRA					
IKTTNLALAAADQLWVPVEKSWRLNERHYGGLTGKNKAAEABQFGDEQVHIWRRSYDVL					
PDMAKDDEHSAHTDRRYASLDSDVI PDAENLKVTLERALPFWEDKIAPALKDGNVFPVGA					
HGNSIRALVKHIKQLSDDEIMDVEI PNFPLVFEFDEKLNLVSEYYLGK					
SEQ ID NO. 4217: M732 STRAIN					
VKLVFARHGESEWNKANLFTGWADVDLSEKGTQQAIDAGKLIQAAGIEFDLAFTSVLKRA					
IKTTNLALAAADQLWVPVEKSWRLNERHYGGLTGKNKAAEABQFGDEQVHIWRRSYDVL					
PDMAKDDEHSAHTDRRYASLDSDVI PDAENLKVTLERALPFWEDKIAPALKDGNVFPVGA					
HGNSIRALVKHIKQLSDDEIMDVEI PNFPLVFEFDEKLNLVSEYYLGK					
SEQ ID NO. 4218: COH1 STRAIN					

Table 42: Comparative Sequences relating to SAG 0764

VKLVPFARHGESEWNKANLFTGWADVDLSEKGTQQAIDAGKLIQAAGIEFDLAFTSVLKRA  
IKITNLALEAADQLWVPVEKSWRLNERHYGGLTGKNKAEAAEQFGDEQVHIWRRSYDVLFP  
PDMAKDDEHSAHTDRRYASLDDSVIPDAENLKVTTLERALPFWEDKIAPALKDGNVFPVGA  
HGNSIRALVKHIKQLSDDEIMDVEIPNFPPLVFEFDEKLNLVSEYTLGK

## SEQ ID NO. 4219: CJB110 STRAIN

VKLVPFARHGESEWNKANLFTGWADVDLSEKGTQQAIDAGKLIQAAGIEFDLAFTSVLKRA  
IKITNLALEAADQLWVPVEKSWRLNERHYGGLTGKNKAEAAEQFGDEQVHIWRRSYDVLFP  
PDMAKDDEHSAHTDRRYASLDDSVIPDAENLKVTTLERALPFWEDKIAPALKDGNVFPVGA  
HGNSIRALVKHIKQLSDDEIMDVEIPNFPPLVFEFDEKLNLVSEYTLGK

## SEQ ID NO. 4220: 1169NT STRAIN

VKLVPFARHGESEWNKANLFTGWADVDLSEKGTQQAIDAGKLIQAAGIEFDLAFTSVLKRAIKT  
TNLALAAADQLWVPVEKSWRLNERHYGGLTGKNKAEAAEQFGDEQVHIWRRSYDVLFP  
PDMAKDDEHSAHTDRRYASLDDSVIPDAENLKVTTLERALPFWEDKIAPALKDGNVFPVGA  
HGNSIRALVKHIKQLSDDEIMDVEIPNFPPLVFEFDEKLNLVSEYTLGK

## SEQ ID NO. 4221: M781 STRAIN

VKLVPFARHGESEWNKANLFTGWADVDLSEKGTQQAIDAGKLIQAAGIEFDLAFTSVLKRA  
IKITNLALEAADQLWVPVEKSWRLNERHYGGLTGKNKAEAAEQFGDEQVHIWRRSYDVLFP  
PDMAKDDEHSAHTDRRYASLDDSVIPDAENLKVTTLERALPFWEDKIAPALKDGNVFPVGA  
HGNSIRALVKHIKQLSDDEIMDVEIPNFPPLVFEFDEKLNLVSEYTLGK

## SEQ ID NO. 4222: JM9130013 STRAIN

VKLVPFARHGESEWNKANLFTGWADVDLSEKGTQQAIDAGKLIQAAGIEFDLAFTSVLKRA  
IKITNLALEAADQLWVPVEKSWRLNERHYGGLTGKNKAEAAEQFGDEQVHIWRRSYDVLFP  
PDMAKDDEHSAHTDRRYASLDDSVIPDAENLKVTTLERALPFWEDKIAPALKDGNVFPVGA  
HGNSIRALVKHIKQLSDDEIMDVEIPNFPPLVFEFDEKLNLVSEYTLGK

PRETTY of: /biotmp/msa70722.2(\*) March 10, 2003 09:33 ..

msa70722.2{110_090}	1	50
msa70722.2{110_18RS21}	1	50
msa70722.2{110_2603}	1	50
msa70722.2{110_A909}	1	50
msa70722.2{110_CJB110}	1	50
msa70722.2{110_COH1}	1	50
msa70722.2{110_H36B}	1	50
msa70722.2{110_JM9130013}	1	50
msa70722.2{110_M732}	1	50
msa70722.2{110_M781}	1	50
msa70722.2{110_1169NT}	1	50
Consensus	1	50
msa70722.2{110_090}	51	100
msa70722.2{110_18RS21}	51	100
msa70722.2{110_2603}	51	100
msa70722.2{110_A909}	51	100
msa70722.2{110_CJB110}	51	100
msa70722.2{110_COH1}	51	100
msa70722.2{110_H36B}	51	100
msa70722.2{110_JM9130013}	51	100
msa70722.2{110_M732}	51	100
msa70722.2{110_M781}	51	100
msa70722.2{110_1169NT}	51	100
Consensus	51	100
msa70722.2{110_090}	101	150
msa70722.2{110_18RS21}	101	150
msa70722.2{110_2603}	101	150
msa70722.2{110_A909}	101	150
msa70722.2{110_CJB110}	101	150
msa70722.2{110_COH1}	101	150
msa70722.2{110_H36B}	101	150
msa70722.2{110_JM9130013}	101	150
msa70722.2{110_M732}	101	150
msa70722.2{110_M781}	101	150
msa70722.2{110_1169NT}	101	150
Consensus	101	150
msa70722.2{110_090}	151	200
msa70722.2{110_18RS21}	151	200
msa70722.2{110_2603}	151	200
msa70722.2{110_A909}	151	200
msa70722.2{110_CJB110}	151	200
msa70722.2{110_COH1}	151	200
msa70722.2{110_H36B}	151	200
msa70722.2{110_JM9130013}	151	200
msa70722.2{110_M732}	151	200

Table 42: Comparative Sequences relating to SAG 0764

msa70722.2{110_M781}	LKVTILERALP	FWEDKIAPAL	KDGKNVFGA	HGNSIRALVK	HIKQLSDDEI
msa70722.2{110_1169NT}	LKVTILERALP	FWEDKIAPAL	KDGKNVFGA	HGNSIRALVK	HIKQLSDDEI
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
	201		229		
msa70722.2{110_090}	MDVEIPNFPP	LVFEFDEKLN	LVSEYYLGK		
msa70722.2{110_18RS21}	MDVEIPNFPP	LVFEFDEKLN	LVSEYYLGK		
msa70722.2{110_2603}	MDVEIPNFPP	LVFEFDEKLN	LVSEYYLGK		
msa70722.2{110_A909}	MDVEIPNFPP	LVFEFDEKLN	LVSEYYLGK		
msa70722.2{110_CJB110}	MDVEIPNFPP	LVFEFDEKLN	LVSEYYLGK		
msa70722.2{110_COH1}	MDVEIPNFPP	LVFEFDEKLN	LVSEYYLGK		
msa70722.2{110_H36B}	MDVEIPNFPP	LVFEFDEKLN	LVSEYYLGK		
msa70722.2{110_JM9130013}	MDVEIPNFPP	LVFEFDEKLN	LVSEYYLGK		
msa70722.2{110_M732}	MDVEIPNFPP	LVFEFDEKLN	LVSEYYLGK		
msa70722.2{110_M781}	MDVEIPNFPP	LVFEFDEKLN	LVSEYYLGK		
msa70722.2{110_1169NT}	MDVEIPNFPP	LVFEFDEKLN	LVSEYYLGK		
Consensus	*****	*****	*****		

Table 43: Comparative Sequences relating to SAG0079

## SEQ ID NO. 4301: 2603 V/R STRAIN

ATGAATCTTTTAATTATGGGTTTGCCTGGTGTCTGGTAAAGGTACTCAAGCAGCTAAGATC  
 GTTGAAGAATTTGGTGTGCTCAGATCTCAACAGGGGATATGTTCCGCGCGCAATGGCT  
 AATCAAAACCGAAATGGGACGTTTAGCTAAAAGTTATATTGATAAAGGTGAATTGGTTCCT  
 GATGAAGTAACAAACCGGATTTGTAAGAGCGCTTAGCTGAGGATGATATCGCAGAAAAA  
 GGTTTTCTTACTTGATGGATATCCACGTACTATTGAACAAGCACACGCTTAGATGCTACG  
 CTTGAAGAATCTAGGACTACGCTTAGATGGTGTATTAAATATAAAGTGGATCCATCATGT  
 CTTATAGAGCGTTGAGTGKTCGTATTATCAATCGTAAACTGGTGAACCTTCCACAAA  
 GTGTTCAACCCACCAGTAGATTATAAAGAAGAAGATTACTATCAACGTGAAGATGATAAG  
 CCTGAAACTGTCAACCGTCGCTGGACGTTAATATTGCTCAAGGAGAACCTATTCTTGAA  
 CACTATCGTAAGCTTGGTCTTGTACAGATATTGAAGGTAATCAAGAAATAACAGAAGTT  
 TTTGCAGATGTTGAAAAAGCGTTGCTAGAACTCAA

## SEQ ID NO. 4302: 090 STRAIN (reverse complement)

AATCTTTTAATTATGGGTTTGCCTGGTGTCTGGTAAAGGTACTCA  
 AGCAGCTTAAGATCGTTGAAGAATTTGGTGTGCTCAGATCTCAACAGGGGATATGTTCCG  
 CGCCGCAATGGCTAATCAAAACCGAAATGGGACGTTTAGCTAAAAGTTATATTGATAAAGG  
 TGAATTGGTTCCTGATGAAGTAACAAACCGGATTTGTAAGAGCGCTTAGCTGAGGATGA  
 TATCGCAGAAAAAGGTTTCTTACTTGATGGATATCCACGTACTATTGAACAAGCACACGC  
 CTTAGATGCTACGCTTGAAGAACTAGGACTACGCTTAGATGGTGTATTAAATATAAAGT  
 GGATCCATCATGTCTTATAGAGCGTTGAGTGGTGTGATTATCAATCGTAAACTGGTGA  
 AACTTTCCACAAAGTGTCAACCCACCAGTAGATTATAAAGAAGAAGATTACTATCAACG  
 TGAAGATGATAAGCCTGAAACTGTCAACCGTCGCTTGGACGTTAATATTGCTCAAGGAGA  
 ACCATTCTTGAACACTATCGTAAGCTTGGTCTTGTACAGATATTGAAGGTAATCAAGA  
 AATAACAGAAGTTTTCAGATGTTGAAAAAGCGTTG

## SEQ ID NO. 4303: 1169NT STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)

TGGTAAAGGGACTCAAGCAGCTAAGATTGTTGAAGAATTTGGTGTGTCGCACATCTCAAC  
 AGGGGATATGTTCCGCGCGCAATGGCTAATCAAAACCGAAATGGGACGTTTAGCTAAAAG  
 TTATATTGATAAAGGTGAATTGGTTCCTGATCAAGTAACAAACCGGATTTGTAAGAGCG  
 CTTAGCTGAGGATGATATCGCAGAAAAAGGTTTCTTACTTGATGGGATATCCACGTACTAT  
 TGAACAAGCACACGCTTAGATGCTACGCTTGAAGAAGTAGGACTACGCTTAGATGGTGT  
 TATTAAATATAAAGTGGATCCATCATGTCTTATAGAGCGTTGAGTGGTGTGATTATCAA  
 TCGTAAACTGTGTAACCTTCCACAAAGTGTCAACCCACCAGTAGATTATAAAGAAGA  
 AGATTACTATCAACGTGAAGATGATAAGCCTGAAACTGTCAACCGTCGCTTGGACGTTCA  
 TATTGCTCAAGGAGAACCTATTCTTGAACACTATAGTAAGCTTGGCCTTGTACAGATAT  
 TGAAGGTAATCAAGAAATAA

## SEQ ID NO. 4304: 18RS21 STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)

AATCTTTTAACACCGGTTTGCCTGGTGTCTGGTAAAGGTACTCAAGCAGCTAAGATCG  
 TTGAAGAATTTGGTGTGCTCAGATCTCAACAGGGGATATGTTCCGCGCGCAATGGCTA  
 ATCAAAACCGAAATGGGACGTTTAGCTAAAAGTTATATTGATAAAGGTGAATTGGTTCCTG  
 ATGAAGTAACAAACCGGATTTGTAAGAGCGCTTAGCTGAGGATGATATCGCAGAAAAAG  
 GTTTTCTTACTTGATGGATATCCACGTACTATTGAACAAGCACACGCTTAGATGCTACGC  
 TTGAAGAATCTAGGACTACGCTTAGATGGTGTATTAAATATAAAGTGGATCCATCATGTCT  
 TTATAGAGCGTTGAGTGGTGTGATTATCAATCGTAAACTGGTGAACCTTCCACAAAG  
 TGTTCAACCCACCAGTAGATTATAAAGAAGAAGATTACTATCAACGTGAAGATGATAAGC  
 CTGAAACTGTCAACCGTCGCTTGGACGTTAATATTGCTCAAGGAGAACCTATTCTTGAAC  
 ACTATCGTAAGCTTGGTCTTGTACAGATATTGAAGGTAATCAAGAAATAACAGAAGTTT  
 TTGCAGATGTTGAAAAAGCGTTG

## SEQ ID NO. 4305: A909 STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)

AATCTTTTAATTATGGGTTTGCCTGGTGTCTGGTAAAGGTACTCAAGCAG  
 CTAAGATCGTTGAAGAATTTGGTGTGCTCAGATCTCAACAGGGGATATGTTCCGCGCGCG  
 CAATGGCTAATCAAAACCGAAATGGGACGTTTAGCTAAAAGTTATATTGATAAAGGTGAAT  
 TGGTTCCTGATGAAGTAACAAACCGGATTTGTAAGAGCGCTTAGCTGAGGATGATATCG  
 CAGAAAAAGGTTTCTTACTTGATGGATATCCACGTACTATTGAACAAGCACACGCTTAG  
 ATGCTACGCTTGAAGAAGTAGGACTACGCTTAGATGGTGTATTAAATATAAAGTGGATC  
 CATCATGTCTTATAGAGCGTTGAGTGGTGTGATTATCAATCGTAAACTGGTGAACCTT  
 TCCACAAAGTGTCAACCCACCAGTAGATTATAAAGAAGAAGATTACTATCAACGTGAAG  
 ATGATAAGCTGAACCTGTCAACCGTCGCTTGGACGTTAATATTGCTCAAGGAGAACCTA  
 TTCTTGAACACTATCGAAAGCTTGGTCTTGTACAGATATTGAAGGTAAT

## SEQ ID NO. 4306: CJB110 STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)

AATCTTTTAACACCGGTTTGCCTGGTGTCTGGTAAAGGTACTCAAGCAGCTAA  
 GATCGTTGAAGAATTTGGTGTGCTCAGATCTCAACAGGGGATATGTTCCGCGCGCGCAAT  
 GGCTAATCAAAACCGAAATGGGACGTTTAGCTAAAAGTTATATTGATAAAGGTGAATTGGT  
 TCCTGATGAAGTAACAAACCGGATTTGTAAGAGCGCTTAGCTGAGGATGATATCGCAGA  
 AAAAGGTTTCTTACTTGATGGATATCCACGTACTATTGAACAAGCACACGCTTAGATGC  
 TACGCTTGAAGAAGTAGGACTACGCTTAGATGGTGTATTAAATATAAAGTGGATCCATC  
 ATGCTCTTATAGAGCGTTGAGTGGTGTGATTATCAATCGTAAACTGGTGAACCTTCCA  
 CAAAGTGTCAACCCACCAGTAGATTATAAAGAAGAAGATTACTATCAACGTGAAGATGA  
 TAAGCCTGAACCTGTCAACCGTCGCTTGGACGTTAATATTGCTCAAGGAGAACCTATTCT  
 TGAACACTATAG

## SEQ ID NO. 4307: COH1 STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)

ATCTTTTAATTATGGGTTTGCCTGGTGTCTGGTAAAGGTACTCAAGCAGCTAAGATTGTTG  
 AAGAATTTGGTGTGCTCAGATCTCAACAGGGGATATGTTCCGCGCGCGCAATGGCTAATC  
 AAACCCAAATGGGACGTTTAGCTAAAAGTTATATTGATAAAGGTGAATTGGTTCCTGATG  
 AAGTAACAAACCGGATTTGTAAGAGCGCTTAGCTGAGGATGATATCGCAGAAAAAGGTT  
 TTTTACTTGATGGATATCCACGTACTATTGAGCAAGCACACGCTTAGATGCTACGCTTG  
 AAGAATCTAGGACTACGCTTAGATGGTGTATTAAATATAAAGTGGATCCACATGCCTTA  
 TAGAGCGTTTGAAGTGGCGGTATTATCAATCGTAAACTGGTGAACCTTCCACAAAGTGT

Table 43: Comparative Sequences relating to SAG0079

TCAACCCACAGTAGATTATAAAGAAGAAGATTACTATCAACGTGAAGATGATAAGCCTG  
AAACTGTCAAACGTCGCTTGGACGTTAATATTGCTCAAGGAGAACCTATTCTTGAACACT  
ATCGTAAGCTTGGTCTTGTGTACAGATATTGAAGGTAATCAAGAAATAACAGAAGTTTTTG  
CAGATGTTGAAAAAGCGTTG

## SEQ ID NO. 4308: H36B STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)

CAGGGGATATGTTCCGCGCGCAATGGCTAATCAAACCGAAATGGGACGTTTAGCTAAAA  
GTTATATTGATAAAGGTGAATTTGGTTCCTGATGAAGTAACAAACGGGATTGTAAAAGAGC  
GCTTAGCTGAGGATGATATCGCAGAAAAAGGTTTTTACTTGTGATGATATCCACGTACTA  
TTGAACAAGCACAACGCTTAGATGCTACGCTTGAAGAACTAGGACTACGCTTAGATGGTG  
TTATTAATATTAAAGTGGATCCATCATGTCTTATAGACGTTTGTAGTGGTGGTATTATCA  
ATCGTAAAACCTGGTGAACCTTTCCACAAAGTGTCAACCCACCACTAGATTATAAAGAAG  
AAGATTACTATCAACGTGAAGATGATAAGCCTGAAACCTGTCAAACGTGCTTGGACGTTA  
ATATTGCTCAAGGAGAACTATTCTTGAACACTATCGTAAGCTTGGTCTTGTTCAGATA  
TTGAAGGTAATCAAGAAATAACAGAAGTTTTTGAGATGTTGAAAAAGCGTTG

## SEQ ID NO. 4309: JM9130013 STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)

AATCTTTTAATTATGGGTTTGCTGGTGGTGGTAAAGGT  
ACTCAAGCAGCTAAGATCGTTGAAGAATTGGTGTGCTCACATCTCAACAGGGGATATG  
TTCGCGCGCGCAATGGCTAATCAAACCGAAATGGGACGTTTAGCTAAAAAGTTATATTGAT  
AAAGGTGAATTTGGTTCCTGATGAAGTAACAAACGGGATTGTAAAAGAGCGCTTAGCTGAG  
GATGATATCGCAGAAAAAGGTTTTTACTTGTGATGATATCCACGTACTATTGAACAAGCA  
CAGCCTTAGATGCTACGCTTGAAGAACTAGGACTACGCTTAGATGGTGGTATTATTAATATT  
AAAGTGGATCCCATCATGTCTTATAGAGCGTTTGTAGTGGTGGTATTATCAATCGTAAAACT  
GGTGAACCTTTCCACAAAGTGTCAACCCACCACTAGATTATAAAGAAGAAGATTACTAT  
CAACGTGAAGATGATAAAGCCTGAAACCTGTTAAACGTCGCTTGGACGTTAATATTGCTCAA  
GGAGAACCTATTCTTGAACACTATAAAAAGCTTGGTCTTGTTCAGATATTGAAGGTAAT  
CA

## SEQ ID NO. 4310: M732 STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)

CTTTTAATTATGGGTTTGCTGGTGGTAAAGGTACTCAAGCAGCTAAGATTGTTGAA  
GAATTTGGTGTGCTCACATCTCAACAGGGGATATGTTCCGCGCGCAATGGCTAATCAA  
ACCCAAATGGGACGTTTAGCTAAAAAGTTATATTGATAAAGGTGAATTTGGTTCCTGATGAA  
GTAACAAACGGGATTGTAAAAGAGCGCTTAGCTGAGGATGATATCGCAGAAAAAGGTTTTT  
TTACTTGTGATGATATCCACGTACTATTGAGCAAGCACAACGCTTAGATGCTACGCTTGAA  
GAACCTAGGACTACGCTTAGATGGTGGTATTATTAATATTAAAGTGGATCCAACATGCCTTATA  
GAGCGTTTGTAGTGGCGCTATTATCAATCGTAAAACTGGTGAACCTTTCCACAAAGTGTTC  
AACCACCACTAGATTATAAAGAAGAAGATTACTATCAACGTGAAGATGATAAGCCTGAA  
ACTGTCAAACGTCGCTTGGACGTTAATATTGCTCAAGGAGAACCTATTCTTGAACACTAT  
CGTAAGCTTGGTCTTGTTCAGATATTGAAGGTAATCAAGAAATAACAGAAGTTTTTGCA  
GATGTTGAAAAAGCGTTG

## SEQ ID NO. 4311: M781 STRAIN (REVERSE COMPLEMENT)

AATCTTTTAATTACGGGTTTGCTGGTGGTAAAGGTACTCAA  
GCAGCTAAGATTGTTGAAGAATTGGTGTGCTCACATCTCAACAGGGGATATGTTCCGCG  
GCCGCAATGGCTAATCAAACCCAAATGGGACGTTTAGCTAAAAAGTTATATTGATAAAGGT  
GAATTTGGTTCCTGATGAAGTAACAAACGGGATTGTAAAAGAGCGCTTAGCTGAGGATGAT  
ATCGCAGAAAAAGGTTTTTACTTGTGATGATATCCACGTACTATTGAGCAAGCACAACGCC  
TTAGATGCTACGCTTGAAGAACTAGGACTACGCTTAGATGGTGGTATTATTAATATTAAAGT  
GATCCAACATGCCTTATAGAGCGTTTGTAGTGGCGGTATTATCAATCGTAAAACTGGTGA  
ACTTTCCACAAAGTGTTCACCCACCACTAGATTATAAAGAAGAAGATTACTATCAACGT  
GAAGATGATAAGCCTGAAACCTGTCAAACGTCGCTTGGACGTTAATATTGCTCAA

## MSA Alignment Results: Pretty output

PRETTY of: /biotmp/msa25038.2(\*) April 17, 2002 08:53 ..  
PRETTY of: /biotmp/msa25229.2(\*) January 31, 2003 03:05 ..

	1				50
msa252229.2(114_COH1)	-----atcttt	taattatggg	tttgccctgg	gctggtaaag	gtactcaagc
msa252229.2(114_M732)	-----cttt	taattatggg	tttgccctgg	gctggtaaag	gtactcaagc
msa252229.2(114_M781)	---Aatcttt	taattacggg	tttgccctgg	gctggtaaag	gtactcaagc
msa252229.2(114_A909)	---Aatcttt	taattatggg	tttgccctgg	gctggtaaag	gtactcaagc
msa252229.2(114_JM9130013)	---Aatcttt	taattatggg	tttgccctgg	gctggtaaag	gtactcaagc
msa252229.2(114_CJB110)	---Aatcttt	taaccacggg	tttgcttgg	gctggtaaag	gtactcaagc
msa252229.2(114_090)	---Aatcttt	taattatggg	tttgccctgg	gctggtaaag	gtactcaagc
msa252229.2(114_2603)	atgAatcttt	taattatggg	tttgccctgg	gctggtaaag	gtactcaagc
msa252229.2(114_H36B)	-----	-----	-----	-----	-----
msa252229.2(114_18RS21)	---Aatcttt	taaccacggg	tttgccctgg	gctggtaaag	gtactcaagc
msa252229.2(114_1169NT)	-----	-----	-----	--tggtaaag	ggactcaagc
Consensus	****	-----	-----	-----	-----

  

	51				100
msa252229.2(114_COH1)	agctaagatt	gttgaagaat	ttgggtgttc	tcacatctca	aCAGGGGATA
msa252229.2(114_M732)	agctaagatt	gttgaagaat	ttgggtgttc	tcacatctca	aCAGGGGATA
msa252229.2(114_M781)	agctaagatt	gttgaagaat	ttgggtgttc	tcacatctca	aCAGGGGATA
msa252229.2(114_A909)	agctaagatt	gttgaagaat	ttgggtgttc	tcacatctca	aCAGGGGATA
msa252229.2(114_JM9130013)	agctaagatt	gttgaagaat	ttgggtgttc	tcacatctca	aCAGGGGATA
msa252229.2(114_CJB110)	agctaagatt	gttgaagaat	ttgggtgttc	tcacatctca	aCAGGGGATA
msa252229.2(114_090)	agctaagatt	gttgaagaat	ttgggtgttc	tcacatctca	aCAGGGGATA
msa252229.2(114_2603)	agctaagatt	gttgaagaat	ttgggtgttc	tcacatctca	aCAGGGGATA
msa252229.2(114_H36B)	-----	-----	-----	-----	-----
msa252229.2(114_18RS21)	agctaagatt	gttgaagaat	ttgggtgttc	tcacatctca	aCAGGGGATA
msa252229.2(114_1169NT)	agctaagatt	gttgaagaat	ttgggtgttc	gcacatctca	aCAGGGGATA

Table 43: Comparative Sequences relating to SAG0079

Consensus		-----				*****
		101				150
msa252229.2{114_COH1}		TGTTCCGCGC	CGCAATGGCT	AATCAAACCc	AAATGGGACG	TTTAGCTAAA
msa252229.2{114_M732}		TGTTCCGCGC	CGCAATGGCT	AATCAAACCc	AAATGGGACG	TTTAGCTAAA
msa252229.2{114_M781}		TGTTCCGCGC	CGCAATGGCT	AATCAAACCc	AAATGGGACG	TTTAGCTAAA
msa252229.2{114_A909}		TGTTCCGCGC	CGCAATGGCT	AATCAAACCg	AAATGGGACG	TTTAGCTAAA
msa252229.2{114_JM9130013}		TGTTCCGCGC	CGCAATGGCT	AATCAAACCg	AAATGGGACG	TTTAGCTAAA
msa252229.2{114_CJB110}		TGTTCCGCGC	CGCAATGGCT	AATCAAACCg	AAATGGGACG	TTTAGCTAAA
msa252229.2{114_090}		TGTTCCGCGC	CGCAATGGCT	AATCAAACCg	AAATGGGACG	TTTAGCTAAA
msa252229.2{114_2603}		TGTTCCGCGC	CGCAATGGCT	AATCAAACCg	AAATGGGACG	TTTAGCTAAA
msa252229.2{114_H36B}		TGTTCCGCGC	CGCAATGGCT	AATCAAACCg	AAATGGGACG	TTTAGCTAAA
msa252229.2{114_18RS21}		TGTTCCGCGC	CGCAATGGCT	AATCAAACCg	AAATGGGACG	TTTAGCTAAA
msa252229.2{114_1169NT}		TGTTCCGCGC	CGCAATGGCT	AATCAAACCg	AAATGGGACG	TTTAGCTAAA
Consensus		*****	*****	*****	*****	*****
		151				200
msa252229.2{114_COH1}		AGTTATATTG	ATAAAGGTGA	ATTGGTTCCT	GATgAAGTAA	CAAAACGGGAT
msa252229.2{114_M732}		AGTTATATTG	ATAAAGGTGA	ATTGGTTCCT	GATgAAGTAA	CAAAACGGGAT
msa252229.2{114_M781}		AGTTATATTG	ATAAAGGTGA	ATTGGTTCCT	GATgAAGTAA	CAAAACGGGAT
msa252229.2{114_A909}		AGTTATATTG	ATAAAGGTGA	ATTGGTTCCT	GATgAAGTAA	CAAAACGGGAT
msa252229.2{114_JM9130013}		AGTTATATTG	ATAAAGGTGA	ATTGGTTCCT	GATgAAGTAA	CAAAACGGGAT
msa252229.2{114_CJB110}		AGTTATATTG	ATAAAGGTGA	ATTGGTTCCT	GATgAAGTAA	CAAAACGGGAT
msa252229.2{114_090}		AGTTATATTG	ATAAAGGTGA	ATTGGTTCCT	GATgAAGTAA	CAAAACGGGAT
msa252229.2{114_2603}		AGTTATATTG	ATAAAGGTGA	ATTGGTTCCT	GATgAAGTAA	CAAAACGGGAT
msa252229.2{114_H36B}		AGTTATATTG	ATAAAGGTGA	ATTGGTTCCT	GATgAAGTAA	CAAAACGGGAT
msa252229.2{114_18RS21}		AGTTATATTG	ATAAAGGTGA	ATTGGTTCCT	GATgAAGTAA	CAAAACGGGAT
msa252229.2{114_1169NT}		AGTTATATTG	ATAAAGGTGA	ATTGGTTCCT	GATcAAGTAA	CAAAACGGGAT
Consensus		*****	*****	*****	***-*****	*****
		201				250
msa252229.2{114_COH1}		TGTAAAAGAG	CGCTTAGCTG	AGGATGATAT	CGCAGAAAAA	GGTTTTTTAC
msa252229.2{114_M732}		TGTAAAAGAG	CGCTTAGCTG	AGGATGATAT	CGCAGAAAAA	GGTTTTTTAC
msa252229.2{114_M781}		TGTAAAAGAG	CGCTTAGCTG	AGGATGATAT	CGCAGAAAAA	GGTTTTTTAC
msa252229.2{114_A909}		TGTAAAAGAG	CGCTTAGCTG	AGGATGATAT	CGCAGAAAAA	GGTTTTTTAC
msa252229.2{114_JM9130013}		TGTAAAAGAG	CGCTTAGCTG	AGGATGATAT	CGCAGAAAAA	GGTTTTTTAC
msa252229.2{114_CJB110}		TGTAAAAGAG	CGCTTAGCTG	AGGATGATAT	CGCAGAAAAA	GGTTTTTTAC
msa252229.2{114_090}		TGTAAAAGAG	CGCTTAGCTG	AGGATGATAT	CGCAGAAAAA	GGTTTTTTAC
msa252229.2{114_2603}		TGTAAAAGAG	CGCTTAGCTG	AGGATGATAT	CGCAGAAAAA	GGTTTTTTAC
msa252229.2{114_H36B}		TGTAAAAGAG	CGCTTAGCTG	AGGATGATAT	CGCAGAAAAA	GGTTTTTTAC
msa252229.2{114_18RS21}		TGTAAAAGAG	CGCTTAGCTG	AGGATGATAT	CGCAGAAAAA	GGTTTTTTAC
msa252229.2{114_1169NT}		TGTAAAAGAG	CGCTTAGCTG	AGGATGATAT	CGCAGAAAAA	GGTTTTTTAC
Consensus		*****	*****	*****	*****	*****
		251				300
msa252229.2{114_COH1}		TTGATGGaTA	TCCACGTACT	ATTGAgCAAG	CACACGCCIT	AGATGCTACG
msa252229.2{114_M732}		TTGATGGaTA	TCCACGTACT	ATTGAgCAAG	CACACGCCIT	AGATGCTACG
msa252229.2{114_M781}		TTGATGGaTA	TCCACGTACT	ATTGAgCAAG	CACACGCCIT	AGATGCTACG
msa252229.2{114_A909}		TTGATGGaTA	TCCACGTACT	ATTGAgCAAG	CACACGCCIT	AGATGCTACG
msa252229.2{114_JM9130013}		TTGATGGaTA	TCCACGTACT	ATTGAgCAAG	CACACGCCIT	AGATGCTACG
msa252229.2{114_CJB110}		TTGATGGaTA	TCCACGTACT	ATTGAgCAAG	CACACGCCIT	AGATGCTACG
msa252229.2{114_090}		TTGATGGaTA	TCCACGTACT	ATTGAgCAAG	CACACGCCIT	AGATGCTACG
msa252229.2{114_2603}		TTGATGGaTA	TCCACGTACT	ATTGAgCAAG	CACACGCCIT	AGATGCTACG
msa252229.2{114_H36B}		TTGATGGaTA	TCCACGTACT	ATTGAgCAAG	CACACGCCIT	AGATGCTACG
msa252229.2{114_18RS21}		TTGATGGaTA	TCCACGTACT	ATTGAgCAAG	CACACGCCIT	AGATGCTACG
msa252229.2{114_1169NT}		TTGATGGgTA	TCCACGTACT	ATTGAgCAAG	CACACGCCIT	AGATGCTACG
Consensus		*****	*****	*****	*****	*****
		301				350
msa252229.2{114_COH1}		CTTGAAGAAC	TAGGACTACG	CTTAGATGGT	GTTATTAAATA	TTAAAGTGGA
msa252229.2{114_M732}		CTTGAAGAAC	TAGGACTACG	CTTAGATGGT	GTTATTAAATA	TTAAAGTGGA
msa252229.2{114_M781}		CTTGAAGAAC	TAGGACTACG	CTTAGATGGT	GTTATTAAATA	TTAAAGTGGA
msa252229.2{114_A909}		CTTGAAGAAC	TAGGACTACG	CTTAGATGGT	GTTATTAAATA	TTAAAGTGGA
msa252229.2{114_JM9130013}		CTTGAAGAAC	TAGGACTACG	CTTAGATGGT	GTTATTAAATA	TTAAAGTGGA
msa252229.2{114_CJB110}		CTTGAAGAAC	TAGGACTACG	CTTAGATGGT	GTTATTAAATA	TTAAAGTGGA
msa252229.2{114_090}		CTTGAAGAAC	TAGGACTACG	CTTAGATGGT	GTTATTAAATA	TTAAAGTGGA
msa252229.2{114_2603}		CTTGAAGAAC	TAGGACTACG	CTTAGATGGT	GTTATTAAATA	TTAAAGTGGA
msa252229.2{114_H36B}		CTTGAAGAAC	TAGGACTACG	CTTAGATGGT	GTTATTAAATA	TTAAAGTGGA
msa252229.2{114_18RS21}		CTTGAAGAAC	TAGGACTACG	CTTAGATGGT	GTTATTAAATA	TTAAAGTGGA
msa252229.2{114_1169NT}		CTTGAAGAAC	TAGGACTACG	CTTAGATGGT	GTTATTAAATA	TTAAAGTGGA
Consensus		*****	*****	*****	*****	*****
		351				400
msa252229.2{114_COH1}		TCCaCATGc	CTTATAGAGC	GTTTGAGTGg	cCGTATTATC	AATCGTAAAA
msa252229.2{114_M732}		TCCaCATGc	CTTATAGAGC	GTTTGAGTGg	cCGTATTATC	AATCGTAAAA
msa252229.2{114_M781}		TCCaCATGc	CTTATAGAGC	GTTTGAGTGg	cCGTATTATC	AATCGTAAAA
msa252229.2{114_A909}		TCCatCATGt	CTTATAGAGC	GTTTGAGTGg	tCGTATTATC	AATCGTAAAA
msa252229.2{114_JM9130013}		TCCatCATGt	CTTATAGAGC	GTTTGAGTGg	tCGTATTATC	AATCGTAAAA
msa252229.2{114_CJB110}		TCCatCATGt	CTTATAGAGC	GTTTGAGTGg	tCGTATTATC	AATCGTAAAA
msa252229.2{114_090}		TCCatCATGt	CTTATAGAGC	GTTTGAGTGg	tCGTATTATC	AATCGTAAAA
msa252229.2{114_2603}		TCCatCATGt	CTTATAGAGC	GTTTGAGTGk	tCGTATTATC	AATCGTAAAA
msa252229.2{114_H36B}		TCCatCATGt	CTTATAGAGC	GTTTGAGTGg	tCGTATTATC	AATCGTAAAA
msa252229.2{114_18RS21}		TCCatCATGt	CTTATAGAGC	GTTTGAGTGg	tCGTATTATC	AATCGTAAAA

Table 43: Comparative Sequences relating to SAG0079

msa252229.2{114_1169NT}	TCCTATCATGt	CTTATAGAGC	GTTTGAGTCg	tCGTATTATC	AATCGTAAAA
Consensus	****-****	*****	*****	-*****	*****
msa252229.2{114_COH1}	401				450
msa252229.2{114_M732}	CTGGTGAAC	TTTCCACAAA	GTGTTCAACC	CACCACTAGA	TTATAAAGAA
msa252229.2{114_M781}	CTGGTGAAC	TTTCCACAAA	GTGTTCAACC	CACCACTAGA	TTATAAAGAA
msa252229.2{114_A909}	CTGGTGAAC	TTTCCACAAA	GTGTTCAACC	CACCACTAGA	TTATAAAGAA
msa252229.2{114_JM9130013}	CTGGTGAAC	TTTCCACAAA	GTGTTCAACC	CACCACTAGA	TTATAAAGAA
msa252229.2{114_CJB110}	CTGGTGAAC	TTTCCACAAA	GTGTTCAACC	CACCACTAGA	TTATAAAGAA
msa252229.2{114_090}	CTGGTGAAC	TTTCCACAAA	GTGTTCAACC	CACCACTAGA	TTATAAAGAA
msa252229.2{114_2603}	CTGGTGAAC	TTTCCACAAA	GTGTTCAACC	CACCACTAGA	TTATAAAGAA
msa252229.2{114_H36B}	CTGGTGAAC	TTTCCACAAA	GTGTTCAACC	CACCACTAGA	TTATAAAGAA
msa252229.2{114_18RS21}	CTGGTGAAC	TTTCCACAAA	GTGTTCAACC	CACCACTAGA	TTATAAAGAA
msa252229.2{114_1169NT}	CTGGTGAAC	TTTCCACAAA	GTGTTCAACC	CACCACTAGA	TTATAAAGAA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa252229.2{114_COH1}	451				500
msa252229.2{114_M732}	GAAGATTACT	ATCAACGTGA	AGATGATAAG	CCTGAAACTG	TcAAACGTCG
msa252229.2{114_M781}	GAAGATTACT	ATCAACGTGA	AGATGATAAG	CCTGAAACTG	TcAAACGTCG
msa252229.2{114_A909}	GAAGATTACT	ATCAACGTGA	AGATGATAAG	CCTGAAACTG	TcAAACGTCG
msa252229.2{114_JM9130013}	GAAGATTACT	ATCAACGTGA	AGATGATAAG	CCTGAAACTG	TcAAACGTCG
msa252229.2{114_CJB110}	GAAGATTACT	ATCAACGTGA	AGATGATAAG	CCTGAAACTG	TcAAACGTCG
msa252229.2{114_090}	GAAGATTACT	ATCAACGTGA	AGATGATAAG	CCTGAAACTG	TcAAACGTCG
msa252229.2{114_2603}	GAAGATTACT	ATCAACGTGA	AGATGATAAG	CCTGAAACTG	TcAAACGTCG
msa252229.2{114_H36B}	GAAGATTACT	ATCAACGTGA	AGATGATAAG	CCTGAAACTG	TcAAACGTCG
msa252229.2{114_18RS21}	GAAGATTACT	ATCAACGTGA	AGATGATAAG	CCTGAAACTG	TcAAACGTCG
msa252229.2{114_1169NT}	GAAGATTACT	ATCAACGTGA	AGATGATAAG	CCTGAAACTG	TcAAACGTCG
Consensus	*****	*****	*****	*****	*-*****
msa252229.2{114_COH1}	501				550
msa252229.2{114_M732}	CTTGGACGTT	aATATTGCTC	Aaggagaacc	tatttttgaa	cactatcgta
msa252229.2{114_M781}	CTTGGACGTT	aATATTGCTC	Aaggagaacc	tattcttgaa	cactatcgta
msa252229.2{114_A909}	CTTGGACGTT	aATATTGCTC	AA-----	-----	-----
msa252229.2{114_JM9130013}	CTTGGACGTT	aATATTGCTC	Aaggagaacc	tattcttgaa	cactatcgta
msa252229.2{114_CJB110}	CTTGGACGTT	aATATTGCTC	Aaggagaacc	tattcttgaa	cactatcgta
msa252229.2{114_090}	CTTGGACGTT	aATATTGCTC	Aaggagaacc	tattcttgaa	cactatcgta
msa252229.2{114_2603}	CTTGGACGTT	aATATTGCTC	Aaggagaacc	tattcttgaa	cactatcgta
msa252229.2{114_H36B}	CTTGGACGTT	aATATTGCTC	Aaggagaacc	tattcttgaa	cactatcgta
msa252229.2{114_18RS21}	CTTGGACGTT	aATATTGCTC	Aaggagaacc	tattcttgaa	cactatcgta
msa252229.2{114_1169NT}	CTTGGACGTT	aATATTGCTC	Aaggagaacc	tattcttgaa	cactatcgta
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa252229.2{114_COH1}	551				600
msa252229.2{114_M732}	agcttggtct	tggtacagat	attgaaggta	atcaagaaat	aacagaagtt
msa252229.2{114_M781}	agcttggtct	tggtacagat	attgaaggta	atcaagaaat	aacagaagtt
msa252229.2{114_A909}	agcttggtct	tggtacagat	attgaaggta	a-----	-----
msa252229.2{114_JM9130013}	agcttggtct	tggtacagat	attgaaggta	atca-----	-----
msa252229.2{114_CJB110}	agcttggtct	tggtacagat	attgaaggta	atcaagaaat	aacagaagtt
msa252229.2{114_090}	agcttggtct	tggtacagat	attgaaggta	atcaagaaat	aacagaagtt
msa252229.2{114_2603}	agcttggtct	tggtacagat	attgaaggta	atcaagaaat	aacagaagtt
msa252229.2{114_H36B}	agcttggtct	tggtacagat	attgaaggta	atcaagaaat	aacagaagtt
msa252229.2{114_18RS21}	agcttggtct	tggtacagat	attgaaggta	atcaagaaat	aacagaagtt
msa252229.2{114_1169NT}	agcttggtct	tggtacagat	attgaaggta	atcaagaaat	aa-----
Consensus	-----	-----	-----	-----	-----
msa252229.2{114_COH1}	601				636
msa252229.2{114_M732}	tttgcagatg	ttgaaaaagc	gttg-----	-----	-----
msa252229.2{114_M781}	tttgcagatg	ttgaaaaagc	gttg-----	-----	-----
msa252229.2{114_A909}	-----	-----	-----	-----	-----
msa252229.2{114_JM9130013}	-----	-----	-----	-----	-----
msa252229.2{114_CJB110}	-----	-----	-----	-----	-----
msa252229.2{114_090}	tttgcagatg	ttgaaaaagc	gttg-----	-----	-----
msa252229.2{114_2603}	tttgcagatg	ttgaaaaagc	gttgctagaa	ctcaaa	-----
msa252229.2{114_H36B}	tttgcagatg	ttgaaaaagc	gttg-----	-----	-----
msa252229.2{114_18RS21}	tttgcagatg	ttgaaaaagc	gttg-----	-----	-----
msa252229.2{114_1169NT}	tttgcagatg	ttgaaaaagc	gttg-----	-----	-----
Consensus	-----	-----	-----	*****	*****

## SEQ ID NO. 4312: 2603 V/R STRAIN

NNLLIMGLPGAGKGTQAAKIVEEFGVAHISTGDMFRAAMANQTEMRLAKSYIDKGELVP  
 EVTNGIVKERLAEDDIAEKGFLLDGYPRTEQAHALDATLEELGLRLDGVINIKVDPSC  
 LIERLSXRIINRKTGETPHKVFNPFPVDYKREDDYQREDDKPETVKRRRLDGVNIAQGEPILE  
 HYRKLGLVTDIEGNETTEVPADVEKALLEL

## SEQ ID NO. 4313: 090 STRAIN

NNLLIMGLPGAGKGTQAAKIVEEFGVAHISTGDMFRAAMANQTEMRLAKSYIDKGELVP  
 EVTNGIVKERLAEDDIAEKGFLLDGYPRTEQAHALDATLEELGLRLDGVINIKVDPSC  
 LIERLSXRIINRKTGETPHKVFNPFPVDYKREDDYQREDDKPETVKRRRLDGVNIAQGEPILE

Table 43: Comparative Sequences relating to SAG0079

YRKLGLVTDIEGNQETEVFADVEKALLELK

SEQ ID NO. 4314: 1169NT STRAIN  
GKGTQAAKIVEEFGVAHISTGDMFRAAMANQTEMGRLAKEYIDKGELVPDQVTNGIVKER  
LAEDDIAEKGFLLDGYPRTIEQAHALDATLEELGLRLDGVINIKVDPSCLEIRLSGRI IN  
RKTGETFHKVFNPFPVDYKEEDYYQREDDKPKETVKRRLDVHIAQGEPILEHYSKGLVTDI  
BGNQEI

SEQ ID NO. 4315: 18RS21 STRAIN  
NLLTTGSPGAGKGTQAAKIVEEFGVAHISTGDMFRAAMANQTEMGRLAKEYIDKGELVPD  
EVTNGIVKERLAEDDIAEKGFLLDGYPRTIEQAHALDATLEELGLRLDGVINIKVDPSCLE  
IRLSGRI INRKTGETFHKVFNPFPVDYKEEDYYQREDDKPKETVKRRLDVHIAQGEPILEH  
YRKLGLVTDIEGNQETEVFADVEKALLE

SEQ ID NO. 4316: A909 STRAIN  
NLLIMGLPGAGKGTQAAKIVEEFGVAHISTGDMFRAAMANQTEMGRLAKEYIDKGELVPD  
EVTNGIVKERLAEDDIAEKGFLLDGYPRTIEQAHALDATLEELGLRLDGVINIKVDPSCLE  
IRLSGRI INRKTGETFHKVFNPFPVDYKEEDYYQREDDKPKETVKRRLDVHIAQGESILEH  
YRKLGLVTDIEG

SEQ ID NO. 4317: A909 STRAIN  
NLLIMGLPGAGKGTQAAKIVEEFGVAHISTGDMFRAAMANQTEMGRLAKEYIDKGELVPD  
EVTNGIVKERLAEDDIAEKGFLLDGYPRTIEQAHALDATLEELGLRLDGVINIKVDPSCLE  
IRLSGRI INRKTGETFHKVFNPFPVDYKEEDYYQREDDKPKETVKRRLDVHIAQGESILEH  
YRKLGLVTDIEG

SEQ ID NO. 4318: CJB110 STRAIN  
NLLTTGLGAGKGTQAAKIVEEFGVAHISTGDMFRAAMANQTEMGRLAKEYIDKGELVPD  
EVTNGIVKERLAEDDIAEKGFLLDGYPRTIEQAHALDATLEELGLRLDGVINIKVDPSCLE  
IRLSGRI INRKTGETFHKVFNPFPVDYKEEDYYQREDDKPKETVKRRLDVHIAQGEPILEH  
Y

SEQ ID NO. 4319: COH1 STRAIN  
LLIMGLPGAGKGTQAAKIVEEFGVAHISTGDMFRAAMANQTEMGRLAKEYIDKGELVPD  
EVTNGIVKERLAEDDIAEKGFLLDGYPRTIEQAHALDATLEELGLRLDGVINIKVDPSCLE  
IRLSGRI INRKTGETFHKVFNPFPVDYKEEDYYQREDDKPKETVKRRLDVHIAQGEPILEH  
YRKLGLVTDIEGNQETEVFADVEKALLE

SEQ ID NO. 4320: H36B STRAIN  
GDMFRAAMANQTEMGRLAKEYIDKGELVPDEVTNGIVKERLAEDDIAEKGFLLDGYPRTIE  
QAHALDATLEELGLRLDGVINIKVDPSCLEIRLSGRI INRKTGETFHKVFNPFPVDYKEE  
DYYQREDDKPKETVKRRLDVHIAQGESILEHYRKLGLVTDIEGNQETEVFADVEKAL

SEQ ID NO. 4321: JN9130013 STRAIN  
NLLIMGLPGAGKGTQAAKIVEEFGVAHISTGDMFRAAMANQTEMGRLAKEYIDKGELVPD  
EVTNGIVKERLAEDDIAEKGFLLDGYPRTIEQAHALDATLEELGLRLDGVINIKVDPSCLE  
IRLSGRI INRKTGETFHKVFNPFPVDYKEEDYYQREDDKPKETVKRRLDVHIAQGEPILEH  
YRKLGLVTDIEGN

SEQ ID NO. 4322: M732 STRAIN  
LLIMGLPGAGKGTQAAKIVEEFGVAHISTGDMFRAAMANQTEMGRLAKEYIDKGELVPD  
EVTNGIVKERLAEDDIAEKGFLLDGYPRTIEQAHALDATLEELGLRLDGVINIKVDPSCLE  
IRLSGRI INRKTGETFHKVFNPFPVDYKEEDYYQREDDKPKETVKRRLDVHIAQGEPILEH  
YRKLGLVTDIEGNQETEVFADVEKALLELK

SEQ ID NO. 4323: M781 STRAIN  
NLLITGLPGAGKGTQAAKIVEEFGVAHISTGDMFRAAMANQTEMGRLAKEYIDKGELVPD  
EVTNGIVKERLAEDDIAEKGFLLDGYPRTIEQAHALDATLEELGLRLDGVINIKVDPSCLE  
IRLSGRI INRKTGETFHKVFNPFPVDYKEEDYYQREDDKPKETVKRRLDVHIAQ

## MSA Alignment Results: Pretty output

PRETTY of: /biotmp/msa32357.2(\*) April 17, 2002 09:17 ..

	1		50
msa252352.2{114_18RS21}	-nllttgpgg	agkgtqaaki	veefgvahis
msa252352.2{114_M781}	-nllitglpg	agkgtqaaki	veefgvahis
msa252352.2{114_CJB110}	-nllttglg	agkgtqaaki	veefgvahis
msa252352.2{114_090}	-nllimglpg	agkgtqaaki	veefgvahis
msa252352.2{114_JM9130013}	-nllimglpg	agkgtqaaki	veefgvahis
msa252352.2{114_A909}	-nllimglpg	agkgtqaaki	veefgvahis
msa252352.2{114_1169NT}	-----	-gkgtqaaki	veefgvahis
msa252352.2{114_2603}	mllimglpg	agkgtqaaki	veefgvahis
msa252352.2{114_COH1}	--llimglpg	agkgtqaaki	veefgvahis
msa252352.2{114_M732}	--llimglpg	agkgtqaaki	veefgvahis
msa252352.2{114_H36B}	-----	-----	-----
Consensus	*	-----	-----
	51		100
msa252352.2{114_18RS21}	SYIDKGELVP	DeVTNGIVKE	RLAEDDIAEK
msa252352.2{114_M781}	SYIDKGELVP	DeVTNGIVKE	RLAEDDIAEK
msa252352.2{114_CJB110}	SYIDKGELVP	DeVTNGIVKE	RLAEDDIAEK



Table 43: Comparative Sequences relating to SAG0079

msa252352.2{114_090}	SYIDKGELVP	DeVTNGIVKE	RLAEDDIAEK	GFLLDGYPR	IEQAHALDAT
msa252352.2{114_JM9130013}	SYIDKGELVP	DeVTNGIVKE	RLAEDDIAEK	GFLLDGYPR	IEQAHALDAT
msa252352.2{114_A909}	SYIDKGELVP	DeVTNGIVKE	RLAEDDIAEK	GFLLDGYPR	IEQAHALDAT
msa252352.2{114_1169NT}	SYIDKGELVP	DeVTNGIVKE	RLAEDDIAEK	GFLLDGYPR	IEQAHALDAT
msa252352.2{114_2603}	SYIDKGELVP	DeVTNGIVKE	RLAEDDIAEK	GFLLDGYPR	IEQAHALDAT
msa252352.2{114_COH1}	SYIDKGELVP	DeVTNGIVKE	RLAEDDIAEK	GFLLDGYPR	IEQAHALDAT
msa252352.2{114_M732}	SYIDKGELVP	DeVTNGIVKE	RLAEDDIAEK	GFLLDGYPR	IEQAHALDAT
msa252352.2{114_H36B}	SYIDKGELVP	DeVTNGIVKE	RLAEDDIAEK	GFLLDGYPR	IEQAHALDAT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa252352.2{114_18RS21}	LEELGLRLDG	VINIKVDPsC	LIERLSgRII	NRKTGETFHK	VFNPFPVDYKE
msa252352.2{114_M781}	LEELGLRLDG	VINIKVDpTc	LIERLSgRII	NRKTGETFHK	VFNPFPVDYKE
msa252352.2{114_CJB110}	LEELGLRLDG	VINIKVDPsC	LIERLSgRII	NRKTGETFHK	VFNPFPVDYKE
msa252352.2{114_090}	LEELGLRLDG	VINIKVDPsC	LIERLSgRII	NRKTGETFHK	VFNPFPVDYKE
msa252352.2{114_JM9130013}	LEELGLRLDG	VINIKVDPsC	LIERLSgRII	NRKTGETFHK	VFNPFPVDYKE
msa252352.2{114_A909}	LEELGLRLDG	VINIKVDPsC	LIERLSgRII	NRKTGETFHK	VFNPFPVDYKE
msa252352.2{114_1169NT}	LEELGLRLDG	VINIKVDPsC	LIERLSgRII	NRKTGETFHK	VFNPFPVDYKE
msa252352.2{114_2603}	LEELGLRLDG	VINIKVDPsC	LIERLSgRII	NRKTGETFHK	VFNPFPVDYKE
msa252352.2{114_COH1}	LEELGLRLDG	VINIKVDpTc	LIERLSgRII	NRKTGETFHK	VFNPFPVDYKE
msa252352.2{114_M732}	LEELGLRLDG	VINIKVDpTc	LIERLSgRII	NRKTGETFHK	VFNPFPVDYKE
msa252352.2{114_H36B}	LEELGLRLDG	VINIKVDPsC	LIERLSgRII	NRKTGETFHK	VFNPFPVDYKE
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa252352.2{114_18RS21}	EDYYQREDDK	PETVKRRLDV	nIAQgepile	hyrklglvtd	iegnqeitev
msa252352.2{114_M781}	EDYYQREDDK	PETVKRRLDV	nIAQ-----	-----	-----
msa252352.2{114_CJB110}	EDYYQREDDK	PETVKRRLDV	nIAQgepile	hy-----	-----
msa252352.2{114_090}	EDYYQREDDK	PETVKRRLDV	nIAQgepile	hyrklglvtd	iegnqeitev
msa252352.2{114_JM9130013}	EDYYQREDDK	PETVKRRLDV	nIAQgepile	hykklglvtd	iegn-----
msa252352.2{114_A909}	EDYYQREDDK	PETVKRRLDV	nIAQgesile	hyrklglvtd	ieg-----
msa252352.2{114_1169NT}	EDYYQREDDK	PETVKRRLDV	nIAQgepile	hysklglvtd	iegnqei---
msa252352.2{114_2603}	EDYYQREDDK	PETVKRRLDV	nIAQgepile	hyrklglvtd	iegnqeitev
msa252352.2{114_COH1}	EDYYQREDDK	PETVKRRLDV	nIAQgepile	hyrklglvtd	iegnqeitev
msa252352.2{114_M732}	EDYYQREDDK	PETVKRRLDV	nIAQgepile	hyrklglvtd	iegnqeitev
msa252352.2{114_H36B}	EDYYQREDDK	PETVKRRLDV	nIAQgesile	hyrklglvtd	iegnqeitev
Consensus	*****	*****	****-	-----	-----
msa252352.2{114_18RS21}	fadvekalle	--	201	212	
msa252352.2{114_M781}	-----	--			
msa252352.2{114_CJB110}	-----	--			
msa252352.2{114_090}	fadvekalle	LK			
msa252352.2{114_JM9130013}	-----	--			
msa252352.2{114_A909}	-----	--			
msa252352.2{114_1169NT}	-----	--			
msa252352.2{114_2603}	fadvekalle	LK			
msa252352.2{114_COH1}	fadvekall-	--			
msa252352.2{114_M732}	fadvekalle	LK			
msa252352.2{114_H36B}	fadvekal--	--			
Consensus	-----	**			

Table 44: Comparative Sequences relating to SAG0416 (strain inf highlighted in BOLD)

SEQ ID NO. 4401  
STRAIN 2603  
GTGGATAAACACTCACTCAAAAAAGGCTATTTTAAAGTTAACA  
CTTATAACAACACTAGTATTTTATTAAATGCATAGCAATCAAGTGAATGCAGAGGAGCAAGAA  
TTAAAAAACCAAGAGCAATCACCTGTAATTGCTAATGTGCTCAACAGCCATCGCCATCG  
GTAACACTACTAATCTGTTGAAAAACATCTGTAACAGCTGCTTCTGCTAGTAATACAGCG  
AAAGAAATGGGTGATACATCTGTAAAAAATGACAAAACAGAAAGATGAATTTATAGAAGAG  
TTATCTAAAAACCTTGATACGCTTAATTTGGGGGCTGATCTTGAAGAAGAATATCCCTCT  
AAACAGAGACAACCAACAATAAAGAAAGCAATGTAGTAACAATGCTTCAACTGCAATA  
GCACAGAAAGTTCCCTCAGCATATGAAGAGGTGAAGCCAGAAAGCAAGTCATCGCTTGCT  
GTTCTTGATACATCTAAATAACAAAAATTACAGCCATAACCAAGAGGAAAGGAAAT  
GTAGTAGCTATTATTGATACCTGGCTTTGATATTAACCATGATATTTTCTGTTAGATAGC  
CCAAAGATGATAAGCAGCTTTAAACTAAGACAGAATTTGAGGAATTAAGCAAAAA  
CATATATCACTTATGGGAAATGGGTTAACGATAAGATTGTTTTCACATACACTACGCC  
AACAAATACAGAAACGGTGGCTGATATTGCAGCAGCTATGAAAGATGGTTATGGTTACAGAA  
GCAAGAAATATTTGCGATGTTACACAGTTGCTGCTGATTTTGTAGGTAAATAGTAACGTT  
CCAGCAATCAATGGCTCTCTTTTAGAAGGTGCAGCGCCAAATGCTCAAGTCTTATTAAATG  
CGTATTCCAGATAAAATTTGATTCCGACAAATTTGGTGAAGCATATGCTAAAGCAATCACA  
GACGCTGTTAATCTAGGAGCAAAAAAGGATTAAATAGAGTATTTGAAAAACAGCTGATTCT  
TTAATTGCTCTCAATGTATAAAGTTAAATTAGCACTTAAATTAGCTTCTGAGAAGGGCGTT  
CGAGTTGTTGGGCTGCCGGAATGAAGGCGCAATTTGGTATGGATTATAGCAAAACCATTA  
TCAACTAATCTGACTACGCTACGGTAAATAGTCCAGCTATTTCTGAAGATACCTTTGAGT  
GTTGCTAGCTATGAATCACTTAAACTATCAGTGAGGTGCTGAAACAACTATTGAAAGT  
AAGTTAGTTAAGTTGGCGATTGTGACTTCTAAACCTTTTGACAAAGGTAAGGCTACGAT  
GTGGTTTATGCCAATTATGGTGCAAAAAAGACTTTGAAGGTAAGGACTTTAAAGGTAAG  
ATTGCATTAAATTGAGCGTGGTGGTGGACTTGATTTTATGACTAAATCACTCATGCTACA  
AATGCAGGTGTTGTTGGTATCGTTATTTTAAACGATCAGAAAAAAGCGTGAATTTTCTA  
ATTCTTACCGTGAATACCTGTGGGGATTTATAGTAAAGTAGATGGCGAGCGTATAAAA  
AATAGTTCAAGTCAATGCTTAAACATTTAACAGAGTTTGAAGTAGTTGATAGCCAAAGGTGGT  
AATCGTATGCTGGAACATCAAGTTGGGCGTGACAGCTGAAGGAGCAATCAAGCCTGAT  
GTAACAGCTTCTGGCTTTGAAATTTATTTCTTCAACCTATAATCAATACCAACCAATG  
TCTGGTACAAGTATGGCTTCCACCATGTTGCGAGGATTAATGACAAATGCTTCAAGTCAT  
TTGGCTGAGAAATATAAAGGGATGAATTTAGATTCTAAAAAATTTGCTAGAAATTTCTAAA  
AACATCTCTCATGAGCTCAGCAACAGCATTTATATAGTGAAGAGGATAAGGCGTTTATTCA  
CCAGCTCAGCAAGGTGCAAGGTGATGTTGATGCTGAAAAAGCTATCCAAGCTCAATATTAT  
ATTACTGGAACGATGGCAGCTAAAGCTAAATTAATCTCAACGAATGGGAGATAAATTTGAT  
ATCAGCTTACAATTCATAAACTTGTAGAAGGTGTCAAAGAAATTTGATTATCAAGCTAAT  
GTAGCAACAGAAAGTAAATAAAGGTAATTTGCCCTTAAACCAACAGCCTTGCTAGAT  
ACTAATTTGGCAGAAAGTAATTTCTGATGATAAAGAAACACAAGTTGATTTACTATTGAT  
GCTAGTCAATTTAGTCAGAAATTAAGAAGACAGATGGCAATGGTTATTTCTTAGAAGGT  
TTTGTACGTTTAAAGAAAGCAAGGATAGTAATCAGGAGTTAATGAGTATTCCTTTTGTA  
GGATTTAATGGTGATTTTGGCAACTTACAAGCACTTGAAACACCGATTTTATAAGACGCTT  
TCTAAGGTAGTTTCTACTATAAACCAATGATACAACTCATAAAGACCAATTTGAGTAC  
AATGAATCAGCTCCTTTTGAAGCAACAACTATACGCTTGTAAACCAATCAGCGTCT  
TGGGCTATGTTGATTTATGTCAAAAATGGTGGGGAGTTAGAAATAGCACCGGAGAGTCCA  
AAAAGAATTTATTTAGGAACCTTTGAGAATAAGGTTGAGGATAAAAAAATTTCTCTTTTG  
GAAAGAGATGCAAGCAATTAATCCATTTTGGCAATTTCTCCAATAAAGATGGAAATAGG  
GACGAATCACTCCCAAGCAACTTTCTTAAGAAATGTTAAGGATATTTCTGCTCAAGTT  
CTAGATCAAAATGGAAATGTTATTTGGCAAAGTAAGGTTTACCATCTTATCGTAAAAAT  
TTCCATAATATCCAAAGCAAGTATGTTGATTTATCGTATGATGCTCTTCTAGTGGAGT  
GGTTTAGATAAGGATGGCAAGTTGTAGCAGATGGTTTATTTACTTATCGCTTACGTTAC  
ACACAGTAGCAGAAAGGACAAATAGTCAGGAGTCAGACTTTAAAGTACAAGTAAGTACT  
AAGTACCAAAATCTTCCCTCACGAGCTCAGTTTGATGAAACTAATCGAACATTAAGCTTA  
GCCATGCTTAAGGAAAGTAGTTATGTTCTACATATCGTTTACAATTAGTTTATCTCAT  
GTTGTAAAGATGAAGAATATGGGATGAGACTTCTTACCATTATTTCCATATAGATCAA  
GAAGTAAAGTGACACTTCTTAAACGGTTAAGATAGGAGAGAGTGAGGTTGCGGTAGAC  
CCTAAGGCTTGGACACTGTTGTGGAAGATAAAGCTGGTAATTTGCAACCGGTAAAAATG  
TCTGATCTCTTGAATAAGGCAAGTATGATCAGAGAAAGAAACGCTATAGTAATTTCTAAC  
AGTTTCAAAATTTTGATACTTGAAGAAAGAACCTATGTTTATTTCTAAAAAGAAAAA  
GTAGTAAACAAGATCTAGAAGAAATAATATTAGTTAAGCGCAACTACAGTTACTACT  
CAATCATTTGCTAAGAAATAAATAAATCAGGAAATGAGAAAGTCTCACTTCTACAAAC  
AATAATAGTAGCAGAGTAGCTAAGATCATATCACCTAAACATAACGGGGATTTGTTAAC  
CATACCTTACCTAGTACATCAGATAGAGCAACGAATGGTCTATTGTTGGTACTTTGGCA  
TTGTTATCTAGTTTACTTCTTTATTGAAACCCAAAAAGACTAAAAATAATAGTAA

SEQ ID NO. 4402  
STRAIN 090  
GAGGAGCAAGAAATTAATAAACCAAGAGCAATCACCTGTAATTGCT  
AATGTTGCTCAACAGCCATCGCCATCGGTAACCTACTAATATTGTTGAAAA  
AACATCTGTAACAGCTGCTTCTGCTAGTAATACAGTGAAGAAATGGGTG  
ATACATCTGTAATAAATGACAAAACAGAAAGATGAATTAATAGAAGAGTTA  
TCTAAAAACCTTGATACGCTTAATTTGGGGGCTGATCTTGAAGAAGAATA  
TCCCTCTAAACAGAGCAACCAACAATAAAGAAAGCAATGTAGTAACAA  
ATGCTTCAACTGCAATAGCACAGAAAGTTCCCTCAGCGTATGAAGAGGTG  
AAGCCAGAAAGCAAGTCATCGCTTGCTGTTTGTGATACATCTAAAAAACA  
AAAATTTGCAAGCCATAACCAAGAGGAAAGGAAATGTAGTAGCTATTA  
TTGATACTGGCTTTGATATTAACCATGATATTTTGGTTAGATAGCCCA  
AAAGATGATAAGCAGCTTTAAACTAAGCAGAAATTCGAGGAATTA  
AGCAAAACATAATATCACTTATGGGAAATGGGTTAACGATAAGATTGTTT  
TTGACATAAATACGCCCAACAATACAGAAACGGTGGCTGATATTGACGCA  
GCTATGAAGAGTGGTTATGGGTGAGAAAGCAAGAAATTTGCGCATGGTAC  
ACAGTTGCTGATTTTGTAGGTAATAGTAACGTCAGCAATCAATGCT  
GTCTTCTTTTAGAAGGTGAGCGCCAAATGCTCAAGTCTTATTAAATGCGT

Table 44: Comparative Sequences relating to SAG0416 (strain info highlighted in BOLD)

ATTCCAGATAAAATTGATTCCGACAAATTTGGAGAAGCATATGCTAAAGC  
 AATCAGACAGCTGTtTAATCTAGGAGCAAAAaCGATTAAATATGAGCCTTG  
 GAAAAACAGCAGATTCTTTAAAttGCaCTCAATGATAAAGTTAAATTAGCA  
 CTTAAATTAGCTTCTGAGAAGGGCGTTGCAGTTGTTGGCTGCCGAAAA  
 TGAAGGTGCATTGGTATGGATTATAGCAAAACCATTATCAACTAATcCTG  
 ACTACGGTACGGTTAATAGTCCAGCTATTTCTGAAGATACTtTGAGTGT  
 GCTAGCTATGAATCACTTAAAACTATCAGTGAAGTTCGTTGAAACAACTAT  
 TGaaGGTAAgTTAGTTAAGTTGCGGATTGTGACTTCTAAACCTTTtGACA  
 AAGGTAAAGCCTACGATGTGGTTTATGCCAATATGGTGCaaaaaAGAC  
 TTTGAAGGTAAGGACTTTAAAGGTAAGATTGCATTAAAtGAGCGTGGtGG  
 TGGACTTGATTtTTATGACTAAaatCACTcATGCTACAAATGCAGtGTGTG  
 tTGGTATCGTtATTtTtLAACGAtCAAGaaaAACGtGGAAATTTtCTAATT  
 CCTTACCGTGAATTACCTGTGGGGTTATTAGTAAAGTAGATGGCGAGCG  
 TATAAAAAATACTTCAAGTCAGTTAAcATTAAcCAGAGTTTtGAAGTAG  
 TTGATAGCCCAAGGTGGCAATCGTATGCTGGAAcAATCAAGTTGGGGCGTG  
 ACAGCTGAAGGAGCAATCAAGCCTGATGTAAcAGCTTCTGGCTTTGAAAT  
 TTATTCTTCAACCTATAATTAATCAATACCAAAcAATGTCTGGTACAAGTA  
 TGCTTCCACCATGTtGTCAGGATTAAAGCAATGCTTCAAGTCATTtG  
 GCTGAGAAATATAAAGGGATGAATTTAgATTCTAAAAAATTGCTAGAATT  
 GTCTaaAAAAcATCCTCATGAGCTCAGCaCAGCATTTATATAGTgAAGAgG  
 ATAAGGCGTtTtATTCaCCAGCTCAGCAAGGtGCAGGtGTAGTTGATGCT  
 GAAAAAGCTATCCAGCTCAATATTATGTTACTGAAACAGATGGCAAGC  
 TAAAAATTAACTCAAAcGAGTGGGAGATAAATTTGATATCACAGTTACAA  
 TTCATAAACTTTGAGAAGGTGTCAAAGAAATGTATTATCAAGCTAATGTGA  
 GCAACAGAAcAGTAAATAAAGGTAATTTGCCCTTAAACCAcAAGCCTt  
 GCTAGATACTAATTGGCAGaaAGTAATTTCTtCGTATAAAGAAACACAAAG  
 TTcGATTACTATTGATGCTAGTCAATTAGTCAGAAATTAAGAAGACAG  
 ATGGCAAAATGGTTATTCTTAgAAGGTTTGTAGCTTTTAAAGAACCCAA  
 GGATAGLAATCAGGAGTTaaTGAGTATTCCTTtTGTAGGATtLAATGGTG  
 ATTTTGCGAACTTACAAGCACTTGAAACACCGATTATAAGACGCTTTCT  
 AAAGGTAGTTTCTACTATAAACCAAAATGATACAACTCATAAAGACCAATT  
 GGAGTACAATGAATCAGCTCCTTTTGAAGCAACAATACTACTGCCTTGT  
 TAACACAATCAGCGCTTGGGGCTATGTTGATTATGTCAAAATGGTGGG  
 GAGTTAGAATTAGCACCGGAgAGTcCAAAAAGAAATTATTTTAgGAACTTT  
 TGAGAATAAGGTTGAGGATAAAACAATTCATCTTTTGGAAAGAGATGCAG  
 CgAATAATCCATATTTTGCCATTTCTCCAAATTAAGATGGAAATAGGGAT  
 GAAATCACTCCCCAGGCAACTTTCTTAAGAAATGTTAAGGATATTCTGTC  
 TCAAGTTCTAGATCAAAATGGAAATGTTATTGGCAAGTAAGGTTTAC  
 CATCTTATCGTAAAAATTTCCATAATTAATCCAAGCAAGTGATGGTCAT  
 TATCGTATGGATGCCTTTCAGTGGAGTGGTTAGATAAGGATGGCAAGT  
 TGTAGCAGATGGTTTtTATACCTTATGCTACGTTACACACCAGTAGCAG  
 AAGGAGCAAAATAGTCAGGAGTCAGACTTAAAGTTCAAGTAAGTACTAAG  
 TCACCAAACTCTTCTTTACTAGCTCAGTTTGATGAACTTAATCGAACATT  
 AAGCTTAGCCATGCTAAGGAAAGTAGTTATGTTCTACATATCGTTTAC  
 AATTAGTTTATCTCATGTTGTAAGAGATGAAGAAATATGGGGATGAGACT  
 TCtTACCAATTATTTCCATATAGATCAAGAAGTAAAGTGACACTTCCTAA  
 AACGGTTAAGATAGGAGAGAGTGAAGTTGCAGTAGACCTTAAGGCCTTGA  
 CACTTGTGTGGAAGATAAAGCTGGTAATTTTGCAACGGTAAAAATGTCT  
 GACCTCTTGAATAAGGCAGTAGTATCAGAGAAAGAAACGCTATAGTAAT  
 TTCTAACAGTTTCAAATATTtTGATAACTTGAAAAAGAAATCTATGTTTA  
 TTTCTAAGAAGGAAAGTAGTAAACAAGAATCTAGAAGAAATAACATTA  
 GTTAAGCGCAAACTACAGTTACTACTCAATCAITGTCTAAAGAAATAAC  
 TAAATCAGAAATGAGAAAGTCTCACTTCTACAAACAATAATAGTAGCA  
 GAGTAGCTAAGATCATATCACCTAAACATAACGGGATTCTGTTAACCAT  
 ACC

SEQ ID NO. 4403

STRAIN A909

GAGGAGCAAGAAATTAaaaaACCAAGAGCAAT

CACCTGTAATTGCTAATGTGCTCAACAGCCATCGCCATCGGTAACTACT  
 AATACTGTTGAAAAAACATCTGTAAcATCTGCTTCTGCTAGTAATACAGC  
 GAAAGAAATGGGTGATACATCTGTAAAAATGACAAAACAGAAAGTGAAT  
 TATTAGAAGAGTTATCTAAAAACCTTGATAcGTCTAATTGGGGGCTGAT  
 CTTGAAGAAGAAATACCTCTTAAACAGAGACAAcCAcAATAAAGAAAG  
 CAATGTAGTAACAAATGCTTCAACTGCAATAGCAGAAAGTTCCCTCAG  
 CATATGAAGAGGTGAAGCCAGAAAGCAAGTCATCACTTGCTGTCTTGAT  
 ACATCTAAAAATAcAAAAATTGCAAGCCATAcCCAAAGGAAAGGGAAA  
 TGTAGTAGCTATTATTGATACTGGCTTTGATATTAAcCATGATATTtTTC  
 GTTTAGATAGCCAAAAGATgaTAAGCACAGCTTTAAaACTAAGGCAGAA  
 TTTGAGGAATTAAGAAGCAAAcATAATATCACTTATGGGAAATGGGTTAA  
 CGATAAGATTGTtTTTGACATAACTACGCCaaCAATACAGAAACGGTGG  
 CTGATATTGCAGCAGCTATGAAGAGTGGTTATGGGTGAGAAGCAAGAAAT  
 ATTTGCGATGGTACACAGTGTCTGGTATTtTGTAGGTAATAGTAAAGC  
 TCCAGCAATCAATGGTCTCTTTTGAAGGTTGAGCGCCAAATGCTCAAG  
 TCTTATTAAATGCGTATTCCAGATAAAATTGATTGGGCAAAATTTGGTGAA  
 GCATATGCTAAGCAATCACAGACGCTGTTAATCTAGGAGCAAAAACGAT  
 TAATATGAGCCCTTGAAAAACAGCAGATTCTTAAATTGCTCTCAATGATA  
 AAGTTAAATTAGCACTTAAATTAGCTTCTGAGAAGGGCGTTGCAGTTGTT  
 GTGGCTGCCGAAATGAAGGTGCATTGGTATGGATTATAGCAAAACCAAT  
 ATCAACTAATCCTGACTACGGTACGGTTAATAGTCCAGCTATTCTGAAG  
 ATACTTTGAGTGTGCTAGCTATGAATCACTTAAACTATCAGTGAAGTC  
 GTTGAAACAACATTGAAGGTAAGTTAGTTAAGTTGCCGATTGTGACTTC  
 TAAACCTTtTGACAAAGGTAAGGCCACGATGTGGTTTATGCCAATTATG

Table 44: Comparative Sequences relating to SAG0416 (strain info highlighted in BOLD)

GTGCAAAAAAGACTTTGAAGGTAAGGACTTTAAAGGTAAGATTGCATT  
 AATTGAGCGTGGTGGTGAATTGATTTTATGACTAAAACTCACTCATGCTA  
 CAAATGCAGGTGTTGTTGGTATCGTTATTTTAAAGATCAAGAAAAAGCT  
 GGAATTTTCTAATTCCTTACCGTGAATTACCTGTGGGGTTATTAGTAA  
 AGTAGATGGCGAGCGTATAAAAAATACCTCAAGTCAGTTAATCAATTTAACC  
 AGAGTTTGAAGTAGTTGATAGCCAAAGGTGGCAATCGTATGCTGGAACAA  
 TCAAGTTGGGGCGTGACAGCTGAAGGAGCAATCAAGCCTGATGTAAACAGC  
 TTCTGGCTTTGAAATTTATTTCTCAACCTATAATCAATCAACAAACAA  
 TGTCTGGTACAAGTATGGCTTACCACATGTTGCAGGATTAATGACAATG  
 CTTCAAGTCATTTGGCTGAGAAATATAAAGGGATGAATTTAGATTCTAA  
 AAAATTTGCTAGAAATTTGCTTAAAAACATCTCATGAGCTCAGCAACAGCAT  
 TATATAGTGAAGAGGATAAGGCGTTTATTTACCCAGCTCAGCAAGGTGCA  
 GGTGTAGTTGATGCTGAAAAAGCTATCCAAAGCTCAATATTTATGTTACTGG  
 AAACGATGGCAAGCTAAAAATTAATCTCAACGAGTGGGAGATAAATTTG  
 ATATCACAGTTACAATTCATAAACTTGTAGAAGGTGTCAAAGAAATGTAT  
 TATCAAGCTAATGTAGCAACAGAACTAAATAAAGGTAATTTGCGCT  
 TAAACCAAGCCTTGTCTAGATACTAATTTGGCAGAAAGTAATTTCTGCTG  
 ATAAAGAAACAAAGTTTCTGATTACTATGATTTCTAGTCAATTTAGTCAG  
 AAATTAAGAAACAGATGGCAATGGTTATTTCTAGAAGGTTTGTACG  
 TTTTAAAGAAAGCAAGGATAGTAAATCAGGAGTTAATGAGTATTCCTTTG  
 TAGGATTTAATGGTGATTTTGGCAACTTACAGCACTTGAACACCGATT  
 TATAAGACGCTTTCTAAAGGTAGTTTCTACTATAAACCAATGATACAC  
 TCATAAAGACCAATTGGAGTACAAATGAATCAGCTCCTTTTGAAGCAACA  
 ACTTACTGCTTGTAAACAAATCAGCGCTTGGGGCTATGTTGATTAT  
 GTCAAAATGGTGGGAGTTAGAATTAGCACCGGAGAGTCCAAAAAGAAAT  
 TATTTTAGGAACCTTTGAGAATAAGGTTGAGGATAAACCAATTCATCTTT  
 TGGAAAGAGATGCAGCGAATAATCCATATTTTGCCTTTTCCAAATAAA  
 GATGGAAATAGGGATGAATCACTCCCGAGGCACTTTCTTAAGAAATGT  
 TAAGGATATTTCTGCTCAAGTTCTAGATCAAAATGGAAATGTTATTTGGC  
 AAAGTAAGGTTTACCATCTTATCGTAAAAATTTCCATAATAATCCAAAG  
 CAAAGTGATGGTCATTATCGTATGGATGCCCTCAGTGGAGTGGTTTGA  
 TAAGGATGGCAAGTTGTAGCAGATGGTTTATCTATCTGTTTACGTT  
 ACACACAGTAGCAGAAAGCAAAATAGTCAGGAGTCAGACTTTAAAGTT  
 CAAGTAAGTACTAAGTCACCAAACTCTCCTTACAGAGCTCAGTTTGTATGA  
 AACTAATCGAACATTAAGCTTAGCCATGCCCTAAGGAAAGTAGTTATGTTT  
 CTACATATCGTCTACAATTAGTTTATCTCATGTTGTAAAGATGAAGAA  
 TATGGAGATGAGACTTCTTACCATATTTCCATATAGATCGAGAAAGTAA  
 AGTGACACTTCTTAAACAGTTAAGATAGGAGAGAGTGAGGTTGCAATAG  
 ACCCTAAGACCTTGACACTTGTGTGGAAGATAAAGCTGGTAAATTTGCA  
 ACGTAAATTTGCTGACCTCTTGAATAAGGCAGTAGTATCAGAGAAAGA  
 AAACGCTATAGTAATTTCTAACAATTTCAAATATTTTGATAACTTGAAA  
 AAGAACCTATGTTTATTTCTAAGAAAGGAAAGTAGTAAACAAAGATCTA  
 GAGAAATAGCATTAGTTAAGCGCAAACTACAGTTACTACTCAATCATTT  
 GTCTAAGAAATACTCAATCAGGAAATGAGAAAGTCTCCTCCTTCTACAA  
 ACAATAATAGTAGCAGATAGCTAAGATCATATCACCTAAACATAACGGG  
 GATTCTGTTAACCATACC

SEQ ID NO. 4404

STRAIN H36B

GAGGAGCAAGAATTAAAAAACCAAGAGCAATCACCTGTAATTGC  
 TAATGTTGCTCAACAGCCATCGCCATCGGTAACCTACTAATCTGTTGAAA  
 AAACATCTGTAAACATCTGCTTCTGCTAGTAATACAGCGAAAGAAATGGGT  
 GATACATCTGTAAAAAATGACAAAACAGAAAGTGAATTTATGAAGAGTT  
 ATCTAAAAACCTTGATACGTCTAATTTGGGGGCTGATCTTGAAGAGAAAT  
 ATCCCTCTAAACAGAGACAACCAACAATAAGAAAGCAATGTAGTAACA  
 AATGCTTCAACTGCAATAGCACAGAAAGTTCCCTCAGCATATGAAGAGGT  
 GAAGCCAGAAAGCAAGTCATCACTTGTCTGTTCTTGATACATCTAAATAA  
 CAAAATTTGCAAGCCATAACCCAAAGAGGAAAGGGAATGTAGTAGCTATT  
 ATTGATACCTGGCTTTGATATTAAACATGATATTTTCTGTTTAGATAGCCC  
 AAAAGATGATAAGCACAGCTTTAAAACTAAGGCAGAAATTTGAGGAATTAA  
 AAGCAAAACATAATACCTTATGGGAAATGGGTTAACGATAAGATTGTT  
 TTTGACATAACTACGCCAACAATACAGAAACGGTGGCTGATATTGCAGC  
 AGCTATGAAGATGGTTATGGGTGAGAAGCAAGAAATTTTCGCATGGTA  
 CACAAGTTGCTGGTATTTTGTAGGTAATAGTAAACGTCAGCAATCAAT  
 GGTCTTCTTTTAGAAGGTGAGCGCCAAATGCTCAAGTCTTATTAATGCG  
 TATTCAGATAAAATGATTCGAGCAAAATTTGGTGAAGCATATGCTAAAG  
 CAATCACAGACGCTGTTAATCTAGGAGCAAAACGATTAATATGAGCCTT  
 GGAATAACAGCAGATTCTTTAATGCTCTCAATGATAAGTTAAATTAGC  
 ACTTAAATTAGCTTCTGAGAAGGGCGTTGCAAGTTGTTGTGGCTGCGGAA  
 ATGAAGGTGCAATTTGGTATGGATTATAGCAAAACCATTTCAACTAATCCT  
 GACTACGGTACGGTTAATAGTCCAGCTATTTCTGAAGATACCTTGAGTGT  
 TGCTAGCTATGAATCACTTAAACTATCAGTGAGGTGCTTGAACAACTA  
 TTGAAGGTAAGTTAGTTAAGTTGCGGATTTGACTTCTAAACCTTTGAC  
 AAAGGTAAGGCTACGATGTTGTTTATGCCAATTTATGGTGCAAAAAAGA  
 CTTTGAAGGTAAGGACTTTAAAGGTAAGATTGCAATTAATTTGAGCGTGGTG  
 GTGGACTTGATTTTATGACTAAATCACTCATGCTACAAATGAGGTGTT  
 GTTGGTATCGTTATTTTAAAGATCAAGAAAAACGTGGAAATTTCTAAT  
 TCCTTACCGTGAATTAACCTGTGGGGTTATAGTAAAGTAGATGGCGAGC  
 GTATAAAAAATCACTCAAGTCAGTTAATTAACCAAGTTTGAAGTA  
 GTTGTAGCCAGGTGGCAATCGTATGCTGGAACCAATCAAGTTGGGGGCT  
 GACAGCTGAAGGAGCAATCAAGCCTGATGTAAACAGCTTCTGCTTTGAAA  
 TTTATCTTCAACCTATAATAATCAATACCAACCAATGCTGTTACAAGT  
 ATGGCTTACCACATGTTGCAGGATTAATGACAATGCTTCAAGTCATT

Table 44: Comparative Sequences relating to SAG0416 (strain info highlighted in BOLD)

GGCTGAGAAATATAAAGGGATGAATTTAGATTCTAAAAAATTGCTAGAAT  
 TGTCTAAAAACATCTCTCATGAGCTCAGCAACAGCATTATATAGTGAAGAG  
 GATAAGGCGTTTTATTACACACGTGAGCAAGGTGCAAGGTGATGTGATGC  
 TGA AAAAGCTATCCAAGCTCAATATTATGTTACTGGAACGATGGCAAAAG  
 CTAAAATTAATCTCAAAACGAGTGGGAGATAAATTTGATATCAAGTTACA  
 ATTCTAAAACTTTAGAGGTGTCAAAGAATTGTATTATCAAGCTAATGT  
 AGCAACAGAACAGTAATAAAGGTAAATTTGCCCTTAAACCAAGCCT  
 TGCTAGATACTAATTTGGCAGAAAGTAATTTCTGTTGATAAAGAAACAA  
 GTTCGATTTACTATTGATTCTAGTCAATTTAGTCAGAAATTAAGAACA  
 GATGGCAATGGTTATTCTTAGAAGGTTTGTACGTTTAAAGAAGCCA  
 AGGATAGTAATCAGGAGTTAATGAGTATTCCTTTTGTAGGATTTAATGGT  
 GATTTTGGCAACTACAGCACTTGAACACCGATTATAAGACGCTTTC  
 TAAAGGTAGTTTCTACTATAAACCAATGATACAACTCATAAGACCAAT  
 TGGAGTACAATGAATCAGCTCCTTTTGAAGCAACCACTACTGCTTGT  
 TTAACACAATCAGCGTCTTGGGGCTATGTTGATTATGTCAAAAATGGTGG  
 GGAGTTAgaATTAGCACCGGAGAGTCCAAAAGAAATTTTGTAGGAACCT  
 TTGAGATAAAGTTGAGGATAAACAATTCATCTTTTGAAGAAGATGCA  
 GCGAATAATCCATATTTTGCCATTCTCCAATAAAGATGGAAATAGGGA  
 TGAATCACTCCCGAGCACTTCTTAAAGAAATGTTAAGGATATTTCTG  
 CTCAAGTTCTAGATCAAAATGGAATGTTATTGGCAAGTAAGGTTTAA  
 CCATCTTATCGTAAAAATTTCCATAAATCCAAAGCAAGGTGATGGTCA  
 TTATCGTATGGATGCCCTTCACTGGAGTGGTTAGATAAGGATGGCAAG  
 TTGTAGCAGATGGTTTTTATCTTATCGTTTACGTTACACCCAGTAGCA  
 GAAGGAGCAATAGTCAGGAGTCAGACTTTAAAGTTCAAGTAAGTACTAA  
 GTCACCAATCTTCTTACGAGCTCAGTTTGTAGAACTAATCGAATCAT  
 TAAGCTTAGCCATGCCTAAGGAAAGTAGTTATGTTCTTACATATCGTCTA  
 CAATTAGTTTTATCTCATGTTGTAAGAAGTGAAGAATATGGAGATGAGAC  
 TTCATTACCATTTTCCATATAGATCAAGAAGGTAAAGTGACACTTCCTA  
 AAACAGTTAAGATAGGAGAGAGTGGGTTGAGTAGAGCCCTAAGACCTTG  
 ACACCTGTTTGGAGAGATAAAGCTGGTAATTTGCGCAACGGTAAATTTGTC  
 TGACCTCTTGAATAAGGCAGTAGTATCAGAGAAAGAAAACGCTATAGTAA  
 TTTCTAACCAATTTCAAAATTTTGTATACTTGA AAAAAGAACCTATGTTT  
 ATTTCTAAGAAGGAAAAGTAGTAAACAAGAACTAGAGAAGATAGCAT  
 AGTTAAGCCGCAAACTACAGTTACTACTCAATCATTTGTCTAAGAATAA  
 CTCAATCAGGAATGAGAAAGTCTCACTCTTCAAAACATAATAGTAGC  
 AGAGTAGCTAAGATCATATCACCTAAACATAACGGGGATTCTGTTAAACA  
 TACC

SEQ ID NO. 4405

STRAIN 18RS21

GAGGAGCAAGAATTA AAAAACCAAGAGCAATCACCC  
 TGTAAATGCTAATGTTGCTCAACAGCCATCGCCATCGGTAAGTACTAATA  
 CTGTTGAAAAACATCTGTAAACAGCTGCTTCTGCTAGTAATACAGCGAAA  
 GAAATGGGTGATACATCTGTAAAAAATGACAAACAGAAAGATGAATATT  
 AGAAGAGTTATCTAAAAACCTTGATACGTCTAATTTGGGGGCTGATCTTG  
 AAGAAGAATATCCCTCTAAACAGAGACAAACCAATAAAGAAGCAAT  
 GTAGTAACAAATGCTTCAACTGCAATAGCACAGAAAGTTCCCTCAGCATA  
 TGAAGAGGTGAAGCCAGAAAGCAAGTCATCGCTTGCTGTTCTTGATACAT  
 CTAAAAATAACAAATTAACAGCCATAACCCAAAGAGGAAAGGGAAATGTA  
 GTAGCTATTATGATAGTGGCTTTGATATTAAACATGATATTTTCTGTTT  
 AGATAGCCCAAAAGATGATAAGCACAGCTTTAAAACTAAGACAGAAATTTG  
 AGGAATTAAGAAGCAAAACATAATCACTTATGGGAATGGGTTAACGAT  
 AAGATTGTTTTTGCACATAACTACGCCAACCAATAACAGAAACGGTGGCTGA  
 TATTGACGAGCTATGAAAGATGGTTATGGTTTCAAGCAAGAAATATTT  
 CGCATGGTACACAGCTTGCTGGTATTTTGTAGGTAATAGTAAACGTCOA  
 GCAATCAATGGTCTTCTTTAGAAAGTGCAGCGCCAAATGCTCAAGTCTT  
 ATTAATGCGTATTCAGATAAAATGATTCGGACAAATTTGGTGAAGCAT  
 ATGCTAAAGCAATCAAGAGCTGTAAATCTAGGAGCAAAAACGATTAAAT  
 ATGAGTATTGGA AAAACAGCTGATTCCTTAATTGCTCTCAATGATAAAGT  
 TAAATTAGCACTTAAATTAGCTTCTGAGAAGGGCGTTGAGTTGTTGTTGG  
 CTGCGGAAATGAAGGCGCATTTGGTATGGATTATAGCAAAACATTATCA  
 ACTAATCTGACTACGGTACGGTTAATAGTCCAGCTATTTCTGAAGATAC  
 TTTGAGTGTGCTAGCTATGAATCACTTAAAACTATCAGTGAGGTCGTTG  
 AAACAATCTATTGAAGGTAAAGTTAGTTAAGTTGCCGATTTGACTTCTAAA  
 CCTTTTGACAAAGGTAAAGCCTACGATGTGGTTTATGCCAATTATGGTGC  
 AAAAAAAGACTTTGAAGGTAAAGGACTTTAAAGGTAAAGTTGCATTAAATG  
 AGCGTGGTGGTGGACTTGATTATTATGACTAAATCACTCATGCTCAAAAT  
 GCAGGTGTTGTTGGTATCGTTATTTTAAACGATCAAGAAAAACGTGGAAA  
 TTTTCTAATCTTACCGTGAATTAACCTGTGGGGATTATTAGTAAAGTAG  
 ATGGCGAGCGTATAAAAAATACTTCAAGTCAGTTAACATTTAACCAAGT  
 TTTGAAGTAGTTGATAGCAAGGTGGTAATCGTGGCTGGAACAAATCAAG  
 TTGGGGGCTGACAGCTGAAGGAGCAATCAAGCCTGATGTAAACAGCTTCTG  
 GCTTTGAAATTTATCTTCAACCTATAATAATCAATACCAAAACAATGCT  
 GGTACAAGTATGGCTTCAACCATGTTGAGGATTAATGACAAATGCTTCA  
 AAGTCAATTTGGCTGAGAAATATAAAGGGATGAATTTAGATTCTAAAAAAT  
 TGCTAGAATTTCTAAAAACATCTCATGAGCTCAGCAACAGCATTATAT  
 AGTGAAGAGGATAAGGCGTTTTATTCAACCGTCAGCAAGGTGCAGGTGT  
 AGTTGATGCTGAAAAAGCTATCAAGCTCAATATTATATTACTGGAAACG  
 ATGGCAAGCTAAAAATTAATCTCAACGAAATGGGAGATAAATTTGATATC  
 ACAGTTACAATTCATAAACTTGTAGAAGGTGTCAAAGAATTTGATTATCA  
 AGCTAATGTAGCAACAGAAAGTAATAAAGGTAAATTTGCCCTTAAAC  
 CACAAGCCTTGCTAGATACTAATTTGGCAGAAAGTAATTTCTCTGATAAAA  
 GAAACACAGATTGCAATTTACTATTGATGCTAGTCAATTTAGTCAGAAAT

**Table 44: Comparative Sequences relating to SAG0416 (strain info highlighted in BOLD)**

AAAAGAACAGATGGCAAATGGTTATTTCTTAgAAGGTTTGTACGTTTAA  
 AAGAAGCCAGGATAGTAATCAGGAGTTAATGAGTATTCCTTTGTAGGA  
 TTAAATGGTGATTTTGCAGACTTACAGCACTTGAAACACOGATTTATAA  
 GACGATTTCTAAAGGTAGTTTCTACTATAAACCAATGATACAACTCATA  
 AAGACCAATTGGAGTACAATGAATCAGCTCCTTTTGAAAGCAACAATAT  
 ACTGCGCTTGTAAACACAATCAGCGTCTTGGGGCTATGTTGATTATGTCAA  
 AATGGTGGGGAGTTAGAATTAGCaCCGGAGAGTCCAAAAAGAAATTATTT  
 TAGGAACCTTTGAGAATAAGGTTGAGGATAAAACAATTCATCTTTTGGA  
 AGAGATGCAGCGAATAATCCATATTTTGCCATTTCTCCAAATAAGATGG  
 AATAGGGACGAAATCACTCCCGAGGCAACLTCTTAAGAAATGTTAAGG  
 ATATTTCTGCTCAAGTTCTAGATCAAATGGAAATGTTATTTGGCAAAGT  
 AAGGTTTACCATCTTATCGTAAAAATTTCCATAATAATCCAAGCAAAG  
 TGATGGTCATTATCGTATGGATGCTCTTCAGTGGAGTGGTTAGATAAGG  
 ATGGCAAAGTTGTAGCAGATGGTTTATATACTTATCGCTTACGTTACACA  
 CAGTAGCAGAAAGGAGCAATAGTCAGGAGTCAGACTTTAAGTACAAAT  
 AAGTACTAAGTCACCAATCTTCTTCACGAGCTCAGTTTGATGAACTA  
 ATCGAACATTAAGCTTAGCCATGCCCTAAGGAAAGTAGTTATGTTCTTACA  
 TATCGTTTACAATTAGTTTATCTCATGTTGTAAAGATGAAGAAATATGG  
 GGATGAGACTTCTTACCATTATTTCCATATAGATCAAGAAGGTAAGTGGA  
 CACTTCTTAAAAACGGTTAAGATAGGAGAGAGTGAGGTTGCGGTAGACCT  
 AAGGCGTTGACACTTGTGTGGAAGATAAAGCTGGTAATTTGCAACGGT  
 AAAATGTCTGATCTCTTGAATAAGGCAGTAGTATCAGAGAAAGAAAACG  
 CTATAGTAATTTTAAACAGTTTCAAATATTTTGATAACTTGAAGAAAGAA  
 CCTATGTTTATTTCTAAAAAAGAAAGTAGTAACAAGAACTAGAGAAGA  
 AATAATATTAGTTAAGCCGCAAACTACAGTTACTACTCAATCATTTGCTA  
 AAGAAATAACTAAATCAGGAAATGAGAAAGTCTCACTTCTACAAACAAT  
 AATAGTAGCAGAGTAGCTAAGATCATATCACTTAACATAACGGGATTC  
 TGTTAACCATACC

SEQ ID NO. 4406

STRAIN M732

GAGGAGCAAGAATTAAAAACCAAGAGCAATCACCT  
 GTAATTGCTAATGTGTCTCAACAGCCATCGCCATCGGTAACTACTAATAT  
 TGTGAAAAAACATCTGTAAACAGCTGCTTCTGCTAGTAATACAGTGAAAG  
 AAATGGGTGATACATCTGTAAAAAATGACAAAACAGAAGATGAATTATTA  
 GAAGAGTTATCTAAAAACCTTGATACGCTCAATTTGGGGGCTGATCTTGA  
 AGAAGAATATCCCTCTAAACCGAGAGCAACCAACAATAAAGAAAGCAATG  
 TAGTAACAAATGCTTCAACTGCAATAGCAGAGAAAGTTCCCTCAGCATAT  
 GAAGAGGTGAAGTCAGAAAGCAAGTCATCGCTTGTGTTCTTGATACATC  
 TAAATAACAAATTAACAGCCCAACCCAAAGAGGAAAGGGAATATGATAG  
 TAGCTATTATTGATACCTGGCTTGTATTTAACCATGATATTTTCGTTTA  
 GATAGCCCAAAAGATGATAAGCACAGCTTTAAACTAAGGCAGAAATTTGA  
 GGAATTAAGCAAAACATAATATCACTTATGGGAAATGGGTTAACGATA  
 AGATTGTTTGTGCACATAACTACGCCAACCAATACAGAAACGGTGGCTGAT  
 ATTGCAGCAGCTATGAAAGATGGTTATGGGTGAGAAGCAAGAAATATTTT  
 GCATGGTACACACGTTGCTGGTATTTTGTAGGTAATAGTAAACGTCAG  
 CAATCAATAGTCTTCTTTAGAAAGGTGACGCGCAATGCTCAAGTCTTA  
 TTAATGCGTATTCAGATAAAATTTGATTGCGACAAATTTGGAGAAGCATA  
 TGCTAAAGCAATCATAGACGCTGTTAATCTAGGAGCAAAAACGATTAATA  
 TGAGCCTGGGAAAAACGGCTGATTTCTTAAATGCTCTCAATGATAAAGTT  
 AAATTAGCACTTAAATTAGCTTCTGAGAAGGGCGTTGCAAGTTGTTGTCG  
 TGCCGGAATGAAGGTGCAATTGGGTATGGATTATAGCAAAACCATTTATCA  
 CTAATCTGACTACGGTACGGTTAATAGTCCAGCTATTTCTGAAGATACT  
 TTGAGTGTGTAGCTATGAATCACTTAAACTATCAGTGAGGTGCTTGA  
 AACCACTATTGAAGGTAAAGTTAGTTAAGTTGCCGATTGTGACTTCTAAAC  
 CTTTGAAGAAAGTAAGGCTTACGATGTGGTTTATGCCAATTATGGTGCA  
 AAAAAAGATTGTAAGGTAAAGGACTTTAAAGGTAAAGATGCAATTAATTGAG  
 CGTGTGGTGGACTTGATTTTATGACTAAAAATCACTCATGCTACAAATGC  
 AGGTGTGTGTGATCGTTATTTTAAACGATCAAGAAAAACGTTGAAATTT  
 TTCTAATTCCTTACCGTGAATTAACCTGTGGGGTTATTAGTAAAGTAGAT  
 GGCAGCGGTATAAAAAATACCTTCAAGTCAGTTAACATTTAACAGAGTTT  
 TGAAGTAGTTGATAGCCAAAGGTGGCAATCGTATGCTGGAACCAATCAAGTT  
 GGGGCGTGACAGCTGAAGGAGCAATCAAGCCTGATGTAAACAGCTTCTGGC  
 TTTGAAATTTATCTTCAACCTATAAATAATCAATACTAAACCAATGTCTGG  
 TACAAGTATGGCTTCAACCATGTTGACAGGATTAATGACAATGCTTCAAA  
 GTCATTTGGCTGAGAAATATAAAGGGATGAATTTAGATTCTAAAAAATG  
 CTAGAATTGCTAAAAACATCCTCATGAGCTCAGCAACAGCATTATATAG  
 TGAAGAGGATAAGGCGTTTATTTACCCAGTCAGCAAGGTGCAAGGTGATG  
 TTGATGCTGAAAAAGCTATCCAAGCTCAATATTATGTTACTGGAACAGAT  
 GGCAAGTTAAAAATTAACTCTCAACGAGAGGGAGATAAAATTTGATATCAC  
 AGTTACAATTCTAACTGTAGAAAGGTGTCAAAGAAATTTGATTATCAAG  
 CTAAATGTAGCAACAGAAACAAGTAAATAAAGGTAAATTTGCCCTTAAACCA  
 CAAGCCTTGTCTAGATACTAATTGGCAGAAAGTAATTTCTCGTATTAAGA  
 AACCAAGTTGATTTACTATTGATGCTAGTCAATTTAGTCAGAAATTA  
 AAGAACAGATGGCAAAATGGTTATTTCTTAGAAGGTTTGTACGTTTAA  
 GAAGCCAAAGGATAGTAATCAGGAGTTAATGAGTATTCCTTTGTAGGATT  
 TAATGGTGATTTTGGAACTTACAAGCACTTGAACaCCGATTATTAAGA  
 CGCTTCTAAAGGTAGTTTCTACTATAAACCAATGATCAACTCATAAA  
 GACCAATTGGAGTACAATGAATCAGCTCCTTTTGAAGCAACCACTATAC  
 TGCCTTGTAAACACAATCAGCGTCTTGGGGCTATGTTGATTATGTCAAAA  
 ATGTTGGGGAGTTAGAATTAGCACCGGAGAGTCCAAAAAGAAATTTATTTA  
 GGAACCTTTGAGAAATAAGGTTGAGGATAAAACAATTCATCTTTTGAAGG  
 AGATGCAGCGAATAATCCATATTTTGCCATTTCTCCAAATAAGATGGAA

Table 44: Comparative Sequences relating to SAG0416 (strain info highlighted in BOLD)

ATAGGGACGAAATCACTCCCCAGGCAACTTTCTTAAGAAATGTTAAGGAT  
 ATTTCGTCTCAAGTTCTAGATCAAAATGGAAATGTTATTTGGCAAAGTAA  
 GGTTTTACCATCTTATCGTAAAAATTTCCATAATATCCAAAGCAAAAGTG  
 ATGGTCATTATCGTATGGATGCTCTTCAGTGGAGTGGTTTAGATAAGGAT  
 GGCAGAGTTGTAGCAGATGGTTTTTATACCTATCGCTTACGTTACACACC  
 AGTAGCAGAGGAGCaaATAGTCAGGAGTCAGACTTTAAAGTTCAAGTAA  
 GTACTAAGTCACCAAACTCTTCCCTCACGAGCTCAGTTTGATGAAACTAAT  
 CGAACATTAAGCTTAGCCATGCCTAAGGAAAGTAGTTATGTTCTTACATA  
 TCGTTTCAATTAGTTTATCTCATGTTGTAAAGATGAAGAATATGGGG  
 ATGAGACTTCTTACCATTATTTCCATATAGATCAAGAAGGTAAAGTGACA  
 CTTCTTAAACGGTTAAGATAGGAGAGAGTGGGTTGCGGTAGACCCCTAA  
 GGCCTTGACACTTGTGTGAAGATAAAGCTGGTAATTTTGCAACGGTAA  
 AATGTCTGACCTCTTGAATAAGGCAGTAGTATCAGAGAAAGaAAACGCT  
 ATAGTAATTTCTAACAGTTTCAAATATTTTGATAACTTGAAGAAAGAAC  
 TATGTTTATTTCTAAAGAGGAAAGTAGTAAACAAGAACTTAGAAGAAA  
 TAACATTAGTTAAGCCTCAAACTACAGTTACTACTCAATCATTGTCTAAA  
 GAAATAACTAAATCAGGAAATGAGAAAGTCTCCTCTTCAAAACAATAA  
 TAGTAGCAGAGTAGCTAAGATCATATCACCTAAACATAACGGGGATTCTG  
 TTAACCATACC

SEQ ID NO. 4407

STRAIN COH1

GAGGAGCAAGAATTAAAAAACAAGAGCAATCACCTGT  
 AATTGCTAATGTTGCTCAACAGCCATCGCCATCGGTaACTACTAATATTG  
 TTGAAAAACATCTGTAAACAGCTGCTTCTGCTAGTAATACAGTGAAAGAA  
 ATGGGtgATACATCTGTAAAAATGACAAACAGAAGATGAATTATTAGA  
 AGAGTTATCTAAAAACCTTGATACGTCTAATTTGGGGGCTGATCTTGAAG  
 AAGAAATATCCCTCTAAACAGAGAGCAACCAACAATAAAGAAAGCAATGTA  
 GTAACAATGCTTCAACTGCAATAGCAGAGAAAGTTCCCTCAGCATATGA  
 AGAGGTGAAGTCAGAAAGCAAGTCATCGCTTGTGTTCTTGATACATCTA  
 AAATAACAAAAATTACAAGCCACAACCCAAAGAGGAAAGGAAATGTAGTA  
 GCTATTATGTACTGGCTTTGATATTAAACCATGATATTTTCGTTTGA  
 TAGCCCAAAAGATGATAAGCACAGCTTTAAAACTAAGGCAGAAATTTGAGG  
 AATTAAGAGCAAAACATAATATCACTTATGGGAATGGGTTAACGATAAG  
 ATTGTTTTTGACATAACTACGCCaCAATACAGAAACGGTGGCTGATAT  
 TGCAGCAGCTATGAAAGATGGTTATGGGTGAGAAGCAAGAAATATTTG  
 ATGTTACACAGCTTGTCTGGTATTTTGTAGGTAAATAGTAAACGTCACGA  
 ATCAATAGTCTTCTTTTGAAGGTGACGCCCAATGCTCAAGTCTTATT  
 AATGCGTATTCAGATAAAATGATTCGGACAAATTTGGAGAAGCATATG  
 CTAAGCAATCATAGAGCTGTTAATCTAGGAGCAAAACGATTAAATAG  
 AGCCTGGGAAAAACGGCTGATTTCTTAATGTCTCAATGATAAAGTTAA  
 ATTAGCCTTAAATTAGCTCTGAGAAGGGCGTTGCAGTTGTTGTGGCTG  
 CCGGAAATGAAGGTGCATTGGTATGGATTATAGCAAAACATTATCAACT  
 AATCTGACTACGGTACGGTTAATAGTCCAGCTATTTCTGAAGATACTTT  
 GAGTGTGCTAGCTATGAATCACTTAAAACTATCAGTGAGGTCGTTGAAA  
 CAACATTGAAGGTAAGTTAGTTAAGTTGCGGATTGTGACTTCTAAACCT  
 TtTGACAAAGGTAAGGCCATCAGATGTGGTTTATGCCAATATAGGTGCAAA  
 AAAGATTTTGAAGGTAAGGACTTTAAAGGTAAGATTGCATTAAATTGAGCG  
 TGGTGGTGGACTGATTTTATGACTAAATCACTCATGCTACAAATGCAG  
 GTGTTGTTGGTATCGTTATTTTAAACGATCAAGAAAAACGTGGAAATTTT  
 CTAATTCCTTACCGTGAATTACCTGTGGGGTTATTAGTAAAGTAGATGG  
 CGAGCGTATAAAAAATACCTCAAGTCAGTTAACATTTAACAGAGTTTGG  
 AAGTAGTTGATAGCCAAGGTGGCAATCGTATGCTGGAACAATCAAGTTGG  
 GCGGTGACAGCTGAAGGAGCAATCAAGCCTGATGTAAACAGCTTCTGGCTT  
 TGAAATTTATTCTTCAACCTATAATAATCAATACTAAACAATGTCTGGTA  
 CAAGTATGGCTTCAACCATGTTGCAGGATTAAATGACAAATGCTTCAAAGT  
 CATTTGGCTGAGAAATATAAGGGATGAATTTAGATTCTAaAAAAATGCT  
 AGaATTGCTAaaAACATCCTCATGAGCTCAGCAACAGCATTATATAGTG  
 AAGAGGATAAGGOGTTTATTACCACAGTCAGCAAGGTGCAGGTGTAGTT  
 GATGCTGAAAAAGCTATCCAAGCTCAATATTATGTTACTGGAACAGATGG  
 CAAAGTTAAATTAATCTCAACAGAGAGGGAGATAAATTTGATATCACAG  
 TTACAATTCAaAACTTGTAGAAGGTGTCAAAGAAATTGTATTATCAAGCT  
 AATGTAGCaaCAGAACAAAGTAAATTAAGGTAATTTGCCCTTAAACACA  
 AGCCTTGCTAGATACTAATTTGGCAGAAAGTAATCTTcGTGATAAAGAAA  
 CACAAGTTGATTTACTATTGATGCTAGTCAATTTAGTCAGAAATTAATA  
 GAACAGATGGCAAAATGGTTATTTCTAGAAGGTTTGTACGTTTAAAGA  
 AGCCAAGGATAGTAATCAGGAGTTAATGAGTATTCCTTTTGTAGGATTTA  
 ATGGTGATTTTGGCACTTACAAGCACTTGAACACCCGATTATATAAGACG  
 CTTTCTAAAGGTAGTTTCTACTATAAACCAATGATACAACTCATAAAGA  
 CCAATTGGAGTACAATGAATCAGCTCCTTTTGAAAGCAACAATACTAGT  
 CCTGTTTAAACAATCAGCGCTTGGGGCTATGTTGATTATGTCAAAAAAT  
 GGTGGGGAGTTAGAATTAGCACCGGAGAGTCCAAAAAGAAATTTTAGG  
 aACTTTTGAGAAATAGGTTGAGGATAAAACAATTCATCTTTTGGAAAGAG  
 ATGCAGCGAATAATCCATATTTGCCATTTCTCCAAATAAAGATGGAAT  
 AGGGACGAATCACTCCCCAGGCaACTTTCTTAAGAAATGTTAAGGATAT  
 TTCTGCTCAAGtCTAGATCAAAATGGAATGTTATTGGCAAAGTAAGG  
 .TTTTACCATCTATCGTAAAAATTTCCATAATaATCCAAAGCAAGTGAT  
 GGTCAATTATCGTATGGATGCTCTTCAGTGGAGTGGTTTAgATAAGGATGG  
 CAAAGTTGTAgCAGATGGtTTTTACTTATCGCTTACGTTACACACCAG  
 TAGCAGAGGAGCAATAGTCAGGAGTCAGACTTTaAGTTCAAGTAAGT  
 AcTAAGTCACCAATCTTCTTTCAGGAGCTCAGTTTGATGaaACTAATCG  
 AACATTAAGCTTAGCCATGCCTAAGGAAAGTAGTTATGTTCTCATATC  
 GTTTACAATTAGTTTATCTCATGTTGTAAAGATGAAGAATATGGGGAT

Table 44: Comparative Sequences relating to SAG0416 (strain info highlighted in BOLD)

GAGACTTCTTACCATTATTTCCATATAGATCAAGAAGGTAAAGTGACACT  
 TCCTAAAACGGTTAAGATAGGAGAGAGTGAGGTTGCGGTAGACCCTAAGG  
 CCTTGACACTTGTGTGGAGATAAAGCTGGTAATTTTGCAACGGTAAAA  
 TTGTCTGACCTCTTGAATAGGCAGTAGTATCAGAGAAAAGAAACGCTAT  
 AGTAATTTCTAACAGTTTCAAAATATTTTGATAACTTGAAGAAAAGAACCTA  
 TGTATTTCTTAAAGAGGAAAAGTAGTAAACAGAACTCAGAAGAAATA  
 ACATTAGTTTAAAGCCTCAAACTACAGTTACTACTCAATCATTTGCTTAAAGA  
 AATAACTAAATCAGGAAATGAGAAAGTCTCCTCATTCTACAAACAATAATA  
 GTAGCAGAGTAGCTAAGATCATATCACCTAAACATAACGGGGATTCTGTT  
 AACCATACC

SEQ ID NO. 4408

STRAIN M781

GAGGAGCAAGAAATAAAAACCAAGAGCAATCACCTGT  
 AATTGCTAATGTTGCTCAACAGCCATCGCCATCGGTAACTACTAATATTG  
 TTGAAAAACATCTGTAAACAGCTGCTTCTGCTAGTAAACAGTGAAAGAA  
 ATGGGTGATACATCTGTAAAAAATGACAAAACAGAAGATGAATTTATTAGA  
 AGAGTTATCTAAAAACCTTGATACGTTCTAATTTGGGGGCTGATCTTGAAG  
 AAGAAATATCCCTCTAAACCAGAGACCAACCAATAAAGAAAAGCAATGTA  
 GTAACAAATGCTTCAACTGCAATAGCACAGAAAGTTCCCTCAGCATATGA  
 AGAGGTGAAGTCAGAAAGCAAGTCATCGCTTGTGTTCTTGATACATCTA  
 AAATAACAAAAATTACAGCCACAAACCAAGAGGAAAGGGAATGTAGTA  
 GCTATTATTGATACTGGCTTTGATATTAAACCATGATATTTTTCGTTTGA  
 TAGCCCAAAGATGATAAGCACAGCTTTAAACTAAGGCAGAAATTTGAGG  
 AATTAAAGCAAAACATAATATCACTTATGGGAAATGGGTTAAGGATAAG  
 ATTGTTTTTGACATAAATACGCCAaCAATACAGAAACGGTGGCTGATAT  
 TGCAGCAGCTATGAAAGATGGTTATGGGTGAGAAGCAAGAATATTTTGC  
 ATGGTACACAGCTTGTGTTATTTTGTAGGTAAATAGTAAACGTCACGA  
 ATCAATAGTCTTCTTTTGAAGGTGACAGCCAAATGCTCAAGTCTTATT  
 AATGCGTATTCAGATAAAATTGATTGCGACAAATTTGGAGAAGCATATG  
 CTAAGCAATCATAGACGCTGTTAATCTAGGAGCAAAACGATTAAATATG  
 AGCCTGGGAAAAACGGCTGATTCTTTAATTGCTCTCAATGATAAAGTTAA  
 ATTAGCACTTAAATTAGCTTCTGAGAAGGGCGTTGCAAGTTGTTGTTGGCTG  
 CCGGAAATGAAGGTGCATTGTTGATGGATTATAGCAaCCATTATCAaCT  
 AATCCTGACTACGGTACGGTTAATAGTCCAGCTATTTCTGAAGATACCTT  
 GAGTGTGCTAGCTATGAATCACTTAAACTATCAGTGAGGTGTTGAAA  
 CAACTATTGAAGGTAAGTTAGTTAAGTTGCCGATTGTGACTCTCTAaACCT  
 TTTGACAAAGGTAAGGCTACGATGTTGTTTATGCCAATATGTTGCAAA  
 AAAGATTTTGAAGGTAAGGACTTAAAGGTAAGATTGCATTAAATTGAGCG  
 TGGTGGTGGACTTGATTTTATGACTAAAATCCTCATGCTACAAATGCAG  
 GTGTTGTTGGTATCGTTATTTTAAACGATCAAGAAAACGTGGAATTTT  
 CTAATTCCTTACCGTGAATTAACCTGTGgGGGTTATTAGTAAAGTAGATGG  
 CGAGCGTATAAAAAATCTTCAAGTCAGTTAAACATTAAACAGAGTTTg  
 AAGTAGTTGATAGCCAGGTGGCAATCGTATGCTGGAACAATCAAGTTGG  
 GGCGTGACAGCTGAAGGAGCAATCAAGCCTGATGTAAACAGCTTCTGGCTT  
 TGAATTTTATTCTTCAACCTATAAATCAATCAATCAAAACATGCTGGTA  
 CAGTATGGCTTCAACCATGTTGAGGATTATGACAAATGCTTCAAAGT  
 CATTTGGCTGAGAAATATAAAGGGATGAATTTAGATTCTAAAAAATTGCT  
 AGAATTGTCTAAAAACATCCTCATGAGCTCAGCAACAGCATTTATATAGTG  
 AAGAGGATAAGGCGTTTATTTCACACGTCAGCAAGGTGAGGTTAGTT  
 GATGCTGAAAAAGCTATCCAAGCTCAATATTATGTTACTGGAACGATGG  
 CAAAGTTAAAAATTAATCTCAACAGAGAGGAGATAAATTTGATATCAG  
 TTCAATTCATaAaCTTGTAGAGGTGTCAAAGAATTGTATTATCAAGCT  
 AATGTAGCAaCAGAACAGTAAATAaAGGTAATTTGCCCTTaAaCCaCA  
 AGCCTTGCTAGATACTAATTTGGCAGAAAGTAATTTCTTCTGATAAAGAAA  
 CACAAGTTCGATTACTATCTATGATGCTAGTCAATTTAGTCAGAAATTA  
 GAAACAGATGGCAATGGTTATTCTTAGAAGGTTTGTACGTTTTAAAGA  
 AGCCAAGGATAGTAATCAGGAGTTAATGAGTATTCCTTTGTAGGATTTA  
 ATGGTGATTTTGGCACTTACAAGCACTTGAACACCGATTATAAGAGC  
 CTTTCTAAAGGTAGTTTCTACTATAaCCAAATGATACAACTCATAAAGA  
 CCAATTTGGAGTACAATGAATCAGCTCCTTTTGAAGCAACCACTATACG  
 CTTGTTTAAACAAATCAGCGCTTGTGGGGCTATGTTGATTATGTCAAAAT  
 GGTGGGGAGTTAGAATTAGCACCGGAGAGTCCAAAAGAAATTTTATAGG  
 AACTTTTGAGAAATAAGGTTGAGGATAAAACAAATTCATCTTTTGGAAAGAG  
 ATGCAGCGAATAATCCATATTTTGCCTTTCTCCAAATAAAGATGGAAT  
 AGGAGCGaaATCACTCCCCAGGCAaCTTTCTTAAGAAATGTTAAGGATAT  
 TTCTGCTCAAGTCTAGATCAAAATGGAAATGTTATTGGCAAGTAAGG  
 TTTTACCATCTTATCGTAAAAATTTCCATAATAATCCAAAGCAAAGTGAT  
 GGTCAATTATCGTATGGATGCTTCTCAGTGGAGTGGTTAGATAAGGATGG  
 CAAAGTTGAGCAGATGGTTTATATACTATCGCTTACGTTACACACCAG  
 TAGCAGAGGAGCAATAGTCAGGAGTCAGACTTTAAAGTTCAAGTAAGT  
 ACTAAGTCACCAATCTTCTTCCAGAGCTCAGTTTGTAGAACTAATCG  
 AACATTAAGCTTAGCCATGCTAAGGAAAGTAGTTATGTTCTTACATC  
 GTTACAAATAGTTTATCTCATGTTGTAAAGATGAAGAATATGGGGAT  
 GAGACTTCTTACCATTATTTCCATATAGATCAAGAAGGTAAGTGACACT  
 TCCTAAAACGGTTAAGATAGGAGAGAGTGAGGTTGCGGTAGACCCTAAGG  
 CTTTGACACTTGTGTGGAAGATAAAGCTGGTAATTTTGCAACGGTAAAA  
 TTGTCTGACCTCTTGAATAAGGCAGTAGTATCAGAGAAAAGAAACGCTAT  
 AGTAATTTCTAACAGTTTCAAAATATTTTGATAACTTGAAGAAAAGAACCTA  
 TGTTTATTTCTAAAGAGGAAAAGTAGTAACCAAGAACTAGAAGAAATA  
 ACATTAGTTAAGCCTCAAACTACAGTTACTACTCAATCATTTGCTTAAAGA  
 AATAACTAAATCAGGAAATGAGAAAGTCTCCTCATTCTACAAACAATAATA  
 GTAGCAGAGTAGCTAAGATCATATCACCTAAACATAACGGGGATTCTGTT



Table 44: Comparative Sequences relating to SAG0416 (strain info highlighted in BOLD)

AACCATACC

SEQ ID NO. 4409

STRAIN CJB110

GAGGAGCAAGAATTAAAAAACCAAGAGCAATCACCTGTAA  
 TTGCTAAATGTTGCTCAACAGCCATCGCCATCGGTAACCTACTAATATTGTT  
 GAAAAAACATCTGTAnCAGCTGCTTCTGCTAGTAATACAGCGAAAGAAAT  
 GGGTGATACATCTGTAAAAAATGACAAAACAGAAGATGAATTATTAGAAG  
 AGTTATCTAAAAACCTTGATACGTCCTAATWTGGGGGCTGATCTTGAAGAA  
 GAATATCCCTCTAAACCAAGAGACAACCAACAATAAAGAAAGCAATGTAGT  
 AACAAATGCTTCAACTGCAATAGCAGAAAGTTCCCTCAGCGTATGAAG  
 AGGTGaAGCCAGAAAGCAAGTCATCGCTTGCTGTTTGTGATACATCTAAA  
 ATAACAAAATTGCAAGCCATAACCCAAAGAGGAAAGGGAAATGTAGTAGC  
 TATTATTGATAGCTGGCTTGTATATTAAACCATGATATTTTCGTTTAGATA  
 GCCCAAAAGATGATAAGCACAGCTTTAAACCTAAAGCAGAATTCGAGGAA  
 tTAAAGCAAAACATAATATCACTTATGGGAAATGGGTTAACGATAAGAT  
 TGTTTTGGCATAACTACGCCAACATAACAGAAACGGTGGCTGATATTG  
 CAGCAGCTATGAAGATGGTTATGGGTGAGAAGCAAGAATATTTCCGAT  
 GGTAACACAGCTTGCTGGTATTTTGTAGTAAATAGTAAACGTCAGCAAT  
 CAATGGTCTTCTTTTAGAAGGTGACGCGCAAAATGCTCAAGTCTTATTAA  
 TGCGTATTCAGATAAAATTTGATTGCGCAAAATTTGGAGAAGCATATGCT  
 AAAGCAATCAACAGCGCTGTTAATCTAGGAGCAAAACGATTAATATGAG  
 CCTTGGAAAAACAGCAGATTCTTAAATGCACTCAATGATAAAGTTAAAT  
 TAGCACTTAAATTAGCTTcTGAGAAGGGCGTTGCAAGTTGTTGTTGGCTGCC  
 GGAAATGAAGGTGCAATTTGGTATGGATTATAGCAAAACATTATCAACTAA  
 TcCTGACTACGGTACGGTTAATAGTCCAGCTATTTCTGAAGATACCTTGA  
 GTGTTGCTAGCTATGAATCACTTAAACCTATCAGTGAGGTGCTTGAACA  
 ACTATTGAAGGTAAAGTTAGTTAAGTTGCCGATTGTGACTTCTAAACCTTT  
 TGACAAAGGTAAAGGCTACGATGTGGTTTATGCCAATTATGGTGCAAAAA  
 AAGACTTTGAAGGTAAAGACTTTAAAGGTAAAGATTGCATTAATTTAGCGT  
 GGTGTTGACTTGATTTTATGACTTAAATCACTCATGCTACAAATGCAGG  
 TGTGTTGGTATCGTTATTTTAAACGATCAAGAAAAACGTGGAAATTTTC  
 TAATTCCTTACCGTGAATTAACCTGTGGGGTTATTAGTAAAGTAGATGGC  
 GAGCGTATAAAAAATACCTCAAGTCAGTTAATCACTTAAACCAAGTTTGA  
 AGTAGTTGATAGCCAAAGTGGCAATCGTATGCTGGAACCAATCAAGTGGG  
 GCGTGACAGCTGAAGGAGCAATCAAGCCTGATGTAAACAGCTTCTGGCTTT  
 GAAATTTATTTCTCAACCTATAATATCAATACCAAAACATGTCTGGTAC  
 AAGTATGGCTTCAACCATGTTGCAAGGATTATGACAAATGCTTCAAAATC  
 ATTTGGCTGAGAAATATAAAGGGATGAATTTAGATTCTAAAAAATTGCTA  
 GAATTTGCTAAAAACATCTCATGAGCTCAGCAACAGCATTATATAGTGA  
 AGAGGATAAGGCGTTTATTACCAAGTCAGCAAGGtGCAGGTGATGTTG  
 ATGCTGAAAAAGCTATCCAAGCTCAATATTATGTTACTGGAAACGATGGC  
 AAAGCTAAAAATTAATCTCAAAAGAGTGGGAGATAAATTTGATATCACAGT  
 TACAATTCATAAACTTGTAGAAGGTGTCAAAGAATTGTATTATCAAGCTA  
 ATGTAGCAACAGAACAAAGTAAATAAAGGTAAATTTGCCCTTAAACCAACAA  
 GCCTTGCTAGATACTAATTTGGCAGAAAGTAATCTTcGTGATAAAGAAAC  
 ACAAGTTTCGATTACTATGATGCTAGTCAATTTAGTCAGAAATTAAGAA  
 AACAGATGGCAAAATGGTTATTTCTTAgAAGGTTTGTACGTTTAAAGAA  
 GCCAAGGATAGTAATCAGGAGTTAATGAGTATTCCTTTTGTAGGATTAA  
 TGGTGATTTTGGCAACTTACAAGCACTTGAAACACCGATTATTAAGACGC  
 TTTCTAAAGGTAGTtTCTACTATAAACCAATGATACAACTCATAAAGAC  
 CAATTTGGAGTACAATGAATCAGCTCcTtTTGAAGCAACCACTATATGCTC  
 CTGTTAAACACAATCAGCGTCTTGGGGCTATGTTGATTATGTCAAAATG  
 GTGGGGAGTTAGAATTAGCACCGGAGAGTCCAAAAAGAAATTTATTTAGGA  
 ACTTTTGAGAAATAAGGTTGAGGATAAAACAATTCATCTTTTGAAAGAGA  
 TGCAGCGAATAATCCATATTTTGGCAATTTCTCCAAATAAAGATGGAAATA  
 GGGATGaAATCACTCCCCAGGCAACTTCTTAAGAAATGTTAAGGATATT  
 TCTGCTCAAGTTCTAGATCAAAATGGAAATGTTATTGGCAAGTAAGGT  
 TTTACCATCTTATCGTAAAAATTTCCATAATAATCCAAAGCAAGTGATG  
 GTCATTATCGTATGGATGCCTTTCAGTGGAGTGGTTTAgATAAGGATGGC  
 AAAGTTGTAGCAGATGGTTTTATCTTATCGCTACGTTACACACCAAGT  
 AGCAGAAAGAGCAAAATAGTCAGGAGTCAGACTTTAAAGTTCAAGTAAGTA  
 CTAAGTCACCAAAATCTTCTTTACTAGCTCAGTTTGATGAAACTAATCGA  
 ACATTAAAGCTTAGCCATGCCTAAGGAAAGTAGTTATGTTCTCATATATCG  
 TTTACAATTAGTTTATCTCATGTTGTAAGAGATGAAGAAATATGGGGATG  
 AGACTTCTTACCATATTTCCATATAGATCAAGAAGGTAAGTGACACTT  
 CCTAAAAACGGTTAAGATAGGAGAGAGTGGGTTGCAGTAGACCTTAAGGC  
 CTTGACACTTGTGTGGAAGATAAAGCTGGTAATTTTGCAACGGTAAAT  
 TGTCTGACCTCTGAAATAGGCAGTAGTATCAGAGAAAGAAACGCTATA  
 GTAATTTCTAACAGTTTCAAATATTTTGATAACTTGAAAAAGAAATCTAT  
 GTTTATTTCTAAAGAAAGGAAAGTAGTAAACAAGAAATCTAGAAGAAATAA  
 CATTAGTTAAGCGCAAACTACAGTTACTACTCAATCATGTCTAAAGAA  
 ATAACATAATCAGGAAATGAGAAAGTCTTCACTTCTACAAACAATAATAG  
 TAGCAGAGTAGCTAAGATCATATCACTTAAACATAACGGGGATTCTGTTA  
 ACCATACC

SEQ ID NO. 4410

STRAIN 1169NT

GAGGAGCAAGAATTAAAAAACCAAGAGCAATC

ACCTGTAATTGCTAATGTTGCTCAACAGCCATCGCCATCGGTAACCTACTA  
 ATATTGTTGAAAAACATCTGTAAACAGCTGCTTCTGCTAGTAATACAGCG  
 AAAGAAATGGGTGATACATCTGTAAAAAATGACAAAACAGAAGATGAAT  
 ATTAGAAGAGTTATCTAAAAACCTTGATACGTCCTAATATGGGGGCTGATC

Table 44: Comparative Sequences relating to SAG0416 (strain info highlighted in BOLD)

TTGAAGAAGAATATCCCTCTAAACCAGAGACAACCAACATAGGAAAGC  
 AATGTAGTAACAAATGCTTCAACTGCATAGCACAGAAAGTTCCTCAGC  
 ATATGAAGAGGTGAAGSCAAAAGCAAGTCATCGCTTGTCTTGTGATA  
 CATCTAAATTAACAAATTCGAGCCATAACCCAAAGAGGAAAGGAAAT  
 GTAGTAGCTATTATTGACTACTGGCTTTGATATTAAACCATGATATTTTCG  
 TTTAGATAGCCCAAAGATGATAAGCACAGCTTTAAAAATAAGGCAGAAT  
 TCGAGGAATTAAAGCAAAACATAATATCACTTATGGGAATGGGTTAAC  
 GATAAGATTGTTTTTGACATAACTACGCCAACATACAGAAACGGTGGC  
 TGATATTGCAGCAGCTATGAAGATGGTTATGGTTCAGAAAGCAAGAATA  
 TTTCCGATGGTACACACGTTGCTGGTATTtTTGTAGGTAATAGTAAACGT  
 CCAGCAATCAATGGTCTCTTTtagAAGGTGCAGCGCCAAATGCTCAAGT  
 CTTATTAATGCGTATTCCAGATAAATtGATTGGGACAAATtGGAGAAG  
 CATATGCTAAAGCAATCACAGACGCTGTTAATCTAGGAGCTaAAACGATT  
 AATATGAGTATTGSAAAAACAGCTGATTCTTTAATtGCTCTCAATGATAA  
 AGTTAAATTAAGCACTTAAATTAGCTTCTGAGAAGGGCGTTGCAGTTGTTG  
 TGGCTGcCGGAAATGAAGCGCATTtGGTATGGATTATAGCAAAACCGTTA  
 TCAACTAATcCTGACTACGGtACGGtTAATAGTCCAGCTATTtCTGAAGA  
 TACTTTGAGTGTtGCTAGCTATGAATCACTTAAACATCATGAGGTGCG  
 TTGAACAACACTATTGAAGGTAAAGTTAGTTAGTtGCCGATTGtGACTTCT  
 AAACCTTtTGACAAAGGTAAAGCCTACGATGTGGTTTATGCCAATTATGG  
 TGCAAAAAAGACTTTGAAGGTAAAGACTTTAAAGGTAAAGATTGCATTAA  
 TTGAGCGTGGTGGTGGACTTGATTtTATGACTAAATCACTCATGCTACA  
 AATGCAGGTGTtGTGGTATCGTTATTtTAAACGATCAAGAAAAACGTGG  
 AAATTTCTAAATTCCTTACCGTGAATTACCTGTGGGGTTTATAGTAAAG  
 TAGATGGCGAGCGTATAAAAAATACTTCAAGTCAGTTAACTTTAAACAG  
 AGATTGAAGTAGTTGATAGCCAAAGGTGGCAATCGTATGCTGGAACAATC  
 aAGTtGGGGCGTGACAGCTGAAGGAGCAATCAAGCCTGATGTAACAGCTT  
 CTGGCTTCGaAATTTATCTTCAaCCTATAATAATCAATACCAAAACAATG  
 TCTGGTACAAGTATGGCTTCAACCATGTTGCAGGATTAATGACAATGCT  
 TCAAGTCATTtGGCTGAGaAATATAAAGGGATGAATTTAgATTCTAaAA  
 AATTGCTAGAATTGTCTAAAAACATCCTCATGAGCTCAGCAACAGCATT  
 TATAGTGAAGAGGATAAGCGTtTTTATTCAACAGCTCAGCAAGGtGCAGG  
 TGTAGTTGATGCTGAAAAAGCTATCAAGCTCAATATTATGTTACTGGAA  
 ACGATGGCAAGCTAAAAATTAATCTCAACGAGTGGGAGATAAATTTGAT  
 ATCAAGTTACAATTCATAAATCTGTAGAAGGTGTCAAAGAAATGTATTA  
 TCAAGCTAATGTAGCAACAGAAACAGTAAATAAAGGTAAATTTGCCCTTA  
 AACCACAAGCCTTGTCTAGATACTAATTGGCAGAAAGTAATTTCTtGTGAT  
 AAAGAAACACAAGTTCGATTtTACTATTGATGCTAGTCAATTTAGTCAGAA  
 ATTAAGAAGACAGATGGCAAAATGGTTATTCTTtagAAGGTTTGTAGCTT  
 TTAAAGAAGCTAAGGATAGTAATCAGGAGTTAATGAGTATTCCTTTTGTA  
 GGATTtAATGGTGAATTtTGGAGCTTACAAGCACTTGAACACOGATTTA  
 TAAGACGCTTTCTAAGGTAGTTTCTACTATAAAACCAATGATCAAACTC  
 ATAAAGACCAATTTGAGTATAATGAATCAGCTCCTTTTGAAGCAACAAC  
 TATACCTGCCCTTGTAAACAAATCAGCGTCTTGGGGCTATGTTGATTATGT  
 CAAAAATGGTGGGGAGTTAGAATTAGCACCGGAGAGTcCAAAAGAAATTA  
 TTTTAGGAACCTTTGAGAATAAGGTTGAGGATAAAACAAATTCATCTTTTG  
 GAAAGAGATGCAGCGAATAATCCATATTtTGCCATTtCTCCAATAAAGA  
 TGAAGATAGGGATGAAATCACTCCCAAGCAACTTCTTAAGAAATGTTA  
 AGGATATTtTGCTCAAGTTCTAGATCAAAATGGAATGTTATTtTGGCAA  
 AGTAAGGTTTACCATCTTATCGTAAAAATTTCCATAATAATCCAAGCA  
 GAGTGAATGTCATTATCGTATGGATGCCCTTCAGTGGAGTGGTTTtagATA  
 AGGATGGCAAGTTGTAGCAGATGGTTTtTACTTATCGCTTACGTTAC  
 ACACAGTAGCAGAAGGAGCAAAATAGTCAGGAGTCAGACTTTAAAGTTCA  
 AGTAAGTACTAAGTCACCAATCTTCTTCAAGAGCTCAGTTTGAATGaAA  
 CTAATCGAACATTAAGCTTAGCCATGCCCTAAGGGAAGTAGTTATGTTCT  
 ATATATCGTCTACAATTAGTTTtTATCTCATGTTGTAAGATGAAGAATA  
 TGGAGATGAGACTTCTTACTATTATTtCCATATAGATCAAGAAGGTAAG  
 CGACACTTCTAAAAAGGTTAAGATAGGAGAGAGTGAGGTTGCAGTAGAC  
 CCTAAGGCCCTTGACACTTGTGTGGAAGATAAAGCTGGTAATTTGCGCaC  
 GGTAAAAATTGCTGACCTCTTGAATAAGGCAGTAGTATCAGAGAAAGAAA  
 ACGCTATAGTAATTTCTAACAGTTTCAAAATTTTGTAACTTGAAAAAA  
 GAACCTATGTTTATTtCTAAAAAGAAAAAGTAGTAACAAGAACTTAGA  
 AGAaATAATATTAGTTAAGCCGCACaACTACAGTTACTACTCaATCATTGT  
 CTAAAGAAATAACTAAATCAGGAAATGAGAAAGTCTCACTCTCAACAAC  
 AATAATAGTAGTAGAGTAGCTAAAAATCATATCACCTAAACATAATGGGGA  
 TTCTGTTAACCATACC

SEQ ID NO. 4411

STRAIN JM9130013

GAGGAGCAAGAATTAAAAAACCAGAGCAATCACCTGTAA  
 TTGCTAATGTTGCTCAACAGCCATCGCCATCGGTAACCTACTAATACTGTT  
 GAAAAAATCTGTAAACAGCTGCTTCTGCTAGTAATACAGCGAAAGAAAT  
 GGGTGATACATCTGTAAAAATGACAAAACAGAAAGATGAATTATTAGAAG  
 AGTTATCTAAAAACCTTGATACGTCTAATTTGGGGGCTGATCTTGAAGAA  
 GAATATCCCTCTAAACAGAGACAACCAACATAAAGAAAGCAATGTAGT  
 AACAAATGCTTCAACTGCAATAGCAGAAAAGTTCCCTCAGCATATGAAG  
 AGGTGAAGCCAGAAAGCAAGTCATCGCTTGTCTTCTTGATACATCTAAA  
 ATAAACAAATTAAGCCATAACCCAAAGAGGAAAGGGAATGTAGTAGC  
 TATTATTGATCTGCTTTGATATTAAACCATGATATTTTCGTTTAGATA  
 GCCCAAAAGATGATAGCACAGCTTTAAACCTAAGACAGAATTGAGGAA  
 TTAAGCAAAACATAATATCACTTATGGGAAATGGGTTAACGATAAGAT  
 TGTTTTGGCACATAACTACGCCAACATAACAGAAACGGTGGCTGATATTG  
 CAGCAGCTATGAAGATGGTTATGGTTTCAAGCAAAAGAAATATTTCGCAT

Table 44: Comparative Sequences relating to SAG0416 (strain info highlighted in BOLD)

GGTACACACGTTGCTGGTATTTTGTAGGTAATAGTAAACGTCACGCAAT  
 CAATGGTCTTCTTTAGAAGGTGCAGCGCCAAATGCTCAAGTCTTATTAA  
 TGGCTATTCCAGATAAAATTGATTCCGACAAATTTGGTGAAGCATATGCT  
 AAAGCAATCACAGACGCTGTTAATCTAGGAGCAAAAACGATTAAATATGAG  
 TATTGGAAAAACAGCTGATTCTTTAATTGCTCTCAATGATAAAGTTAAAT  
 TAGCACTTAAATAGCTTCTGAGAAGGGCGTTGCAGTTGTTGGCTGCC  
 GGAAATGAAGGCGCAATTTGGTATGGATTATAGCAAAACATTATCAACTAA  
 TCCTGACTACGGTACGGTTAATAGTCCAGCTATTCTGAAGATACCTTGA  
 GTGTTGCTAGCTATGAATCACTTAAACTATCAGTGAAGGTCGTTGAACA  
 ACTATTGAAGGTAAGTTAGTTAAGTTGCCGATTGTGACTTCTAAACCTTT  
 TGACAAAGGTAAGGCCATACGATGTGGTTTATGCCAATTATGGTGCAAAAA  
 AAGACTTTGAAGGTAAGGACTTTAAAGGTAAGATTGCATTAAATTGAGCGT  
 GGTGGTGGACTTGATTTTATGACTAAAATCACTCATGCTACAAATGCAGG  
 TGTTGTTGGTATCGTTATTTTAAACGATCAAGAAAAACGTGGAAATTTTC  
 TAAATCCTTACCGTGAATTACCTGTGGGGATTATTAGTAAAGTAGATGCC  
 GAGCGTATAAAAAAATCTTCAAGTCAGTTAACATTTAACCAAGTTTTGA  
 AGTAGTTGATAGCCAAGGTGTAATCGTATGCTGGAACAATCAAGTTGGG  
 GCGTGACAGCTGAAGGAGCAATCAAGCCTGATGTAAACAGCTTCTGGCTTT  
 GAAATTTATTCTTCAACCTATAATAATCAATACCAACAATGTCTGGTAC  
 AAGTATGGCTTCCACCATGTTGCAGGATTATGACAATGCTTCAAGTC  
 ATTTGGCTGAGAAATATAAAGGGGATGAATTAGATTCTAAAAAATTTGCTA  
 GAATTGTCTAAAAACATCCTCATGAGCTCAGCAACAGCATTATATAGTGA  
 AGAGGATAAGGCGTTTATTCAACACGTCAGCAAGGTGCAGGTGTAGTTG  
 ATGCTGAAAAAGCTATCCAAAGCTCAATATTATATTACTGGAACGATGGC  
 AAAGCTAAAAATTAATCTCAAAACGAATGGGAGATAAATTGATATCACAGT  
 TACAATTCATAAATCTGTAGAAGGTGTCAAGAAATGTATTATCAAGCTA  
 ATGTAGCAACAGAAACAGTAATAAAGGTAATTTGCCCTTAAACCAAA  
 GCCTTGCTAGATACTAATTGGCAGAAAGTAATCTTCGTGATAAAGAAAC  
 ACAAGTTTCGATTACTATTGATGCTAGTCAATTTAGTCAGAAATTAAG  
 AACAGATGGCAATGGTTATTTCTTAGAAGGTTTGTACGTTTTTAAAGAA  
 GCCAAGGATAGTAATCAGGAGTTAATGAGTATTCCTTTTGTAGGATTTAA  
 TGGTGAATTTTGGCAACTTCAAGCACTTGAACACCGATTATAAGACGC  
 TTTCTAAAGGTAGTTTCTACTATAAAACCAATGATACAATCTATAAGAC  
 CAATTGGAGTACAAATGAATCAGCTCCTTTTGAAGCAACAATACTATGCG  
 CTGTTTAAACAATCAGCGTCTTGGGGCTATGTTGATTATGTCAAAATG  
 GTGGGAGTTAGAATTAGCACCGGAGAGTCCAAAAGAATTATTTTAGGA  
 ACTTTTGAGAAATAGGTTGAGGATAAAACAATTCATCTTTTGGAAAGAGA  
 TGCAGCGAAATATCCATATTTTGCCATTTCTCCAAATAAAGATGGAAATA  
 GGGACGAAATCACTCCCCAGGCAACTTTCTTAAGAAATGTTAAGGATATT  
 TCTGCTCAAGTTCTAGATCAAAATGGAAATGTTATTTGGCAAAGTAAGGT  
 TTTACCATCTTATCGTAAAAATTTCCATAATAATCCAAAGCAAGTGATG  
 GTCAATTATCGTATGGATGCTCTTCAGTGGAGTGGTTAGATAAGGATGGC  
 AAAGTTGTAGCAGATGGTTTTTATACCTTATCGCTTACGTTACACACCAAT  
 AGCAGAAGGAGCAAAATAGTCAGGAGTCAGACTTTAAAGTACAAGTAAGTA  
 CTAAGTCACCAAACTCTTCTTCAAGAGCTCAGTTTGTAGAACTAATCGA  
 ACATTAAGCTTAGCCATGCTTAAGGAAAGTAGTTATGTTCTTACATATCG  
 TTTACAATTAGTTTATCTCATGTTGTAAAAGATGAAGAATATGGGGATG  
 AGACTTCTTACCATTATTTCCATATAGATCAAGAAGGTAAAGTGACACTT  
 CCTAAAACGGTTAAGATAGGAGAGAGTGAGGTTGCGGTAGACCTTAAGGC  
 CTGACACTTGTGTGGAGATAAAGCTGGTAAATTCGCAACGGTAAAAAT  
 TGTCGTATCTCTTGAATAAGGCAGTAGTATCAGAGAAAGAAACGCTATA  
 GTAATTTCTAACAGTTTCAAAATTTTGATAACTTGAAGAAAAAGCACTAT  
 GTTTATTTCTAAAAAAGAAAAAGTAGTAAACAAGAATCTAGAAGAAATAA  
 TATTAGTTAAGCCGCAAACTACAGTTACTACTCAATCATTTGTCTAAAGAA  
 ATAACATAATCAGGAAATGAGAAAGTCTCTCACTTCTACAAACAATAATAG  
 TAGCAGATAGCTAAGATCATATCACCTAAACATAACGGGGATTCTGTTA  
 ACCATACC

PRETTY of: /biotmp/msa183564.2(\*) May 13, 2003 03:28 ...

	1	50
msa183564.2{147_COH1}	-----	-----
msa183564.2{147_M732}	-----	-----
msa183564.2{147_M781}	-----	-----
msa183564.2{147_2603}	gtggataaac atcactcaaa aaaggctatt ttaaagttaa cacttataac	-----
msa183564.2{147_JM9130013}	-----	-----
msa183564.2{147_18RS21}	-----	-----
msa183564.2{147_090}	-----	-----
msa183564.2{147_CJB110}	-----	-----
msa183564.2{147_A909}	-----	-----
msa183564.2{147_H36B}	-----	-----
msa183564.2{147_1169NT}	-----	-----
Consensus	*****	*****
	51	100
msa183564.2{147_COH1}	-----	GAGGAGCAAG
msa183564.2{147_M732}	-----	GAGGAGCAAG
msa183564.2{147_M781}	-----	GAGGAGCAAG
msa183564.2{147_2603}	aactagtatt ttattaatgc atagcaatca agtgaatgca	GAGGAGCAAG
msa183564.2{147_JM9130013}	-----	GAGGAGCAAG
msa183564.2{147_18RS21}	-----	GAGGAGCAAG
msa183564.2{147_090}	-----	GAGGAGCAAG
msa183564.2{147_CJB110}	-----	GAGGAGCAAG

Table 44: Comparative Sequences relating to SAG0416 (strain info highlighted in BOLD)

msa183564.2{147_A909}	-----	-----	-----	-----	GAGGAGCAAG
msa183564.2{147_H36B}	-----	-----	-----	-----	GAGGAGCAAG
msa183564.2{147_1169NT}	-----	-----	-----	-----	GAGGAGCAAG
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
101					
msa183564.2{147_COH1}	AATTAAAAA	CCAAGAGCAA	TCACCTGTAA	TTGCTAATGT	TGCTCAACAG
msa183564.2{147_M732}	AATTAAAAA	CCAAGAGCAA	TCACCTGTAA	TTGCTAATGT	TGCTCAACAG
msa183564.2{147_M781}	AATTAAAAA	CCAAGAGCAA	TCACCTGTAA	TTGCTAATGT	TGCTCAACAG
msa183564.2{147_2603}	AATTAAAAA	CCAAGAGCAA	TCACCTGTAA	TTGCTAATGT	TGCTCAACAG
msa183564.2{147_JM9130013}	AATTAAAAA	CCAAGAGCAA	TCACCTGTAA	TTGCTAATGT	TGCTCAACAG
msa183564.2{147_18RS21}	AATTAAAAA	CCAAGAGCAA	TCACCTGTAA	TTGCTAATGT	TGCTCAACAG
msa183564.2{147_090}	AATTAAAAA	CCAAGAGCAA	TCACCTGTAA	TTGCTAATGT	TGCTCAACAG
msa183564.2{147_CJB110}	AATTAAAAA	CCAAGAGCAA	TCACCTGTAA	TTGCTAATGT	TGCTCAACAG
msa183564.2{147_A909}	AATTAAAAA	CCAAGAGCAA	TCACCTGTAA	TTGCTAATGT	TGCTCAACAG
msa183564.2{147_H36B}	AATTAAAAA	CCAAGAGCAA	TCACCTGTAA	TTGCTAATGT	TGCTCAACAG
msa183564.2{147_1169NT}	AATTAAAAA	CCAAGAGCAA	TCACCTGTAA	TTGCTAATGT	TGCTCAACAG
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
151					
msa183564.2{147_COH1}	CCATCGCCAT	CGGTAACCTAC	TAATATGTGT	GAAAAACAT	CTGTAAcAgC
msa183564.2{147_M732}	CCATCGCCAT	CGGTAACCTAC	TAATATGTGT	GAAAAACAT	CTGTAAcAgC
msa183564.2{147_M781}	CCATCGCCAT	CGGTAACCTAC	TAATATGTGT	GAAAAACAT	CTGTAAcAgC
msa183564.2{147_2603}	CCATCGCCAT	CGGTAACCTAC	TAATATGTGT	GAAAAACAT	CTGTAAcAgC
msa183564.2{147_JM9130013}	CCATCGCCAT	CGGTAACCTAC	TAATATGTGT	GAAAAACAT	CTGTAAcAgC
msa183564.2{147_18RS21}	CCATCGCCAT	CGGTAACCTAC	TAATATGTGT	GAAAAACAT	CTGTAAcAgC
msa183564.2{147_090}	CCATCGCCAT	CGGTAACCTAC	TAATATGTGT	GAAAAACAT	CTGTAAcAgC
msa183564.2{147_CJB110}	CCATCGCCAT	CGGTAACCTAC	TAATATGTGT	GAAAAACAT	CTGTAAcAgC
msa183564.2{147_A909}	CCATCGCCAT	CGGTAACCTAC	TAATATGTGT	GAAAAACAT	CTGTAAcAgC
msa183564.2{147_H36B}	CCATCGCCAT	CGGTAACCTAC	TAATATGTGT	GAAAAACAT	CTGTAAcAgC
msa183564.2{147_1169NT}	CCATCGCCAT	CGGTAACCTAC	TAATATGTGT	GAAAAACAT	CTGTAAcAgC
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
201					
msa183564.2{147_COH1}	TGCTTCTGCT	AGTAATACAG	CGAAAGAAAT	GGGTGATACA	TCTGTAAAAA
msa183564.2{147_M732}	TGCTTCTGCT	AGTAATACAG	CGAAAGAAAT	GGGTGATACA	TCTGTAAAAA
msa183564.2{147_M781}	TGCTTCTGCT	AGTAATACAG	CGAAAGAAAT	GGGTGATACA	TCTGTAAAAA
msa183564.2{147_2603}	TGCTTCTGCT	AGTAATACAG	CGAAAGAAAT	GGGTGATACA	TCTGTAAAAA
msa183564.2{147_JM9130013}	TGCTTCTGCT	AGTAATACAG	CGAAAGAAAT	GGGTGATACA	TCTGTAAAAA
msa183564.2{147_18RS21}	TGCTTCTGCT	AGTAATACAG	CGAAAGAAAT	GGGTGATACA	TCTGTAAAAA
msa183564.2{147_090}	TGCTTCTGCT	AGTAATACAG	CGAAAGAAAT	GGGTGATACA	TCTGTAAAAA
msa183564.2{147_CJB110}	TGCTTCTGCT	AGTAATACAG	CGAAAGAAAT	GGGTGATACA	TCTGTAAAAA
msa183564.2{147_A909}	TGCTTCTGCT	AGTAATACAG	CGAAAGAAAT	GGGTGATACA	TCTGTAAAAA
msa183564.2{147_H36B}	TGCTTCTGCT	AGTAATACAG	CGAAAGAAAT	GGGTGATACA	TCTGTAAAAA
msa183564.2{147_1169NT}	TGCTTCTGCT	AGTAATACAG	CGAAAGAAAT	GGGTGATACA	TCTGTAAAAA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
251					
msa183564.2{147_COH1}	ATGACAAAAC	AGAAGATGAA	TTATTAGAAG	AGTTATCTAA	AAACCTTGAT
msa183564.2{147_M732}	ATGACAAAAC	AGAAGATGAA	TTATTAGAAG	AGTTATCTAA	AAACCTTGAT
msa183564.2{147_M781}	ATGACAAAAC	AGAAGATGAA	TTATTAGAAG	AGTTATCTAA	AAACCTTGAT
msa183564.2{147_2603}	ATGACAAAAC	AGAAGATGAA	TTATTAGAAG	AGTTATCTAA	AAACCTTGAT
msa183564.2{147_JM9130013}	ATGACAAAAC	AGAAGATGAA	TTATTAGAAG	AGTTATCTAA	AAACCTTGAT
msa183564.2{147_18RS21}	ATGACAAAAC	AGAAGATGAA	TTATTAGAAG	AGTTATCTAA	AAACCTTGAT
msa183564.2{147_090}	ATGACAAAAC	AGAAGATGAA	TTATTAGAAG	AGTTATCTAA	AAACCTTGAT
msa183564.2{147_CJB110}	ATGACAAAAC	AGAAGATGAA	TTATTAGAAG	AGTTATCTAA	AAACCTTGAT
msa183564.2{147_A909}	ATGACAAAAC	AGAAGATGAA	TTATTAGAAG	AGTTATCTAA	AAACCTTGAT
msa183564.2{147_H36B}	ATGACAAAAC	AGAAGATGAA	TTATTAGAAG	AGTTATCTAA	AAACCTTGAT
msa183564.2{147_1169NT}	ATGACAAAAC	AGAAGATGAA	TTATTAGAAG	AGTTATCTAA	AAACCTTGAT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
301					
msa183564.2{147_COH1}	ACGTCTAATt	TGGGGGCTGA	TCTTGAAGAA	GAATATCCCT	CTAAACCAGA
msa183564.2{147_M732}	ACGTCTAATt	TGGGGGCTGA	TCTTGAAGAA	GAATATCCCT	CTAAACCAGA
msa183564.2{147_M781}	ACGTCTAATt	TGGGGGCTGA	TCTTGAAGAA	GAATATCCCT	CTAAACCAGA
msa183564.2{147_2603}	ACGTCTAATt	TGGGGGCTGA	TCTTGAAGAA	GAATATCCCT	CTAAACCAGA
msa183564.2{147_JM9130013}	ACGTCTAATt	TGGGGGCTGA	TCTTGAAGAA	GAATATCCCT	CTAAACCAGA
msa183564.2{147_18RS21}	ACGTCTAATt	TGGGGGCTGA	TCTTGAAGAA	GAATATCCCT	CTAAACCAGA
msa183564.2{147_090}	ACGTCTAATt	TGGGGGCTGA	TCTTGAAGAA	GAATATCCCT	CTAAACCAGA
msa183564.2{147_CJB110}	ACGTCTAATw	TGGGGGCTGA	TCTTGAAGAA	GAATATCCCT	CTAAACCAGA
msa183564.2{147_A909}	ACGTCTAATt	TGGGGGCTGA	TCTTGAAGAA	GAATATCCCT	CTAAACCAGA
msa183564.2{147_H36B}	ACGTCTAATt	TGGGGGCTGA	TCTTGAAGAA	GAATATCCCT	CTAAACCAGA
msa183564.2{147_1169NT}	ACGTCTAATa	TGGGGGCTGA	TCTTGAAGAA	GAATATCCCT	CTAAACCAGA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
351					
msa183564.2{147_COH1}	GACAACCAAC	AATAAaGAAA	GCAATGTAGT	AACAAATGCT	TCAACTGCAA
msa183564.2{147_M732}	GACAACCAAC	AATAAaGAAA	GCAATGTAGT	AACAAATGCT	TCAACTGCAA
msa183564.2{147_M781}	GACAACCAAC	AATAAaGAAA	GCAATGTAGT	AACAAATGCT	TCAACTGCAA
msa183564.2{147_2603}	GACAACCAAC	AATAAaGAAA	GCAATGTAGT	AACAAATGCT	TCAACTGCAA
msa183564.2{147_JM9130013}	GACAACCAAC	AATAAaGAAA	GCAATGTAGT	AACAAATGCT	TCAACTGCAA
msa183564.2{147_18RS21}	GACAACCAAC	AATAAaGAAA	GCAATGTAGT	AACAAATGCT	TCAACTGCAA
msa183564.2{147_090}	GACAACCAAC	AATAAaGAAA	GCAATGTAGT	AACAAATGCT	TCAACTGCAA

Table 44: Comparative Sequences relating to SAG0416 (strain info highlighted in BOLD)

msa183564.2{147_CJB110}	GACAACCAAC	AATAAaGAAA	GCAATGTAGT	AACAAATGCT	TCAACTGCAA
msa183564.2{147_A909}	GACAACCAAC	AATAAaGAAA	GCAATGTAGT	AACAAATGCT	TCAACTGCAA
msa183564.2{147_H36B}	GACAACCAAC	AATAAaGAAA	GCAATGTAGT	AACAAATGCT	TCAACTGCAA
msa183564.2{147_1169NT}	GACAACCAAC	AATAAaGAAA	GCAATGTAGT	AACAAATGCT	TCAACTGCAA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
401					
msa183564.2{147_COH1}	TAGCACAGAA	AGTTCCCTCA	GCaTATGAAG	AGGTGAAGtC	AgAAAGCAAG
msa183564.2{147_M732}	TAGCACAGAA	AGTTCCCTCA	GCaTATGAAG	AGGTGAAGtC	AgAAAGCAAG
msa183564.2{147_M781}	TAGCACAGAA	AGTTCCCTCA	GCaTATGAAG	AGGTGAAGtC	AgAAAGCAAG
msa183564.2{147_2603}	TAGCACAGAA	AGTTCCCTCA	GCaTATGAAG	AGGTGAAGcC	AgAAAGCAAG
msa183564.2{147_JM9130013}	TAGCACAGAA	AGTTCCCTCA	GCaTATGAAG	AGGTGAAGcC	AgAAAGCAAG
msa183564.2{147_18RS21}	TAGCACAGAA	AGTTCCCTCA	GCGTATGAAG	AGGTGAAGcC	AgAAAGCAAG
msa183564.2{147_090}	TAGCACAGAA	AGTTCCCTCA	GCGTATGAAG	AGGTGAAGcC	AgAAAGCAAG
msa183564.2{147_CJB110}	TAGCACAGAA	AGTTCCCTCA	GCaTATGAAG	AGGTGAAGcC	AgAAAGCAAG
msa183564.2{147_A909}	TAGCACAGAA	AGTTCCCTCA	GCaTATGAAG	AGGTGAAGcC	AgAAAGCAAG
msa183564.2{147_H36B}	TAGCACAGAA	AGTTCCCTCA	GCaTATGAAG	AGGTGAAGcC	AgAAAGCAAG
msa183564.2{147_1169NT}	TAGCACAGAA	AGTTCCCTCA	GCaTATGAAG	AGGTGAAGcC	AgAAAGCAAG
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
451					
msa183564.2{147_COH1}	TCATCgCTTG	CTGTTcTTGA	TACATCTAAA	ATAACAAAAT	TaCAAGCCAC
msa183564.2{147_M732}	TCATCgCTTG	CTGTTcTTGA	TACATCTAAA	ATAACAAAAT	TaCAAGCCAC
msa183564.2{147_M781}	TCATCgCTTG	CTGTTcTTGA	TACATCTAAA	ATAACAAAAT	TaCAAGCCAC
msa183564.2{147_2603}	TCATCgCTTG	CTGTTcTTGA	TACATCTAAA	ATAACAAAAT	TaCAAGCCAC
msa183564.2{147_JM9130013}	TCATCgCTTG	CTGTTcTTGA	TACATCTAAA	ATAACAAAAT	TaCAAGCCAC
msa183564.2{147_18RS21}	TCATCgCTTG	CTGTTcTTGA	TACATCTAAA	ATAACAAAAT	TaCAAGCCAT
msa183564.2{147_090}	TCATCgCTTG	CTGTTcTTGA	TACATCTAAA	ATAACAAAAT	TgCAAGCCAT
msa183564.2{147_CJB110}	TCATCgCTTG	CTGTTcTTGA	TACATCTAAA	ATAACAAAAT	TgCAAGCCAT
msa183564.2{147_A909}	TCATCgCTTG	CTGTTcTTGA	TACATCTAAA	ATAACAAAAT	TgCAAGCCAT
msa183564.2{147_H36B}	TCATCgCTTG	CTGTTcTTGA	TACATCTAAA	ATAACAAAAT	TgCAAGCCAT
msa183564.2{147_1169NT}	TCATCgCTTG	CTGTTcTTGA	TACATCTAAA	ATAACAAAAT	TgCAAGCCAT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
501					
msa183564.2{147_COH1}	AACCCAAAGA	GGAAAGGGAA	ATGTAGTAGC	TATTATTGAT	ACTGGCITTG
msa183564.2{147_M732}	AACCCAAAGA	GGAAAGGGAA	ATGTAGTAGC	TATTATTGAT	ACTGGCITTG
msa183564.2{147_M781}	AACCCAAAGA	GGAAAGGGAA	ATGTAGTAGC	TATTATTGAT	ACTGGCITTG
msa183564.2{147_2603}	AACCCAAAGA	GGAAAGGGAA	ATGTAGTAGC	TATTATTGAT	ACTGGCITTG
msa183564.2{147_JM9130013}	AACCCAAAGA	GGAAAGGGAA	ATGTAGTAGC	TATTATTGAT	ACTGGCITTG
msa183564.2{147_18RS21}	AACCCAAAGA	GGAAAGGGAA	ATGTAGTAGC	TATTATTGAT	ACTGGCITTG
msa183564.2{147_090}	AACCCAAAGA	GGAAAGGGAA	ATGTAGTAGC	TATTATTGAT	ACTGGCITTG
msa183564.2{147_CJB110}	AACCCAAAGA	GGAAAGGGAA	ATGTAGTAGC	TATTATTGAT	ACTGGCITTG
msa183564.2{147_A909}	AACCCAAAGA	GGAAAGGGAA	ATGTAGTAGC	TATTATTGAT	ACTGGCITTG
msa183564.2{147_H36B}	AACCCAAAGA	GGAAAGGGAA	ATGTAGTAGC	TATTATTGAT	ACTGGCITTG
msa183564.2{147_1169NT}	AACCCAAAGA	GGAAAGGGAA	ATGTAGTAGC	TATTATTGAT	ACTGGCITTG
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
551					
msa183564.2{147_COH1}	ATATTAACCA	TGATATTTTT	CGTTTAGATA	GCCCAAAAGA	TGATAAGCAC
msa183564.2{147_M732}	ATATTAACCA	TGATATTTTT	CGTTTAGATA	GCCCAAAAGA	TGATAAGCAC
msa183564.2{147_M781}	ATATTAACCA	TGATATTTTT	CGTTTAGATA	GCCCAAAAGA	TGATAAGCAC
msa183564.2{147_2603}	ATATTAACCA	TGATATTTTT	CGTTTAGATA	GCCCAAAAGA	TGATAAGCAC
msa183564.2{147_JM9130013}	ATATTAACCA	TGATATTTTT	CGTTTAGATA	GCCCAAAAGA	TGATAAGCAC
msa183564.2{147_18RS21}	ATATTAACCA	TGATATTTTT	CGTTTAGATA	GCCCAAAAGA	TGATAAGCAC
msa183564.2{147_090}	ATATTAACCA	TGATATTTTT	CGTTTAGATA	GCCCAAAAGA	TGATAAGCAC
msa183564.2{147_CJB110}	ATATTAACCA	TGATATTTTT	CGTTTAGATA	GCCCAAAAGA	TGATAAGCAC
msa183564.2{147_A909}	ATATTAACCA	TGATATTTTT	CGTTTAGATA	GCCCAAAAGA	TGATAAGCAC
msa183564.2{147_H36B}	ATATTAACCA	TGATATTTTT	CGTTTAGATA	GCCCAAAAGA	TGATAAGCAC
msa183564.2{147_1169NT}	ATATTAACCA	TGATATTTTT	CGTTTAGATA	GCCCAAAAGA	TGATAAGCAC
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
601					
msa183564.2{147_COH1}	AGCTTTAAAA	cTAaggCAGA	ATTtGAGGAA	TTAAAAGCAA	AACATAATAT
msa183564.2{147_M732}	AGCTTTAAAA	cTAaggCAGA	ATTtGAGGAA	TTAAAAGCAA	AACATAATAT
msa183564.2{147_M781}	AGCTTTAAAA	cTAaggCAGA	ATTtGAGGAA	TTAAAAGCAA	AACATAATAT
msa183564.2{147_2603}	AGCTTTAAAA	cTAaggCAGA	ATTtGAGGAA	TTAAAAGCAA	AACATAATAT
msa183564.2{147_JM9130013}	AGCTTTAAAA	cTAaggCAGA	ATTtGAGGAA	TTAAAAGCAA	AACATAATAT
msa183564.2{147_18RS21}	AGCTTTAAAA	cTAaggCAGA	ATTtGAGGAA	TTAAAAGCAA	AACATAATAT
msa183564.2{147_090}	AGCTTTAAAA	cTAaggCAGA	ATTtGAGGAA	TTAAAAGCAA	AACATAATAT
msa183564.2{147_CJB110}	AGCTTTAAAA	cTAaggCAGA	ATTtGAGGAA	TTAAAAGCAA	AACATAATAT
msa183564.2{147_A909}	AGCTTTAAAA	cTAaggCAGA	ATTtGAGGAA	TTAAAAGCAA	AACATAATAT
msa183564.2{147_H36B}	AGCTTTAAAA	cTAaggCAGA	ATTtGAGGAA	TTAAAAGCAA	AACATAATAT
msa183564.2{147_1169NT}	AGCTTTAAAA	cTAaggCAGA	ATTtGAGGAA	TTAAAAGCAA	AACATAATAT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
651					
msa183564.2{147_COH1}	CACCTATGGG	AAATGGGTTA	ACGATAAGAT	TGTTTTTGCA	CATAACTACG
msa183564.2{147_M732}	CACCTATGGG	AAATGGGTTA	ACGATAAGAT	TGTTTTTGCA	CATAACTACG
msa183564.2{147_M781}	CACCTATGGG	AAATGGGTTA	ACGATAAGAT	TGTTTTTGCA	CATAACTACG
msa183564.2{147_2603}	CACCTATGGG	AAATGGGTTA	ACGATAAGAT	TGTTTTTGCA	CATAACTACG
msa183564.2{147_JM9130013}	CACCTATGGG	AAATGGGTTA	ACGATAAGAT	TGTTTTTGCA	CATAACTACG
msa183564.2{147_18RS21}	CACCTATGGG	AAATGGGTTA	ACGATAAGAT	TGTTTTTGCA	CATAACTACG

Table 44: Comparative Sequences relating to SAG0416 (strain info highlighted in BOLD)

msa183564.2{147_090}	CACCTTATGGG	AAATGGGTTA	ACGATAAGAT	TGTTTTTGCA	CATAACTACG
msa183564.2{147_CJB110}	CACCTTATGGG	AAATGGGTTA	ACGATAAGAT	TGTTTTTGCA	CATAACTACG
msa183564.2{147_A909}	CACCTTATGGG	AAATGGGTTA	ACGATAAGAT	TGTTTTTGCA	CATAACTACG
msa183564.2{147_H36B}	CACCTTATGGG	AAATGGGTTA	ACGATAAGAT	TGTTTTTGCA	CATAACTACG
msa183564.2{147_1169NT}	CACCTTATGGG	AAATGGGTTA	ACGATAAGAT	TGTTTTTGCA	CATAACTACG
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa183564.2{147_COH1}	CCAACAATAC	AGAAACGGTG	GCTGATATTG	CAGCAGCTAT	GAAAGATGGT
msa183564.2{147_M732}	CCAACAATAC	AGAAACGGTG	GCTGATATTG	CAGCAGCTAT	GAAAGATGGT
msa183564.2{147_M781}	CCAACAATAC	AGAAACGGTG	GCTGATATTG	CAGCAGCTAT	GAAAGATGGT
msa183564.2{147_2603}	CCAACAATAC	AGAAACGGTG	GCTGATATTG	CAGCAGCTAT	GAAAGATGGT
msa183564.2{147_JM9130013}	CCAACAATAC	AGAAACGGTG	GCTGATATTG	CAGCAGCTAT	GAAAGATGGT
msa183564.2{147_18RS21}	CCAACAATAC	AGAAACGGTG	GCTGATATTG	CAGCAGCTAT	GAAAGATGGT
msa183564.2{147_090}	CCAACAATAC	AGAAACGGTG	GCTGATATTG	CAGCAGCTAT	GAAAGATGGT
msa183564.2{147_CJB110}	CCAACAATAC	AGAAACGGTG	GCTGATATTG	CAGCAGCTAT	GAAAGATGGT
msa183564.2{147_A909}	CCAACAATAC	AGAAACGGTG	GCTGATATTG	CAGCAGCTAT	GAAAGATGGT
msa183564.2{147_H36B}	CCAACAATAC	AGAAACGGTG	GCTGATATTG	CAGCAGCTAT	GAAAGATGGT
msa183564.2{147_1169NT}	CCAACAATAC	AGAAACGGTG	GCTGATATTG	CAGCAGCTAT	GAAAGATGGT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa183564.2{147_COH1}	TATGGGTCAG	AAGCAAAGAA	TATTTcGCAT	GGTACACACG	TTGCTGGTAT
msa183564.2{147_M732}	TATGGGTCAG	AAGCAAAGAA	TATTTcGCAT	GGTACACACG	TTGCTGGTAT
msa183564.2{147_M781}	TATGGGTCAG	AAGCAAAGAA	TATTTcGCAT	GGTACACACG	TTGCTGGTAT
msa183564.2{147_2603}	TATGGGTCAG	AAGCAAAGAA	TATTTcGCAT	GGTACACACG	TTGCTGGTAT
msa183564.2{147_JM9130013}	TATGGGTCAG	AAGCAAAGAA	TATTTcGCAT	GGTACACACG	TTGCTGGTAT
msa183564.2{147_18RS21}	TATGGGTCAG	AAGCAAAGAA	TATTTcGCAT	GGTACACACG	TTGCTGGTAT
msa183564.2{147_090}	TATGGGTCAG	AAGCAAAGAA	TATTTcGCAT	GGTACACACG	TTGCTGGTAT
msa183564.2{147_CJB110}	TATGGGTCAG	AAGCAAAGAA	TATTTcGCAT	GGTACACACG	TTGCTGGTAT
msa183564.2{147_A909}	TATGGGTCAG	AAGCAAAGAA	TATTTcGCAT	GGTACACACG	TTGCTGGTAT
msa183564.2{147_H36B}	TATGGGTCAG	AAGCAAAGAA	TATTTcGCAT	GGTACACACG	TTGCTGGTAT
msa183564.2{147_1169NT}	TATGGGTCAG	AAGCAAAGAA	TATTTcGCAT	GGTACACACG	TTGCTGGTAT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa183564.2{147_COH1}	TTTTGTAGGT	AATAGTAAAC	GTCCAGCAAT	CAATaGTCCT	CTTTTAGAAG
msa183564.2{147_M732}	TTTTGTAGGT	AATAGTAAAC	GTCCAGCAAT	CAATaGTCCT	CTTTTAGAAG
msa183564.2{147_M781}	TTTTGTAGGT	AATAGTAAAC	GTCCAGCAAT	CAATaGTCCT	CTTTTAGAAG
msa183564.2{147_2603}	TTTTGTAGGT	AATAGTAAAC	GTCCAGCAAT	CAATgGTCCT	CTTTTAGAAG
msa183564.2{147_JM9130013}	TTTTGTAGGT	AATAGTAAAC	GTCCAGCAAT	CAATgGTCCT	CTTTTAGAAG
msa183564.2{147_18RS21}	TTTTGTAGGT	AATAGTAAAC	GTCCAGCAAT	CAATgGTCCT	CTTTTAGAAG
msa183564.2{147_090}	TTTTGTAGGT	AATAGTAAAC	GTCCAGCAAT	CAATgGTCCT	CTTTTAGAAG
msa183564.2{147_CJB110}	TTTTGTAGGT	AATAGTAAAC	GTCCAGCAAT	CAATgGTCCT	CTTTTAGAAG
msa183564.2{147_A909}	TTTTGTAGGT	AATAGTAAAC	GTCCAGCAAT	CAATgGTCCT	CTTTTAGAAG
msa183564.2{147_H36B}	TTTTGTAGGT	AATAGTAAAC	GTCCAGCAAT	CAATgGTCCT	CTTTTAGAAG
msa183564.2{147_1169NT}	TTTTGTAGGT	AATAGTAAAC	GTCCAGCAAT	CAATgGTCCT	CTTTTAGAAG
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa183564.2{147_COH1}	GTGCAGCGCC	AAATGCTCAA	GTCTTATTAA	TGCGTATTCC	AGATAAAATT
msa183564.2{147_M732}	GTGCAGCGCC	AAATGCTCAA	GTCTTATTAA	TGCGTATTCC	AGATAAAATT
msa183564.2{147_M781}	GTGCAGCGCC	AAATGCTCAA	GTCTTATTAA	TGCGTATTCC	AGATAAAATT
msa183564.2{147_2603}	GTGCAGCGCC	AAATGCTCAA	GTCTTATTAA	TGCGTATTCC	AGATAAAATT
msa183564.2{147_JM9130013}	GTGCAGCGCC	AAATGCTCAA	GTCTTATTAA	TGCGTATTCC	AGATAAAATT
msa183564.2{147_18RS21}	GTGCAGCGCC	AAATGCTCAA	GTCTTATTAA	TGCGTATTCC	AGATAAAATT
msa183564.2{147_090}	GTGCAGCGCC	AAATGCTCAA	GTCTTATTAA	TGCGTATTCC	AGATAAAATT
msa183564.2{147_CJB110}	GTGCAGCGCC	AAATGCTCAA	GTCTTATTAA	TGCGTATTCC	AGATAAAATT
msa183564.2{147_A909}	GTGCAGCGCC	AAATGCTCAA	GTCTTATTAA	TGCGTATTCC	AGATAAAATT
msa183564.2{147_H36B}	GTGCAGCGCC	AAATGCTCAA	GTCTTATTAA	TGCGTATTCC	AGATAAAATT
msa183564.2{147_1169NT}	GTGCAGCGCC	AAATGCTCAA	GTCTTATTAA	TGCGTATTCC	AGATAAAATT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa183564.2{147_COH1}	GATTTCGGACA	AATTTGGaGa	AGCATATGCT	AAAGCAATCA	cAGACGCTGT
msa183564.2{147_M732}	GATTTCGGACA	AATTTGGaGa	AGCATATGCT	AAAGCAATCA	cAGACGCTGT
msa183564.2{147_M781}	GATTTCGGACA	AATTTGGaGa	AGCATATGCT	AAAGCAATCA	cAGACGCTGT
msa183564.2{147_2603}	GATTTCGGACA	AATTTGGtGa	AGCATATGCT	AAAGCAATCA	cAGACGCTGT
msa183564.2{147_JM9130013}	GATTTCGGACA	AATTTGGtGa	AGCATATGCT	AAAGCAATCA	cAGACGCTGT
msa183564.2{147_18RS21}	GATTTCGGACA	AATTTGGtGa	AGCATATGCT	AAAGCAATCA	cAGACGCTGT
msa183564.2{147_090}	GATTTCGGACA	AATTTGGaGa	AGCATATGCT	AAAGCAATCA	cAGACGCTGT
msa183564.2{147_CJB110}	GATTTCGGACA	AATTTGGaGa	AGCATATGCT	AAAGCAATCA	cAGACGCTGT
msa183564.2{147_A909}	GATTTCGGACA	AATTTGGtGa	AGCATATGCT	AAAGCAATCA	cAGACGCTGT
msa183564.2{147_H36B}	GATTTCGGACA	AATTTGGtGa	AGCATATGCT	AAAGCAATCA	cAGACGCTGT
msa183564.2{147_1169NT}	GATTTCGGACA	AATTTGGaGa	AGCATATGCT	AAAGCAATCA	cAGACGCTGT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa183564.2{147_COH1}	TAATCTAGGA	GCaAAAACGA	TTAATATGAG	ccTgGGAAAA	ACgGcTgATT
msa183564.2{147_M732}	TAATCTAGGA	GCaAAAACGA	TTAATATGAG	ccTgGGAAAA	ACgGcTgATT
msa183564.2{147_M781}	TAATCTAGGA	GCaAAAACGA	TTAATATGAG	ccTgGGAAAA	ACgGcTgATT
msa183564.2{147_2603}	TAATCTAGGA	GCaAAAACGA	TTAATATGAG	taTtGGAAAA	ACaGcTgATT
msa183564.2{147_JM9130013}	TAATCTAGGA	GCaAAAACGA	TTAATATGAG	taTtGGAAAA	ACaGcTgATT

Table 44: Comparative Sequences relating to SAG0416 (strain info highlighted in BOLD)

msa183564.2{147_18RS21}	TAATCTAGGA	GCaaaaacga	TTAATATGAG	taTtGGAAAA	ACaGctGATT
msa183564.2{147_090}	TAATCTAGGA	GCaaaaacga	TTAATATGAG	ccTtGGAAAA	ACaGCaGATT
msa183564.2{147_CJB110}	TAATCTAGGA	GCaaaaacga	TTAATATGAG	ccTtGGAAAA	ACaGCaGATT
msa183564.2{147_A909}	TAATCTAGGA	GCaaaaacga	TTAATATGAG	ccTtGGAAAA	ACaGCaGATT
msa183564.2{147_H36B}	TAATCTAGGA	GCaaaaacga	TTAATATGAG	ccTtGGAAAA	ACaGCaGATT
msa183564.2{147_1169NT}	TAATCTAGGA	GctAAAACGA	TTAATATGAG	taTtGGAAAA	ACaGctGATT
Consensus	*****	**-*****	*****	-_*-*****	***-..****
msa183564.2{147_COH1}	CTTTAATTGC	tCTCAATGAT	AAAGTTAAAT	TAGCACTTAA	ATTAGCTTCT
msa183564.2{147_M732}	CTTTAATTGC	tCTCAATGAT	AAAGTTAAAT	TAGCACTTAA	ATTAGCTTCT
msa183564.2{147_M781}	CTTTAATTGC	tCTCAATGAT	AAAGTTAAAT	TAGCACTTAA	ATTAGCTTCT
msa183564.2{147_2603}	CTTTAATTGC	tCTCAATGAT	AAAGTTAAAT	TAGCACTTAA	ATTAGCTTCT
msa183564.2{147_JM9130013}	CTTTAATTGC	tCTCAATGAT	AAAGTTAAAT	TAGCACTTAA	ATTAGCTTCT
msa183564.2{147_18RS21}	CTTTAATTGC	tCTCAATGAT	AAAGTTAAAT	TAGCACTTAA	ATTAGCTTCT
msa183564.2{147_090}	CTTTAATTGC	aCTCAATGAT	AAAGTTAAAT	TAGCACTTAA	ATTAGCTTCT
msa183564.2{147_CJB110}	CTTTAATTGC	aCTCAATGAT	AAAGTTAAAT	TAGCACTTAA	ATTAGCTTCT
msa183564.2{147_A909}	CTTTAATTGC	tCTCAATGAT	AAAGTTAAAT	TAGCACTTAA	ATTAGCTTCT
msa183564.2{147_H36B}	CTTTAATTGC	tCTCAATGAT	AAAGTTAAAT	TAGCACTTAA	ATTAGCTTCT
msa183564.2{147_1169NT}	CTTTAATTGC	tCTCAATGAT	AAAGTTAAAT	TAGCACTTAA	ATTAGCTTCT
Consensus	*****	-*****	*****	*****	*****
msa183564.2{147_COH1}	GAGAAGGGCG	TTGCAGTTGT	TGTGGCTGCC	GGAAATGAAG	GtGCATTGG
msa183564.2{147_M732}	GAGAAGGGCG	TTGCAGTTGT	TGTGGCTGCC	GGAAATGAAG	GtGCATTGG
msa183564.2{147_M781}	GAGAAGGGCG	TTGCAGTTGT	TGTGGCTGCC	GGAAATGAAG	GtGCATTGG
msa183564.2{147_2603}	GAGAAGGGCG	TTGCAGTTGT	TGTGGCTGCC	GGAAATGAAG	GcGCATTGG
msa183564.2{147_JM9130013}	GAGAAGGGCG	TTGCAGTTGT	TGTGGCTGCC	GGAAATGAAG	GcGCATTGG
msa183564.2{147_18RS21}	GAGAAGGGCG	TTGCAGTTGT	TGTGGCTGCC	GGAAATGAAG	GcGCATTGG
msa183564.2{147_090}	GAGAAGGGCG	TTGCAGTTGT	TGTGGCTGCC	GGAAATGAAG	GtGCATTGG
msa183564.2{147_CJB110}	GAGAAGGGCG	TTGCAGTTGT	TGTGGCTGCC	GGAAATGAAG	GtGCATTGG
msa183564.2{147_A909}	GAGAAGGGCG	TTGCAGTTGT	TGTGGCTGCC	GGAAATGAAG	GtGCATTGG
msa183564.2{147_H36B}	GAGAAGGGCG	TTGCAGTTGT	TGTGGCTGCC	GGAAATGAAG	GtGCATTGG
msa183564.2{147_1169NT}	GAGAAGGGCG	TTGCAGTTGT	TGTGGCTGCC	GGAAATGAAG	GcGCATTGG
Consensus	*****	*****	*****	*****	*-*****
msa183564.2{147_COH1}	TATGGATTAT	AGCAAACCaT	TATCAACTAA	TCCTGACTAC	GGTACGGTTA
msa183564.2{147_M732}	TATGGATTAT	AGCAAACCaT	TATCAACTAA	TCCTGACTAC	GGTACGGTTA
msa183564.2{147_M781}	TATGGATTAT	AGCAAACCaT	TATCAACTAA	TCCTGACTAC	GGTACGGTTA
msa183564.2{147_2603}	TATGGATTAT	AGCAAACCaT	TATCAACTAA	TCCTGACTAC	GGTACGGTTA
msa183564.2{147_JM9130013}	TATGGATTAT	AGCAAACCaT	TATCAACTAA	TCCTGACTAC	GGTACGGTTA
msa183564.2{147_18RS21}	TATGGATTAT	AGCAAACCaT	TATCAACTAA	TCCTGACTAC	GGTACGGTTA
msa183564.2{147_090}	TATGGATTAT	AGCAAACCaT	TATCAACTAA	TCCTGACTAC	GGTACGGTTA
msa183564.2{147_CJB110}	TATGGATTAT	AGCAAACCaT	TATCAACTAA	TCCTGACTAC	GGTACGGTTA
msa183564.2{147_A909}	TATGGATTAT	AGCAAACCaT	TATCAACTAA	TCCTGACTAC	GGTACGGTTA
msa183564.2{147_H36B}	TATGGATTAT	AGCAAACCaT	TATCAACTAA	TCCTGACTAC	GGTACGGTTA
msa183564.2{147_1169NT}	TATGGATTAT	AGCAAACCGT	TATCAACTAA	TCCTGACTAC	GGTACGGTTA
Consensus	*****	*****-*	*****	*****	*****
msa183564.2{147_COH1}	ATAGTCCAGC	TATTTCTGAA	GATACITTGA	GTGTTGCTAG	CTATGAATCA
msa183564.2{147_M732}	ATAGTCCAGC	TATTTCTGAA	GATACITTGA	GTGTTGCTAG	CTATGAATCA
msa183564.2{147_M781}	ATAGTCCAGC	TATTTCTGAA	GATACITTGA	GTGTTGCTAG	CTATGAATCA
msa183564.2{147_2603}	ATAGTCCAGC	TATTTCTGAA	GATACITTGA	GTGTTGCTAG	CTATGAATCA
msa183564.2{147_JM9130013}	ATAGTCCAGC	TATTTCTGAA	GATACITTGA	GTGTTGCTAG	CTATGAATCA
msa183564.2{147_18RS21}	ATAGTCCAGC	TATTTCTGAA	GATACITTGA	GTGTTGCTAG	CTATGAATCA
msa183564.2{147_090}	ATAGTCCAGC	TATTTCTGAA	GATACITTGA	GTGTTGCTAG	CTATGAATCA
msa183564.2{147_CJB110}	ATAGTCCAGC	TATTTCTGAA	GATACITTGA	GTGTTGCTAG	CTATGAATCA
msa183564.2{147_A909}	ATAGTCCAGC	TATTTCTGAA	GATACITTGA	GTGTTGCTAG	CTATGAATCA
msa183564.2{147_H36B}	ATAGTCCAGC	TATTTCTGAA	GATACITTGA	GTGTTGCTAG	CTATGAATCA
msa183564.2{147_1169NT}	ATAGTCCAGC	TATTTCTGAA	GATACITTGA	GTGTTGCTAG	CTATGAATCA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa183564.2{147_COH1}	CTTAAAACTA	TCAGTGAGGT	CGTTGAAACA	ACTATTGAAG	GTAAGTTAGT
msa183564.2{147_M732}	CTTAAAACTA	TCAGTGAGGT	CGTTGAAACA	ACTATTGAAG	GTAAGTTAGT
msa183564.2{147_M781}	CTTAAAACTA	TCAGTGAGGT	CGTTGAAACA	ACTATTGAAG	GTAAGTTAGT
msa183564.2{147_2603}	CTTAAAACTA	TCAGTGAGGT	CGTTGAAACA	ACTATTGAAG	GTAAGTTAGT
msa183564.2{147_JM9130013}	CTTAAAACTA	TCAGTGAGGT	CGTTGAAACA	ACTATTGAAG	GTAAGTTAGT
msa183564.2{147_18RS21}	CTTAAAACTA	TCAGTGAGGT	CGTTGAAACA	ACTATTGAAG	GTAAGTTAGT
msa183564.2{147_090}	CTTAAAACTA	TCAGTGAGGT	CGTTGAAACA	ACTATTGAAG	GTAAGTTAGT
msa183564.2{147_CJB110}	CTTAAAACTA	TCAGTGAGGT	CGTTGAAACA	ACTATTGAAG	GTAAGTTAGT
msa183564.2{147_A909}	CTTAAAACTA	TCAGTGAGGT	CGTTGAAACA	ACTATTGAAG	GTAAGTTAGT
msa183564.2{147_H36B}	CTTAAAACTA	TCAGTGAGGT	CGTTGAAACA	ACTATTGAAG	GTAAGTTAGT
msa183564.2{147_1169NT}	CTTAAAACTA	TCAGTGAGGT	CGTTGAAACA	ACTATTGAAG	GTAAGTTAGT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa183564.2{147_COH1}	TAAGTTGCCG	ATTGTGACTT	CTAAACCTTT	TGACAAAGGT	AAGGCCTACG
msa183564.2{147_M732}	TAAGTTGCCG	ATTGTGACTT	CTAAACCTTT	TGACAAAGGT	AAGGCCTACG
msa183564.2{147_M781}	TAAGTTGCCG	ATTGTGACTT	CTAAACCTTT	TGACAAAGGT	AAGGCCTACG
msa183564.2{147_2603}	TAAGTTGCCG	ATTGTGACTT	CTAAACCTTT	TGACAAAGGT	AAGGCCTACG

Table 44: Comparative Sequences relating to SAG0416 (strain info highlighted in BOLD)

msa183564.2{147_JM9130013}	TAAGTTGCCG	ATTGTGACTT	CTAAACCTTT	TGACAAAGGT	AAGGCCTACG
msa183564.2{147_18RS21}	TAAGTTGCCG	ATTGTGACTT	CTAAACCTTT	TGACAAAGGT	AAGGCCTACG
msa183564.2{147_090}	TAAGTTGCCG	ATTGTGACTT	CTAAACCTTT	TGACAAAGGT	AAGGCCTACG
msa183564.2{147_CJB110}	TAAGTTGCCG	ATTGTGACTT	CTAAACCTTT	TGACAAAGGT	AAGGCCTACG
msa183564.2{147_A909}	TAAGTTGCCG	ATTGTGACTT	CTAAACCTTT	TGACAAAGGT	AAGGCCTACG
msa183564.2{147_H36B}	TAAGTTGCCG	ATTGTGACTT	CTAAACCTTT	TGACAAAGGT	AAGGCCTACG
msa183564.2{147_1169NT}	TAAGTTGCCG	ATTGTGACTT	CTAAACCTTT	TGACAAAGGT	AAGGCCTACG
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa183564.2{147_COH1}	ATGTGGTTTA	TGCCAATTAT	GGTGC..AAA	AAAGACTTTG	AAGGTAAGGA
msa183564.2{147_M732}	ATGTGGTTTA	TGCCAATTAT	GGTGC..AAA	AAAGACTTTG	AAGGTAAGGA
msa183564.2{147_M781}	ATGTGGTTTA	TGCCAATTAT	GGTGC..AAA	AAAGACTTTG	AAGGTAAGGA
msa183564.2{147_2603}	ATGTGGTTTA	TGCCAATTAT	GGTGC..AAA	AAAGACTTTG	AAGGTAAGGA
msa183564.2{147_JM9130013}	ATGTGGTTTA	TGCCAATTAT	GGTGC..AAA	AAAGACTTTG	AAGGTAAGGA
msa183564.2{147_18RS21}	ATGTGGTTTA	TGCCAATTAT	GGTGC..AAA	AAAGACTTTG	AAGGTAAGGA
msa183564.2{147_090}	ATGTGGTTTA	TGCCAATTAT	GGTGC..AAA	AAAGACTTTG	AAGGTAAGGA
msa183564.2{147_CJB110}	ATGTGGTTTA	TGCCAATTAT	GGTGC..AAA	AAAGACTTTG	AAGGTAAGGA
msa183564.2{147_A909}	ATGTGGTTTA	TGCCAATTAT	GGTGC..AAA	AAAGACTTTG	AAGGTAAGGA
msa183564.2{147_H36B}	ATGTGGTTTA	TGCCAATTAT	GGTGC..AAA	AAAGACTTTG	AAGGTAAGGA
msa183564.2{147_1169NT}	ATGTGGTTTA	TGCCAATTAT	GGTGC..AAA	AAAGACTTTG	AAGGTAAGGA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa183564.2{147_COH1}	CTTTAAAGGT	AAGATTGCAT	TAATTGAGCG	TGGTGGTGGA	CTTGATTTTA
msa183564.2{147_M732}	CTTTAAAGGT	AAGATTGCAT	TAATTGAGCG	TGGTGGTGGA	CTTGATTTTA
msa183564.2{147_M781}	CTTTAAAGGT	AAGATTGCAT	TAATTGAGCG	TGGTGGTGGA	CTTGATTTTA
msa183564.2{147_2603}	CTTTAAAGGT	AAGATTGCAT	TAATTGAGCG	TGGTGGTGGA	CTTGATTTTA
msa183564.2{147_JM9130013}	CTTTAAAGGT	AAGATTGCAT	TAATTGAGCG	TGGTGGTGGA	CTTGATTTTA
msa183564.2{147_18RS21}	CTTTAAAGGT	AAGATTGCAT	TAATTGAGCG	TGGTGGTGGA	CTTGATTTTA
msa183564.2{147_090}	CTTTAAAGGT	AAGATTGCAT	TAATTGAGCG	TGGTGGTGGA	CTTGATTTTA
msa183564.2{147_CJB110}	CTTTAAAGGT	AAGATTGCAT	TAATTGAGCG	TGGTGGTGGA	CTTGATTTTA
msa183564.2{147_A909}	CTTTAAAGGT	AAGATTGCAT	TAATTGAGCG	TGGTGGTGGA	CTTGATTTTA
msa183564.2{147_H36B}	CTTTAAAGGT	AAGATTGCAT	TAATTGAGCG	TGGTGGTGGA	CTTGATTTTA
msa183564.2{147_1169NT}	CTTTAAAGGT	AAGATTGCAT	TAATTGAGCG	TGGTGGTGGA	CTTGATTTTA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa183564.2{147_COH1}	TGACTAAAAT	CATCATGCT	ACAAATGCAG	GTGTTGTTGG	TATCGTTATT
msa183564.2{147_M732}	TGACTAAAAT	CATCATGCT	ACAAATGCAG	GTGTTGTTGG	TATCGTTATT
msa183564.2{147_M781}	TGACTAAAAT	CATCATGCT	ACAAATGCAG	GTGTTGTTGG	TATCGTTATT
msa183564.2{147_2603}	TGACTAAAAT	CATCATGCT	ACAAATGCAG	GTGTTGTTGG	TATCGTTATT
msa183564.2{147_JM9130013}	TGACTAAAAT	CATCATGCT	ACAAATGCAG	GTGTTGTTGG	TATCGTTATT
msa183564.2{147_18RS21}	TGACTAAAAT	CATCATGCT	ACAAATGCAG	GTGTTGTTGG	TATCGTTATT
msa183564.2{147_090}	TGACTAAAAT	CATCATGCT	ACAAATGCAG	GTGTTGTTGG	TATCGTTATT
msa183564.2{147_CJB110}	TGACTAAAAT	CATCATGCT	ACAAATGCAG	GTGTTGTTGG	TATCGTTATT
msa183564.2{147_A909}	TGACTAAAAT	CATCATGCT	ACAAATGCAG	GTGTTGTTGG	TATCGTTATT
msa183564.2{147_H36B}	TGACTAAAAT	CATCATGCT	ACAAATGCAG	GTGTTGTTGG	TATCGTTATT
msa183564.2{147_1169NT}	TGACTAAAAT	CATCATGCT	ACAAATGCAG	GTGTTGTTGG	TATCGTTATT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa183564.2{147_COH1}	TTTAACGATC	AAGAAAAACG	TGGAAATTTT	CTAATTCCTT	ACCGTGAATT
msa183564.2{147_M732}	TTTAACGATC	AAGAAAAACG	TGGAAATTTT	CTAATTCCTT	ACCGTGAATT
msa183564.2{147_M781}	TTTAACGATC	AAGAAAAACG	TGGAAATTTT	CTAATTCCTT	ACCGTGAATT
msa183564.2{147_2603}	TTTAACGATC	AAGAAAAACG	TGGAAATTTT	CTAATTCCTT	ACCGTGAATT
msa183564.2{147_JM9130013}	TTTAACGATC	AAGAAAAACG	TGGAAATTTT	CTAATTCCTT	ACCGTGAATT
msa183564.2{147_18RS21}	TTTAACGATC	AAGAAAAACG	TGGAAATTTT	CTAATTCCTT	ACCGTGAATT
msa183564.2{147_090}	TTTAACGATC	AAGAAAAACG	TGGAAATTTT	CTAATTCCTT	ACCGTGAATT
msa183564.2{147_CJB110}	TTTAACGATC	AAGAAAAACG	TGGAAATTTT	CTAATTCCTT	ACCGTGAATT
msa183564.2{147_A909}	TTTAACGATC	AAGAAAAACG	TGGAAATTTT	CTAATTCCTT	ACCGTGAATT
msa183564.2{147_H36B}	TTTAACGATC	AAGAAAAACG	TGGAAATTTT	CTAATTCCTT	ACCGTGAATT
msa183564.2{147_1169NT}	TTTAACGATC	AAGAAAAACG	TGGAAATTTT	CTAATTCCTT	ACCGTGAATT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa183564.2{147_COH1}	ACCTGTGGGG	gTTATTAGTA	AAGTAGATGG	CGAGCGTATA	AAAAATACCT
msa183564.2{147_M732}	ACCTGTGGGG	gTTATTAGTA	AAGTAGATGG	CGAGCGTATA	AAAAATACCT
msa183564.2{147_M781}	ACCTGTGGGG	gTTATTAGTA	AAGTAGATGG	CGAGCGTATA	AAAAATACCT
msa183564.2{147_2603}	ACCTGTGGGG	gTTATTAGTA	AAGTAGATGG	CGAGCGTATA	AAAAATACCT
msa183564.2{147_JM9130013}	ACCTGTGGGG	gTTATTAGTA	AAGTAGATGG	CGAGCGTATA	AAAAATACCT
msa183564.2{147_18RS21}	ACCTGTGGGG	gTTATTAGTA	AAGTAGATGG	CGAGCGTATA	AAAAATACCT
msa183564.2{147_090}	ACCTGTGGGG	gTTATTAGTA	AAGTAGATGG	CGAGCGTATA	AAAAATACCT
msa183564.2{147_CJB110}	ACCTGTGGGG	gTTATTAGTA	AAGTAGATGG	CGAGCGTATA	AAAAATACCT
msa183564.2{147_A909}	ACCTGTGGGG	gTTATTAGTA	AAGTAGATGG	CGAGCGTATA	AAAAATACCT
msa183564.2{147_H36B}	ACCTGTGGGG	gTTATTAGTA	AAGTAGATGG	CGAGCGTATA	AAAAATACCT
msa183564.2{147_1169NT}	ACCTGTGGGG	gTTATTAGTA	AAGTAGATGG	CGAGCGTATA	AAAAATACCT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa183564.2{147_COH1}	CAAGTCAGTT	AACATTTAAC	CAGAGCTTTG	AAGTAGTTGA	TAGCCAAAGGT
msa183564.2{147_M732}	CAAGTCAGTT	AACATTTAAC	CAGAGCTTTG	AAGTAGTTGA	TAGCCAAAGGT
msa183564.2{147_M781}	CAAGTCAGTT	AACATTTAAC	CAGAGCTTTG	AAGTAGTTGA	TAGCCAAAGGT



Table 44: Comparative Sequences relating to SAG0416 (strain info highlighted in BOLD)

msa183564.2{147_2603}	CAAGTCAGTT	AACATTTAAC	CAGAGTTTG	AAGTAGTTGA	TAGCCAAGGT
msa183564.2{147_JM9130013}	CAAGTCAGTT	AACATTTAAC	CAGAGTTTG	AAGTAGTTGA	TAGCCAAGGT
msa183564.2{147_18RS21}	CAAGTCAGTT	AACATTTAAC	CAGAGTTTG	AAGTAGTTGA	TAGCCAAGGT
msa183564.2{147_090}	CAAGTCAGTT	AACATTTAAC	CAGAGTTTG	AAGTAGTTGA	TAGCCAAGGT
msa183564.2{147_CJB110}	CAAGTCAGTT	AACATTTAAC	CAGAGTTTG	AAGTAGTTGA	TAGCCAAGGT
msa183564.2{147_A909}	CAAGTCAGTT	AACATTTAAC	CAGAGTTTG	AAGTAGTTGA	TAGCCAAGGT
msa183564.2{147_H36B}	CAAGTCAGTT	AACATTTAAC	CAGAGTTTG	AAGTAGTTGA	TAGCCAAGGT
msa183564.2{147_1169NT}	CAAGTCAGTT	AACATTTAAC	CAGAGaTTTG	AAGTAGTTGA	TAGCCAAGGT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa183564.2{147_COH1}	GGCAATCGTA	TGCTGGAACA	ATCAAGTTGG	GGCGTGACAG	CTGAAGGAGC
msa183564.2{147_M732}	GGCAATCGTA	TGCTGGAACA	ATCAAGTTGG	GGCGTGACAG	CTGAAGGAGC
msa183564.2{147_M781}	GGCAATCGTA	TGCTGGAACA	ATCAAGTTGG	GGCGTGACAG	CTGAAGGAGC
msa183564.2{147_2603}	GGCAATCGTA	TGCTGGAACA	ATCAAGTTGG	GGCGTGACAG	CTGAAGGAGC
msa183564.2{147_JM9130013}	GGCAATCGTA	TGCTGGAACA	ATCAAGTTGG	GGCGTGACAG	CTGAAGGAGC
msa183564.2{147_18RS21}	GGCAATCGTA	TGCTGGAACA	ATCAAGTTGG	GGCGTGACAG	CTGAAGGAGC
msa183564.2{147_090}	GGCAATCGTA	TGCTGGAACA	ATCAAGTTGG	GGCGTGACAG	CTGAAGGAGC
msa183564.2{147_CJB110}	GGCAATCGTA	TGCTGGAACA	ATCAAGTTGG	GGCGTGACAG	CTGAAGGAGC
msa183564.2{147_A909}	GGCAATCGTA	TGCTGGAACA	ATCAAGTTGG	GGCGTGACAG	CTGAAGGAGC
msa183564.2{147_H36B}	GGCAATCGTA	TGCTGGAACA	ATCAAGTTGG	GGCGTGACAG	CTGAAGGAGC
msa183564.2{147_1169NT}	GGCAATCGTA	TGCTGGAACA	ATCAAGTTGG	GGCGTGACAG	CTGAAGGAGC
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa183564.2{147_COH1}	AATCAAGCCT	GATGTAACAG	CTTCTGGCTT	tGAAATTTAT	TCTTCAACCT
msa183564.2{147_M732}	AATCAAGCCT	GATGTAACAG	CTTCTGGCTT	tGAAATTTAT	TCTTCAACCT
msa183564.2{147_M781}	AATCAAGCCT	GATGTAACAG	CTTCTGGCTT	tGAAATTTAT	TCTTCAACCT
msa183564.2{147_2603}	AATCAAGCCT	GATGTAACAG	CTTCTGGCTT	tGAAATTTAT	TCTTCAACCT
msa183564.2{147_JM9130013}	AATCAAGCCT	GATGTAACAG	CTTCTGGCTT	tGAAATTTAT	TCTTCAACCT
msa183564.2{147_18RS21}	AATCAAGCCT	GATGTAACAG	CTTCTGGCTT	tGAAATTTAT	TCTTCAACCT
msa183564.2{147_090}	AATCAAGCCT	GATGTAACAG	CTTCTGGCTT	tGAAATTTAT	TCTTCAACCT
msa183564.2{147_CJB110}	AATCAAGCCT	GATGTAACAG	CTTCTGGCTT	tGAAATTTAT	TCTTCAACCT
msa183564.2{147_A909}	AATCAAGCCT	GATGTAACAG	CTTCTGGCTT	tGAAATTTAT	TCTTCAACCT
msa183564.2{147_H36B}	AATCAAGCCT	GATGTAACAG	CTTCTGGCTT	tGAAATTTAT	TCTTCAACCT
msa183564.2{147_1169NT}	AATCAAGCCT	GATGTAACAG	CTTCTGGCTT	cGAAATTTAT	TCTTCAACCT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa183564.2{147_COH1}	ATAATAATCA	ATACtAAACA	ATGTCtGGTA	CAAGTATGGC	TTCACCACAT
msa183564.2{147_M732}	ATAATAATCA	ATACtAAACA	ATGTCtGGTA	CAAGTATGGC	TTCACCACAT
msa183564.2{147_M781}	ATAATAATCA	ATACtAAACA	ATGTCtGGTA	CAAGTATGGC	TTCACCACAT
msa183564.2{147_2603}	ATAATAATCA	ATACcAAACA	ATGTCtGGTA	CAAGTATGGC	TTCACCACAT
msa183564.2{147_JM9130013}	ATAATAATCA	ATACcAAACA	ATGTCtGGTA	CAAGTATGGC	TTCACCACAT
msa183564.2{147_18RS21}	ATAATAATCA	ATACcAAACA	ATGTCtGGTA	CAAGTATGGC	TTCACCACAT
msa183564.2{147_090}	ATAATAATCA	ATACcAAACA	ATGTCtGGTA	CAAGTATGGC	TTCACCACAT
msa183564.2{147_CJB110}	ATAATAATCA	ATACcAAACA	ATGTCtGGTA	CAAGTATGGC	TTCACCACAT
msa183564.2{147_A909}	ATAATAATCA	ATACcAAACA	ATGTCtGGTA	CAAGTATGGC	TTCACCACAT
msa183564.2{147_H36B}	ATAATAATCA	ATACcAAACA	ATGTCtGGTA	CAAGTATGGC	TTCACCACAT
msa183564.2{147_1169NT}	ATAATAATCA	ATACcAAACA	ATGTCtGGTA	CAAGTATGGC	TTCACCACAT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa183564.2{147_COH1}	GTTGCAGGAT	TAATGACAAT	GCTTCAAAGT	CATTtGGCTG	AGAAATATAA
msa183564.2{147_M732}	GTTGCAGGAT	TAATGACAAT	GCTTCAAAGT	CATTtGGCTG	AGAAATATAA
msa183564.2{147_M781}	GTTGCAGGAT	TAATGACAAT	GCTTCAAAGT	CATTtGGCTG	AGAAATATAA
msa183564.2{147_2603}	GTTGCAGGAT	TAATGACAAT	GCTTCAAAGT	CATTtGGCTG	AGAAATATAA
msa183564.2{147_JM9130013}	GTTGCAGGAT	TAATGACAAT	GCTTCAAAGT	CATTtGGCTG	AGAAATATAA
msa183564.2{147_18RS21}	GTTGCAGGAT	TAATGACAAT	GCTTCAAAGT	CATTtGGCTG	AGAAATATAA
msa183564.2{147_090}	GTTGCAGGAT	TAATGACAAT	GCTTCAAAGT	CATTtGGCTG	AGAAATATAA
msa183564.2{147_CJB110}	GTTGCAGGAT	TAATGACAAT	GCTTCAAAGT	CATTtGGCTG	AGAAATATAA
msa183564.2{147_A909}	GTTGCAGGAT	TAATGACAAT	GCTTCAAAGT	CATTtGGCTG	AGAAATATAA
msa183564.2{147_H36B}	GTTGCAGGAT	TAATGACAAT	GCTTCAAAGT	CATTtGGCTG	AGAAATATAA
msa183564.2{147_1169NT}	GTTGCAGGAT	TAATGACAAT	GCTTCAAAGT	CATTtGGCTG	AGAAATATAA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa183564.2{147_COH1}	AGGGATGAAT	TTAGATTCTA	AAAAATTGCT	AGAATTGTCT	AAAAACATCC
msa183564.2{147_M732}	AGGGATGAAT	TTAGATTCTA	AAAAATTGCT	AGAATTGTCT	AAAAACATCC
msa183564.2{147_M781}	AGGGATGAAT	TTAGATTCTA	AAAAATTGCT	AGAATTGTCT	AAAAACATCC
msa183564.2{147_2603}	AGGGATGAAT	TTAGATTCTA	AAAAATTGCT	AGAATTGTCT	AAAAACATCC
msa183564.2{147_JM9130013}	AGGGATGAAT	TTAGATTCTA	AAAAATTGCT	AGAATTGTCT	AAAAACATCC
msa183564.2{147_18RS21}	AGGGATGAAT	TTAGATTCTA	AAAAATTGCT	AGAATTGTCT	AAAAACATCC
msa183564.2{147_090}	AGGGATGAAT	TTAGATTCTA	AAAAATTGCT	AGAATTGTCT	AAAAACATCC
msa183564.2{147_CJB110}	AGGGATGAAT	TTAGATTCTA	AAAAATTGCT	AGAATTGTCT	AAAAACATCC
msa183564.2{147_A909}	AGGGATGAAT	TTAGATTCTA	AAAAATTGCT	AGAATTGTCT	AAAAACATCC
msa183564.2{147_H36B}	AGGGATGAAT	TTAGATTCTA	AAAAATTGCT	AGAATTGTCT	AAAAACATCC
msa183564.2{147_1169NT}	AGGGATGAAT	TTAGATTCTA	AAAAATTGCT	AGAATTGTCT	AAAAACATCC
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa183564.2{147_COH1}	TCATGAGCTC	AGCAACAGCA	TTATATAGTG	AAGAGGATAA	GGCGTtTTAT
msa183564.2{147_M732}	TCATGAGCTC	AGCAACAGCA	TTATATAGTG	AAGAGGATAA	GGCGTtTTAT

Table 44: Comparative Sequences relating to SAG0416 (strain info highlighted in BOLD)

msa183564.2{147_M781}	TCATGAGCTC	AGCAACAGCA	TTATATAGTG	AAGAGGATAA	GGCGTTTTAT
msa183564.2{147_2603}	TCATGAGCTC	AGCAACAGCA	TTATATAGTG	AAGAGGATAA	GGCGTTTTAT
msa183564.2{147_JM9130013}	TCATGAGCTC	AGCAACAGCA	TTATATAGTG	AAGAGGATAA	GGCGTTTTAT
msa183564.2{147_18RS21}	TCATGAGCTC	AGCAACAGCA	TTATATAGTG	AAGAGGATAA	GGCGTTTTAT
msa183564.2{147_090}	TCATGAGCTC	AGCAACAGCA	TTATATAGTG	AAGAGGATAA	GGCGTTTTAT
msa183564.2{147_CJB110}	TCATGAGCTC	AGCAACAGCA	TTATATAGTG	AAGAGGATAA	GGCGTTTTAT
msa183564.2{147_A909}	TCATGAGCTC	AGCAACAGCA	TTATATAGTG	AAGAGGATAA	GGCGTTTTAT
msa183564.2{147_H36B}	TCATGAGCTC	AGCAACAGCA	TTATATAGTG	AAGAGGATAA	GGCGTTTTAT
msa183564.2{147_1169NT}	TCATGAGCTC	AGCAACAGCA	TTATATAGTG	AAGAGGATAA	GGCGTTTTAT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa183564.2{147_COH1}	TCACCAAGTGC	AGCAAGGTGC	AGGTGTAGTT	GATGCTGAAA	AAGCTATCCA
msa183564.2{147_M732}	TCACCAAGTGC	AGCAAGGTGC	AGGTGTAGTT	GATGCTGAAA	AAGCTATCCA
msa183564.2{147_M781}	TCACCAAGTGC	AGCAAGGTGC	AGGTGTAGTT	GATGCTGAAA	AAGCTATCCA
msa183564.2{147_2603}	TCACCAAGTGC	AGCAAGGTGC	AGGTGTAGTT	GATGCTGAAA	AAGCTATCCA
msa183564.2{147_JM9130013}	TCACCAAGTGC	AGCAAGGTGC	AGGTGTAGTT	GATGCTGAAA	AAGCTATCCA
msa183564.2{147_18RS21}	TCACCAAGTGC	AGCAAGGTGC	AGGTGTAGTT	GATGCTGAAA	AAGCTATCCA
msa183564.2{147_090}	TCACCAAGTGC	AGCAAGGTGC	AGGTGTAGTT	GATGCTGAAA	AAGCTATCCA
msa183564.2{147_CJB110}	TCACCAAGTGC	AGCAAGGTGC	AGGTGTAGTT	GATGCTGAAA	AAGCTATCCA
msa183564.2{147_A909}	TCACCAAGTGC	AGCAAGGTGC	AGGTGTAGTT	GATGCTGAAA	AAGCTATCCA
msa183564.2{147_H36B}	TCACCAAGTGC	AGCAAGGTGC	AGGTGTAGTT	GATGCTGAAA	AAGCTATCCA
msa183564.2{147_1169NT}	TCACCAAGTGC	AGCAAGGTGC	AGGTGTAGTT	GATGCTGAAA	AAGCTATCCA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa183564.2{147_COH1}	AGCTCAATAT	TATgTTACTG	GAAACGATGG	CAAAGtTAAA	ATTAATCTCA
msa183564.2{147_M732}	AGCTCAATAT	TATgTTACTG	GAAACGATGG	CAAAGtTAAA	ATTAATCTCA
msa183564.2{147_M781}	AGCTCAATAT	TATgTTACTG	GAAACGATGG	CAAAGtTAAA	ATTAATCTCA
msa183564.2{147_2603}	AGCTCAATAT	TATaTTACTG	GAAACGATGG	CAAAGtTAAA	ATTAATCTCA
msa183564.2{147_JM9130013}	AGCTCAATAT	TATaTTACTG	GAAACGATGG	CAAAGtTAAA	ATTAATCTCA
msa183564.2{147_18RS21}	AGCTCAATAT	TATaTTACTG	GAAACGATGG	CAAAGtTAAA	ATTAATCTCA
msa183564.2{147_090}	AGCTCAATAT	TATgTTACTG	GAAACGATGG	CAAAGtTAAA	ATTAATCTCA
msa183564.2{147_CJB110}	AGCTCAATAT	TATgTTACTG	GAAACGATGG	CAAAGtTAAA	ATTAATCTCA
msa183564.2{147_A909}	AGCTCAATAT	TATgTTACTG	GAAACGATGG	CAAAGtTAAA	ATTAATCTCA
msa183564.2{147_H36B}	AGCTCAATAT	TATgTTACTG	GAAACGATGG	CAAAGtTAAA	ATTAATCTCA
msa183564.2{147_1169NT}	AGCTCAATAT	TATgTTACTG	GAAACGATGG	CAAAGtTAAA	ATTAATCTCA
Consensus	*****	***-*****	*****	*****-*****	*****
msa183564.2{147_COH1}	AACGagaGGG	AGATAAAATTT	GATATCACAG	TTACAATTCA	TAAACTTGTA
msa183564.2{147_M732}	AACGagaGGG	AGATAAAATTT	GATATCACAG	TTACAATTCA	TAAACTTGTA
msa183564.2{147_M781}	AACGagaGGG	AGATAAAATTT	GATATCACAG	TTACAATTCA	TAAACTTGTA
msa183564.2{147_2603}	AACGAatGGG	AGATAAAATTT	GATATCACAG	TTACAATTCA	TAAACTTGTA
msa183564.2{147_JM9130013}	AACGAatGGG	AGATAAAATTT	GATATCACAG	TTACAATTCA	TAAACTTGTA
msa183564.2{147_18RS21}	AACGAatGGG	AGATAAAATTT	GATATCACAG	TTACAATTCA	TAAACTTGTA
msa183564.2{147_090}	AACGagtGGG	AGATAAAATTT	GATATCACAG	TTACAATTCA	TAAACTTGTA
msa183564.2{147_CJB110}	AACGagtGGG	AGATAAAATTT	GATATCACAG	TTACAATTCA	TAAACTTGTA
msa183564.2{147_A909}	AACGagtGGG	AGATAAAATTT	GATATCACAG	TTACAATTCA	TAAACTTGTA
msa183564.2{147_H36B}	AACGagtGGG	AGATAAAATTT	GATATCACAG	TTACAATTCA	TAAACTTGTA
msa183564.2{147_1169NT}	AACGagtGGG	AGATAAAATTT	GATATCACAG	TTACAATTCA	TAAACTTGTA
Consensus	*****-*****	*****	*****	*****	*****
msa183564.2{147_COH1}	GAAGGTGTCA	AAGAATTGTA	TTATCAAGCT	AATGTAGCAA	CAGAACAAGT
msa183564.2{147_M732}	GAAGGTGTCA	AAGAATTGTA	TTATCAAGCT	AATGTAGCAA	CAGAACAAGT
msa183564.2{147_M781}	GAAGGTGTCA	AAGAATTGTA	TTATCAAGCT	AATGTAGCAA	CAGAACAAGT
msa183564.2{147_2603}	GAAGGTGTCA	AAGAATTGTA	TTATCAAGCT	AATGTAGCAA	CAGAACAAGT
msa183564.2{147_JM9130013}	GAAGGTGTCA	AAGAATTGTA	TTATCAAGCT	AATGTAGCAA	CAGAACAAGT
msa183564.2{147_18RS21}	GAAGGTGTCA	AAGAATTGTA	TTATCAAGCT	AATGTAGCAA	CAGAACAAGT
msa183564.2{147_090}	GAAGGTGTCA	AAGAATTGTA	TTATCAAGCT	AATGTAGCAA	CAGAACAAGT
msa183564.2{147_CJB110}	GAAGGTGTCA	AAGAATTGTA	TTATCAAGCT	AATGTAGCAA	CAGAACAAGT
msa183564.2{147_A909}	GAAGGTGTCA	AAGAATTGTA	TTATCAAGCT	AATGTAGCAA	CAGAACAAGT
msa183564.2{147_H36B}	GAAGGTGTCA	AAGAATTGTA	TTATCAAGCT	AATGTAGCAA	CAGAACAAGT
msa183564.2{147_1169NT}	GAAGGTGTCA	AAGAATTGTA	TTATCAAGCT	AATGTAGCAA	CAGAACAAGT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa183564.2{147_COH1}	AAATAAAGGT	AAATTGCCC	TTAAACCACA	AGCCTTGCTA	GATACTAATT
msa183564.2{147_M732}	AAATAAAGGT	AAATTGCCC	TTAAACCACA	AGCCTTGCTA	GATACTAATT
msa183564.2{147_M781}	AAATAAAGGT	AAATTGCCC	TTAAACCACA	AGCCTTGCTA	GATACTAATT
msa183564.2{147_2603}	AAATAAAGGT	AAATTGCCC	TTAAACCACA	AGCCTTGCTA	GATACTAATT
msa183564.2{147_JM9130013}	AAATAAAGGT	AAATTGCCC	TTAAACCACA	AGCCTTGCTA	GATACTAATT
msa183564.2{147_18RS21}	AAATAAAGGT	AAATTGCCC	TTAAACCACA	AGCCTTGCTA	GATACTAATT
msa183564.2{147_090}	AAATAAAGGT	AAATTGCCC	TTAAACCACA	AGCCTTGCTA	GATACTAATT
msa183564.2{147_CJB110}	AAATAAAGGT	AAATTGCCC	TTAAACCACA	AGCCTTGCTA	GATACTAATT
msa183564.2{147_A909}	AAATAAAGGT	AAATTGCCC	TTAAACCACA	AGCCTTGCTA	GATACTAATT
msa183564.2{147_H36B}	AAATAAAGGT	AAATTGCCC	TTAAACCACA	AGCCTTGCTA	GATACTAATT
msa183564.2{147_1169NT}	AAATAAAGGT	AAATTGCCC	TTAAACCACA	AGCCTTGCTA	GATACTAATT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa183564.2{147_COH1}	GGCAGAAAGT	AATTCTTCGT	GATAAAGAAA	CACAAGTTCG	ATTACTATT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****

Table 44: Comparative Sequences relating to SAG0416 (strain info highlighted in BOLD)

msal83564.2{147_M732}	GGCAGAAAGT AATTCTTCGT GATAAAGAAA CACAAGTTCG ATTTACTATT	
msal83564.2{147_M781}	GGCAGAAAGT AATTCTTCGT GATAAAGAAA CACAAGTTCG ATTTACTATT	
msal83564.2{147_2603}	GGCAGAAAGT AATTCTTCGT GATAAAGAAA CACAAGTTCG ATTTACTATT	
msal83564.2{147_JM9130013}	GGCAGAAAGT AATTCTTCGT GATAAAGAAA CACAAGTTCG ATTTACTATT	
msal83564.2{147_18RS21}	GGCAGAAAGT AATTCTTCGT GATAAAGAAA CACAAGTTCG ATTTACTATT	
msal83564.2{147_090}	GGCAGAAAGT AATTCTTCGT GATAAAGAAA CACAAGTTCG ATTTACTATT	
msal83564.2{147_CJB110}	GGCAGAAAGT AATTCTTCGT GATAAAGAAA CACAAGTTCG ATTTACTATT	
msal83564.2{147_A909}	GGCAGAAAGT AATTCTTCGT GATAAAGAAA CACAAGTTCG ATTTACTATT	
msal83564.2{147_H36B}	GGCAGAAAGT AATTCTTCGT GATAAAGAAA CACAAGTTCG ATTTACTATT	
msal83564.2{147_1169NT}	GGCAGAAAGT AATTCTTCGT GATAAAGAAA CACAAGTTCG ATTTACTATT	
Consensus	*****	
msal83564.2{147_COH1}	2201 GATgCTAGTC AATTTAGTCA GAAATTAATA GAACAGATGG CAAATGGTTA	2250
msal83564.2{147_M732}	GATgCTAGTC AATTTAGTCA GAAATTAATA GAACAGATGG CAAATGGTTA	
msal83564.2{147_M781}	GATgCTAGTC AATTTAGTCA GAAATTAATA GAACAGATGG CAAATGGTTA	
msal83564.2{147_2603}	GATgCTAGTC AATTTAGTCA GAAATTAATA GAACAGATGG CAAATGGTTA	
msal83564.2{147_JM9130013}	GATgCTAGTC AATTTAGTCA GAAATTAATA GAACAGATGG CAAATGGTTA	
msal83564.2{147_18RS21}	GATgCTAGTC AATTTAGTCA GAAATTAATA GAACAGATGG CAAATGGTTA	
msal83564.2{147_090}	GATgCTAGTC AATTTAGTCA GAAATTAATA GAACAGATGG CAAATGGTTA	
msal83564.2{147_CJB110}	GATgCTAGTC AATTTAGTCA GAAATTAATA GAACAGATGG CAAATGGTTA	
msal83564.2{147_A909}	GATtCTAGTC AATTTAGTCA GAAATTAATA GAACAGATGG CAAATGGTTA	
msal83564.2{147_H36B}	GATtCTAGTC AATTTAGTCA GAAATTAATA GAACAGATGG CAAATGGTTA	
msal83564.2{147_1169NT}	GATgCTAGTC AATTTAGTCA GAAATTAATA GAACAGATGG CAAATGGTTA	
Consensus	***-*****	
msal83564.2{147_COH1}	2251 TTTCCTAGAA GGTTTGTAC GTTTTAAAGA AGCcAAGGAT AGTAATCAGG	2300
msal83564.2{147_M732}	TTTCCTAGAA GGTTTGTAC GTTTTAAAGA AGCcAAGGAT AGTAATCAGG	
msal83564.2{147_M781}	TTTCCTAGAA GGTTTGTAC GTTTTAAAGA AGCcAAGGAT AGTAATCAGG	
msal83564.2{147_2603}	TTTCCTAGAA GGTTTGTAC GTTTTAAAGA AGCcAAGGAT AGTAATCAGG	
msal83564.2{147_JM9130013}	TTTCCTAGAA GGTTTGTAC GTTTTAAAGA AGCcAAGGAT AGTAATCAGG	
msal83564.2{147_18RS21}	TTTCCTAGAA GGTTTGTAC GTTTTAAAGA AGCcAAGGAT AGTAATCAGG	
msal83564.2{147_090}	TTTCCTAGAA GGTTTGTAC GTTTTAAAGA AGCcAAGGAT AGTAATCAGG	
msal83564.2{147_CJB110}	TTTCCTAGAA GGTTTGTAC GTTTTAAAGA AGCcAAGGAT AGTAATCAGG	
msal83564.2{147_A909}	TTTCCTAGAA GGTTTGTAC GTTTTAAAGA AGCcAAGGAT AGTAATCAGG	
msal83564.2{147_H36B}	TTTCCTAGAA GGTTTGTAC GTTTTAAAGA AGCcAAGGAT AGTAATCAGG	
msal83564.2{147_1169NT}	TTTCCTAGAA GGTTTGTAC GTTTTAAAGA AGCcAAGGAT AGTAATCAGG	
Consensus	*****	
msal83564.2{147_COH1}	2301 AGTTAATGAG TATTCCTTTT GTAGGATTTA ATGGTGATTT TGCGAaCTTA	2350
msal83564.2{147_M732}	AGTTAATGAG TATTCCTTTT GTAGGATTTA ATGGTGATTT TGCGAaCTTA	
msal83564.2{147_M781}	AGTTAATGAG TATTCCTTTT GTAGGATTTA ATGGTGATTT TGCGAaCTTA	
msal83564.2{147_2603}	AGTTAATGAG TATTCCTTTT GTAGGATTTA ATGGTGATTT TGCGAaCTTA	
msal83564.2{147_JM9130013}	AGTTAATGAG TATTCCTTTT GTAGGATTTA ATGGTGATTT TGCGAaCTTA	
msal83564.2{147_18RS21}	AGTTAATGAG TATTCCTTTT GTAGGATTTA ATGGTGATTT TGCGAaCTTA	
msal83564.2{147_090}	AGTTAATGAG TATTCCTTTT GTAGGATTTA ATGGTGATTT TGCGAaCTTA	
msal83564.2{147_CJB110}	AGTTAATGAG TATTCCTTTT GTAGGATTTA ATGGTGATTT TGCGAaCTTA	
msal83564.2{147_A909}	AGTTAATGAG TATTCCTTTT GTAGGATTTA ATGGTGATTT TGCGAaCTTA	
msal83564.2{147_H36B}	AGTTAATGAG TATTCCTTTT GTAGGATTTA ATGGTGATTT TGCGAaCTTA	
msal83564.2{147_1169NT}	AGTTAATGAG TATTCCTTTT GTAGGATTTA ATGGTGATTT TGCGAaCTTA	
Consensus	*****	
msal83564.2{147_COH1}	2351 CAAGCACTTG AAACACCGAT TTATAAGACG CTTTCTAAAG GTAGTTTCTA	2400
msal83564.2{147_M732}	CAAGCACTTG AAACACCGAT TTATAAGACG CTTTCTAAAG GTAGTTTCTA	
msal83564.2{147_M781}	CAAGCACTTG AAACACCGAT TTATAAGACG CTTTCTAAAG GTAGTTTCTA	
msal83564.2{147_2603}	CAAGCACTTG AAACACCGAT TTATAAGACG CTTTCTAAAG GTAGTTTCTA	
msal83564.2{147_JM9130013}	CAAGCACTTG AAACACCGAT TTATAAGACG CTTTCTAAAG GTAGTTTCTA	
msal83564.2{147_18RS21}	CAAGCACTTG AAACACCGAT TTATAAGACG CTTTCTAAAG GTAGTTTCTA	
msal83564.2{147_090}	CAAGCACTTG AAACACCGAT TTATAAGACG CTTTCTAAAG GTAGTTTCTA	
msal83564.2{147_CJB110}	CAAGCACTTG AAACACCGAT TTATAAGACG CTTTCTAAAG GTAGTTTCTA	
msal83564.2{147_A909}	CAAGCACTTG AAACACCGAT TTATAAGACG CTTTCTAAAG GTAGTTTCTA	
msal83564.2{147_H36B}	CAAGCACTTG AAACACCGAT TTATAAGACG CTTTCTAAAG GTAGTTTCTA	
msal83564.2{147_1169NT}	CAAGCACTTG AAACACCGAT TTATAAGACG CTTTCTAAAG GTAGTTTCTA	
Consensus	*****	
msal83564.2{147_COH1}	2401 CTATAAACCA AATGATACAA CTCATAAAGA CCAATTGGAG TAcAATGAAT	2450
msal83564.2{147_M732}	CTATAAACCA AATGATACAA CTCATAAAGA CCAATTGGAG TAcAATGAAT	
msal83564.2{147_M781}	CTATAAACCA AATGATACAA CTCATAAAGA CCAATTGGAG TAcAATGAAT	
msal83564.2{147_2603}	CTATAAACCA AATGATACAA CTCATAAAGA CCAATTGGAG TAcAATGAAT	
msal83564.2{147_JM9130013}	CTATAAACCA AATGATACAA CTCATAAAGA CCAATTGGAG TAcAATGAAT	
msal83564.2{147_18RS21}	CTATAAACCA AATGATACAA CTCATAAAGA CCAATTGGAG TAcAATGAAT	
msal83564.2{147_090}	CTATAAACCA AATGATACAA CTCATAAAGA CCAATTGGAG TAcAATGAAT	
msal83564.2{147_CJB110}	CTATAAACCA AATGATACAA CTCATAAAGA CCAATTGGAG TAcAATGAAT	
msal83564.2{147_A909}	CTATAAACCA AATGATACAA CTCATAAAGA CCAATTGGAG TAcAATGAAT	
msal83564.2{147_H36B}	CTATAAACCA AATGATACAA CTCATAAAGA CCAATTGGAG TAcAATGAAT	
msal83564.2{147_1169NT}	CTATAAACCA AATGATACAA CTCATAAAGA CCAATTGGAG TAcAATGAAT	
Consensus	*****	

2451

2500

Table 44: Comparative Sequences relating to SAG0416 (strain info highlighted in BOLD)

msa183564.2{147_COH1}	CAGCTCCTTT	TGAAAGCAAC	AACTATACTG	CCTTGTTAAC	ACAATCAGCG
msa183564.2{147_M732}	CAGCTCCTTT	TGAAAGCAAC	AACTATACTG	CCTTGTTAAC	ACAATCAGCG
msa183564.2{147_M781}	CAGCTCCTTT	TGAAAGCAAC	AACTATACTG	CCTTGTTAAC	ACAATCAGCG
msa183564.2{147_2603}	CAGCTCCTTT	TGAAAGCAAC	AACTATACTG	CCTTGTTAAC	ACAATCAGCG
msa183564.2{147_JM9130013}	CAGCTCCTTT	TGAAAGCAAC	AACTATACTG	CCTTGTTAAC	ACAATCAGCG
msa183564.2{147_18RS21}	CAGCTCCTTT	TGAAAGCAAC	AACTATACTG	CCTTGTTAAC	ACAATCAGCG
msa183564.2{147_090}	CAGCTCCTTT	TGAAAGCAAC	AACTATACTG	CCTTGTTAAC	ACAATCAGCG
msa183564.2{147_CJB110}	CAGCTCCTTT	TGAAAGCAAC	AACTATACTG	CCTTGTTAAC	ACAATCAGCG
msa183564.2{147_A909}	CAGCTCCTTT	TGAAAGCAAC	AACTATACTG	CCTTGTTAAC	ACAATCAGCG
msa183564.2{147_H36B}	CAGCTCCTTT	TGAAAGCAAC	AACTATACTG	CCTTGTTAAC	ACAATCAGCG
msa183564.2{147_1169NT}	CAGCTCCTTT	TGAAAGCAAC	AACTATACTG	CCTTGTTAAC	ACAATCAGCG
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa183564.2{147_COH1}	TCTTGGGGCT	ATGTTGATTA	TGTCAAAAAT	GGTGGGGAGT	TAGAATTAGC
msa183564.2{147_M732}	TCTTGGGGCT	ATGTTGATTA	TGTCAAAAAT	GGTGGGGAGT	TAGAATTAGC
msa183564.2{147_M781}	TCTTGGGGCT	ATGTTGATTA	TGTCAAAAAT	GGTGGGGAGT	TAGAATTAGC
msa183564.2{147_2603}	TCTTGGGGCT	ATGTTGATTA	TGTCAAAAAT	GGTGGGGAGT	TAGAATTAGC
msa183564.2{147_JM9130013}	TCTTGGGGCT	ATGTTGATTA	TGTCAAAAAT	GGTGGGGAGT	TAGAATTAGC
msa183564.2{147_18RS21}	TCTTGGGGCT	ATGTTGATTA	TGTCAAAAAT	GGTGGGGAGT	TAGAATTAGC
msa183564.2{147_090}	TCTTGGGGCT	ATGTTGATTA	TGTCAAAAAT	GGTGGGGAGT	TAGAATTAGC
msa183564.2{147_CJB110}	TCTTGGGGCT	ATGTTGATTA	TGTCAAAAAT	GGTGGGGAGT	TAGAATTAGC
msa183564.2{147_A909}	TCTTGGGGCT	ATGTTGATTA	TGTCAAAAAT	GGTGGGGAGT	TAGAATTAGC
msa183564.2{147_H36B}	TCTTGGGGCT	ATGTTGATTA	TGTCAAAAAT	GGTGGGGAGT	TAGAATTAGC
msa183564.2{147_1169NT}	TCTTGGGGCT	ATGTTGATTA	TGTCAAAAAT	GGTGGGGAGT	TAGAATTAGC
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa183564.2{147_COH1}	ACCGGAGAGT	CCAAAAAGAA	TTATTTTAGG	AACTTTTGAG	AATAAGGTTG
msa183564.2{147_M732}	ACCGGAGAGT	CCAAAAAGAA	TTATTTTAGG	AACTTTTGAG	AATAAGGTTG
msa183564.2{147_M781}	ACCGGAGAGT	CCAAAAAGAA	TTATTTTAGG	AACTTTTGAG	AATAAGGTTG
msa183564.2{147_2603}	ACCGGAGAGT	CCAAAAAGAA	TTATTTTAGG	AACTTTTGAG	AATAAGGTTG
msa183564.2{147_JM9130013}	ACCGGAGAGT	CCAAAAAGAA	TTATTTTAGG	AACTTTTGAG	AATAAGGTTG
msa183564.2{147_18RS21}	ACCGGAGAGT	CCAAAAAGAA	TTATTTTAGG	AACTTTTGAG	AATAAGGTTG
msa183564.2{147_090}	ACCGGAGAGT	CCAAAAAGAA	TTATTTTAGG	AACTTTTGAG	AATAAGGTTG
msa183564.2{147_CJB110}	ACCGGAGAGT	CCAAAAAGAA	TTATTTTAGG	AACTTTTGAG	AATAAGGTTG
msa183564.2{147_A909}	ACCGGAGAGT	CCAAAAAGAA	TTATTTTAGG	AACTTTTGAG	AATAAGGTTG
msa183564.2{147_H36B}	ACCGGAGAGT	CCAAAAAGAA	TTATTTTAGG	AACTTTTGAG	AATAAGGTTG
msa183564.2{147_1169NT}	ACCGGAGAGT	CCAAAAAGAA	TTATTTTAGG	AACTTTTGAG	AATAAGGTTG
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa183564.2{147_COH1}	AGGATAAAAC	AATTCATCTT	TTGGAAAGAG	ATGCAGCGAA	TAATCCATAT
msa183564.2{147_M732}	AGGATAAAAC	AATTCATCTT	TTGGAAAGAG	ATGCAGCGAA	TAATCCATAT
msa183564.2{147_M781}	AGGATAAAAC	AATTCATCTT	TTGGAAAGAG	ATGCAGCGAA	TAATCCATAT
msa183564.2{147_2603}	AGGATAAAAC	AATTCATCTT	TTGGAAAGAG	ATGCAGCGAA	TAATCCATAT
msa183564.2{147_JM9130013}	AGGATAAAAC	AATTCATCTT	TTGGAAAGAG	ATGCAGCGAA	TAATCCATAT
msa183564.2{147_18RS21}	AGGATAAAAC	AATTCATCTT	TTGGAAAGAG	ATGCAGCGAA	TAATCCATAT
msa183564.2{147_090}	AGGATAAAAC	AATTCATCTT	TTGGAAAGAG	ATGCAGCGAA	TAATCCATAT
msa183564.2{147_CJB110}	AGGATAAAAC	AATTCATCTT	TTGGAAAGAG	ATGCAGCGAA	TAATCCATAT
msa183564.2{147_A909}	AGGATAAAAC	AATTCATCTT	TTGGAAAGAG	ATGCAGCGAA	TAATCCATAT
msa183564.2{147_H36B}	AGGATAAAAC	AATTCATCTT	TTGGAAAGAG	ATGCAGCGAA	TAATCCATAT
msa183564.2{147_1169NT}	AGGATAAAAC	AATTCATCTT	TTGGAAAGAG	ATGCAGCGAA	TAATCCATAT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa183564.2{147_COH1}	TTTGCCATTT	CTCCAAATAA	AGATGGAAAT	AGGGACGAAA	TCACTCCCCA
msa183564.2{147_M732}	TTTGCCATTT	CTCCAAATAA	AGATGGAAAT	AGGGACGAAA	TCACTCCCCA
msa183564.2{147_M781}	TTTGCCATTT	CTCCAAATAA	AGATGGAAAT	AGGGACGAAA	TCACTCCCCA
msa183564.2{147_2603}	TTTGCCATTT	CTCCAAATAA	AGATGGAAAT	AGGGACGAAA	TCACTCCCCA
msa183564.2{147_JM9130013}	TTTGCCATTT	CTCCAAATAA	AGATGGAAAT	AGGGACGAAA	TCACTCCCCA
msa183564.2{147_18RS21}	TTTGCCATTT	CTCCAAATAA	AGATGGAAAT	AGGGACGAAA	TCACTCCCCA
msa183564.2{147_090}	TTTGCCATTT	CTCCAAATAA	AGATGGAAAT	AGGGACGAAA	TCACTCCCCA
msa183564.2{147_CJB110}	TTTGCCATTT	CTCCAAATAA	AGATGGAAAT	AGGGACGAAA	TCACTCCCCA
msa183564.2{147_A909}	TTTGCCATTT	CTCCAAATAA	AGATGGAAAT	AGGGACGAAA	TCACTCCCCA
msa183564.2{147_H36B}	TTTGCCATTT	CTCCAAATAA	AGATGGAAAT	AGGGACGAAA	TCACTCCCCA
msa183564.2{147_1169NT}	TTTGCCATTT	CTCCAAATAA	AGATGGAAAT	AGGGACGAAA	TCACTCCCCA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa183564.2{147_COH1}	GGCAACTTTC	TTAAGAAATG	TTAAGGATAT	TTCTGCTCAA	GTTCCTAGATC
msa183564.2{147_M732}	GGCAACTTTC	TTAAGAAATG	TTAAGGATAT	TTCTGCTCAA	GTTCCTAGATC
msa183564.2{147_M781}	GGCAACTTTC	TTAAGAAATG	TTAAGGATAT	TTCTGCTCAA	GTTCCTAGATC
msa183564.2{147_2603}	GGCAACTTTC	TTAAGAAATG	TTAAGGATAT	TTCTGCTCAA	GTTCCTAGATC
msa183564.2{147_JM9130013}	GGCAACTTTC	TTAAGAAATG	TTAAGGATAT	TTCTGCTCAA	GTTCCTAGATC
msa183564.2{147_18RS21}	GGCAACTTTC	TTAAGAAATG	TTAAGGATAT	TTCTGCTCAA	GTTCCTAGATC
msa183564.2{147_090}	GGCAACTTTC	TTAAGAAATG	TTAAGGATAT	TTCTGCTCAA	GTTCCTAGATC
msa183564.2{147_CJB110}	GGCAACTTTC	TTAAGAAATG	TTAAGGATAT	TTCTGCTCAA	GTTCCTAGATC
msa183564.2{147_A909}	GGCAACTTTC	TTAAGAAATG	TTAAGGATAT	TTCTGCTCAA	GTTCCTAGATC
msa183564.2{147_H36B}	GGCAACTTTC	TTAAGAAATG	TTAAGGATAT	TTCTGCTCAA	GTTCCTAGATC
msa183564.2{147_1169NT}	GGCAACTTTC	TTAAGAAATG	TTAAGGATAT	TTCTGCTCAA	GTTCCTAGATC
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****

Table 44: Comparative Sequences relating to SAG0416 (strain info highlighted in BOLD)

msa183564.2{147_COH1}	2751	AAAAATGGAAA	TGTTATTGG	CAAAGTAAGG	TTTTACCATC	2800	TTATCGTAAA
	msa183564.2{147_M732}	AAAAATGGAAA	TGTTATTGG	CAAAGTAAGG	TTTTACCATC	TTATCGTAAA	TTATCGTAAA
	msa183564.2{147_M781}	AAAAATGGAAA	TGTTATTGG	CAAAGTAAGG	TTTTACCATC	TTATCGTAAA	TTATCGTAAA
	msa183564.2{147_2603}	AAAAATGGAAA	TGTTATTGG	CAAAGTAAGG	TTTTACCATC	TTATCGTAAA	TTATCGTAAA
	msa183564.2{147_JM9130013}	AAAAATGGAAA	TGTTATTGG	CAAAGTAAGG	TTTTACCATC	TTATCGTAAA	TTATCGTAAA
	msa183564.2{147_18RS21}	AAAAATGGAAA	TGTTATTGG	CAAAGTAAGG	TTTTACCATC	TTATCGTAAA	TTATCGTAAA
	msa183564.2{147_090}	AAAAATGGAAA	TGTTATTGG	CAAAGTAAGG	TTTTACCATC	TTATCGTAAA	TTATCGTAAA
	msa183564.2{147_CJB110}	AAAAATGGAAA	TGTTATTGG	CAAAGTAAGG	TTTTACCATC	TTATCGTAAA	TTATCGTAAA
	msa183564.2{147_A909}	AAAAATGGAAA	TGTTATTGG	CAAAGTAAGG	TTTTACCATC	TTATCGTAAA	TTATCGTAAA
	msa183564.2{147_H36B}	AAAAATGGAAA	TGTTATTGG	CAAAGTAAGG	TTTTACCATC	TTATCGTAAA	TTATCGTAAA
msa183564.2{147_1169NT}		AAAAATGGAAA	TGTTATTGG	CAAAGTAAGG	TTTTACCATC	TTATCGTAAA	TTATCGTAAA
Consensus		*****	*****	*****	*****	*****	*****
msa183564.2{147_COH1}	2801	AAITTCACATA	ATAATCCAAA	GCAaAGTGAT	GGTCATTATC	2850	GTATGGATGC
	msa183564.2{147_M732}	AAITTCACATA	ATAATCCAAA	GCAaAGTGAT	GGTCATTATC	GTATGGATGC	GTATGGATGC
	msa183564.2{147_M781}	AAITTCACATA	ATAATCCAAA	GCAaAGTGAT	GGTCATTATC	GTATGGATGC	GTATGGATGC
	msa183564.2{147_2603}	AAITTCACATA	ATAATCCAAA	GCAaAGTGAT	GGTCATTATC	GTATGGATGC	GTATGGATGC
	msa183564.2{147_JM9130013}	AAITTCACATA	ATAATCCAAA	GCAaAGTGAT	GGTCATTATC	GTATGGATGC	GTATGGATGC
	msa183564.2{147_18RS21}	AAITTCACATA	ATAATCCAAA	GCAaAGTGAT	GGTCATTATC	GTATGGATGC	GTATGGATGC
	msa183564.2{147_090}	AAITTCACATA	ATAATCCAAA	GCAaAGTGAT	GGTCATTATC	GTATGGATGC	GTATGGATGC
	msa183564.2{147_CJB110}	AAITTCACATA	ATAATCCAAA	GCAaAGTGAT	GGTCATTATC	GTATGGATGC	GTATGGATGC
	msa183564.2{147_A909}	AAITTCACATA	ATAATCCAAA	GCAaAGTGAT	GGTCATTATC	GTATGGATGC	GTATGGATGC
	msa183564.2{147_H36B}	AAITTCACATA	ATAATCCAAA	GCAaAGTGAT	GGTCATTATC	GTATGGATGC	GTATGGATGC
msa183564.2{147_1169NT}		AAITTCACATA	ATAATCCAAA	GCAaAGTGAT	GGTCATTATC	GTATGGATGC	GTATGGATGC
Consensus		*****	*****	***-*****	*****	*****	*****
msa183564.2{147_COH1}	2851	tcTTTCAGTGG	AGTGGTTTAG	ATAAGGATGG	CAAAGTTGTA	2900	GCAGATGGTT
	msa183564.2{147_M732}	tcTTTCAGTGG	AGTGGTTTAG	ATAAGGATGG	CAAAGTTGTA	GCAGATGGTT	GCAGATGGTT
	msa183564.2{147_M781}	tcTTTCAGTGG	AGTGGTTTAG	ATAAGGATGG	CAAAGTTGTA	GCAGATGGTT	GCAGATGGTT
	msa183564.2{147_2603}	tcTTTCAGTGG	AGTGGTTTAG	ATAAGGATGG	CAAAGTTGTA	GCAGATGGTT	GCAGATGGTT
	msa183564.2{147_JM9130013}	tcTTTCAGTGG	AGTGGTTTAG	ATAAGGATGG	CAAAGTTGTA	GCAGATGGTT	GCAGATGGTT
	msa183564.2{147_18RS21}	tcTTTCAGTGG	AGTGGTTTAG	ATAAGGATGG	CAAAGTTGTA	GCAGATGGTT	GCAGATGGTT
	msa183564.2{147_090}	tcTTTCAGTGG	AGTGGTTTAG	ATAAGGATGG	CAAAGTTGTA	GCAGATGGTT	GCAGATGGTT
	msa183564.2{147_CJB110}	tcTTTCAGTGG	AGTGGTTTAG	ATAAGGATGG	CAAAGTTGTA	GCAGATGGTT	GCAGATGGTT
	msa183564.2{147_A909}	tcTTTCAGTGG	AGTGGTTTAG	ATAAGGATGG	CAAAGTTGTA	GCAGATGGTT	GCAGATGGTT
	msa183564.2{147_H36B}	tcTTTCAGTGG	AGTGGTTTAG	ATAAGGATGG	CAAAGTTGTA	GCAGATGGTT	GCAGATGGTT
msa183564.2{147_1169NT}		tcTTTCAGTGG	AGTGGTTTAG	ATAAGGATGG	CAAAGTTGTA	GCAGATGGTT	GCAGATGGTT
Consensus		*****	*****	*****	*****	*****	*****
msa183564.2{147_COH1}	2901	TTTATACITTA	TCGctTACGT	TACACACCAG	TAGCAGAAGG	2950	AGCAAAATAGT
	msa183564.2{147_M732}	TTTATACITTA	TCGctTACGT	TACACACCAG	TAGCAGAAGG	AGCAAAATAGT	AGCAAAATAGT
	msa183564.2{147_M781}	TTTATACITTA	TCGctTACGT	TACACACCAG	TAGCAGAAGG	AGCAAAATAGT	AGCAAAATAGT
	msa183564.2{147_2603}	TTTATACITTA	TCGctTACGT	TACACACCAG	TAGCAGAAGG	AGCAAAATAGT	AGCAAAATAGT
	msa183564.2{147_JM9130013}	TTTATACITTA	TCGctTACGT	TACACACCAG	TAGCAGAAGG	AGCAAAATAGT	AGCAAAATAGT
	msa183564.2{147_18RS21}	TTTATACITTA	TCGctTACGT	TACACACCAG	TAGCAGAAGG	AGCAAAATAGT	AGCAAAATAGT
	msa183564.2{147_090}	TTTATACITTA	TCGctTACGT	TACACACCAG	TAGCAGAAGG	AGCAAAATAGT	AGCAAAATAGT
	msa183564.2{147_CJB110}	TTTATACITTA	TCGctTACGT	TACACACCAG	TAGCAGAAGG	AGCAAAATAGT	AGCAAAATAGT
	msa183564.2{147_A909}	TTTATACITTA	TCGctTACGT	TACACACCAG	TAGCAGAAGG	AGCAAAATAGT	AGCAAAATAGT
	msa183564.2{147_H36B}	TTTATACITTA	TCGctTACGT	TACACACCAG	TAGCAGAAGG	AGCAAAATAGT	AGCAAAATAGT
msa183564.2{147_1169NT}		TTTATACITTA	TCGctTACGT	TACACACCAG	TAGCAGAAGG	AGCAAAATAGT	AGCAAAATAGT
Consensus		*****	***-*****	*****	*****	*****	*****
msa183564.2{147_COH1}	2951	CAGGAGTCAG	ACTTTAAAGT	tCAAGTAAGT	ACTAAGTCAC	3000	CAAATCTTCC
	msa183564.2{147_M732}	CAGGAGTCAG	ACTTTAAAGT	tCAAGTAAGT	ACTAAGTCAC	CAAATCTTCC	CAAATCTTCC
	msa183564.2{147_M781}	CAGGAGTCAG	ACTTTAAAGT	tCAAGTAAGT	ACTAAGTCAC	CAAATCTTCC	CAAATCTTCC
	msa183564.2{147_2603}	CAGGAGTCAG	ACTTTAAAGT	aCAAGTAAGT	ACTAAGTCAC	CAAATCTTCC	CAAATCTTCC
	msa183564.2{147_JM9130013}	CAGGAGTCAG	ACTTTAAAGT	aCAAGTAAGT	ACTAAGTCAC	CAAATCTTCC	CAAATCTTCC
	msa183564.2{147_18RS21}	CAGGAGTCAG	ACTTTAAAGT	aCAAGTAAGT	ACTAAGTCAC	CAAATCTTCC	CAAATCTTCC
	msa183564.2{147_090}	CAGGAGTCAG	ACTTTAAAGT	tCAAGTAAGT	ACTAAGTCAC	CAAATCTTCC	CAAATCTTCC
	msa183564.2{147_CJB110}	CAGGAGTCAG	ACTTTAAAGT	tCAAGTAAGT	ACTAAGTCAC	CAAATCTTCC	CAAATCTTCC
	msa183564.2{147_A909}	CAGGAGTCAG	ACTTTAAAGT	tCAAGTAAGT	ACTAAGTCAC	CAAATCTTCC	CAAATCTTCC
	msa183564.2{147_H36B}	CAGGAGTCAG	ACTTTAAAGT	tCAAGTAAGT	ACTAAGTCAC	CAAATCTTCC	CAAATCTTCC
msa183564.2{147_1169NT}		CAGGAGTCAG	ACTTTAAAGT	tCAAGTAAGT	ACTAAGTCAC	CAAATCTTCC	CAAATCTTCC
Consensus		*****	*****	-*****	*****	*****	*****
msa183564.2{147_COH1}	3001	TTcACgAGCT	CAGTTTGATG	AAACTAATCG	AACATTAAGC	3050	TTAGCCATGC
	msa183564.2{147_M732}	TTcACgAGCT	CAGTTTGATG	AAACTAATCG	AACATTAAGC	TTAGCCATGC	TTAGCCATGC
	msa183564.2{147_M781}	TTcACgAGCT	CAGTTTGATG	AAACTAATCG	AACATTAAGC	TTAGCCATGC	TTAGCCATGC
	msa183564.2{147_2603}	TTcACgAGCT	CAGTTTGATG	AAACTAATCG	AACATTAAGC	TTAGCCATGC	TTAGCCATGC
	msa183564.2{147_JM9130013}	TTcACgAGCT	CAGTTTGATG	AAACTAATCG	AACATTAAGC	TTAGCCATGC	TTAGCCATGC
	msa183564.2{147_18RS21}	TTcACgAGCT	CAGTTTGATG	AAACTAATCG	AACATTAAGC	TTAGCCATGC	TTAGCCATGC
	msa183564.2{147_090}	TTcACgAGCT	CAGTTTGATG	AAACTAATCG	AACATTAAGC	TTAGCCATGC	TTAGCCATGC
	msa183564.2{147_CJB110}	TTcACgAGCT	CAGTTTGATG	AAACTAATCG	AACATTAAGC	TTAGCCATGC	TTAGCCATGC
	msa183564.2{147_A909}	TTcACgAGCT	CAGTTTGATG	AAACTAATCG	AACATTAAGC	TTAGCCATGC	TTAGCCATGC
	msa183564.2{147_H36B}	TTcACgAGCT	CAGTTTGATG	AAACTAATCG	AACATTAAGC	TTAGCCATGC	TTAGCCATGC
msa183564.2{147_1169NT}		TTcACgAGCT	CAGTTTGATG	AAACTAATCG	AACATTAAGC	TTAGCCATGC	TTAGCCATGC
Consensus		**-*-*****	*****	*****	*****	*****	*****

Table 44: Comparative Sequences relating to SAG0416 (strain info highlighted in BOLD)

msa183564.2{147_COH1}	3051	CTAAGGaAAG	TAGTTATGTT	CCTAcATATC	GTcTACAATT	AGTTTATCT	3100
		CTAAGGaAAG	TAGTTATGTT	CCTAcATATC	GTcTACAATT	AGTTTATCT	
		CTAAGGaAAG	TAGTTATGTT	CCTAcATATC	GTcTACAATT	AGTTTATCT	
		CTAAGGaAAG	TAGTTATGTT	CCTAcATATC	GTcTACAATT	AGTTTATCT	
		CTAAGGaAAG	TAGTTATGTT	CCTAcATATC	GTcTACAATT	AGTTTATCT	
		CTAAGGaAAG	TAGTTATGTT	CCTAcATATC	GTcTACAATT	AGTTTATCT	
		CTAAGGaAAG	TAGTTATGTT	CCTAcATATC	GTcTACAATT	AGTTTATCT	
		CTAAGGaAAG	TAGTTATGTT	CCTAcATATC	GTcTACAATT	AGTTTATCT	
		CTAAGGaAAG	TAGTTATGTT	CCTAcATATC	GTcTACAATT	AGTTTATCT	
		CTAAGGaAAG	TAGTTATGTT	CCTAcATATC	GTcTACAATT	AGTTTATCT	
msa183564.2{147_COH1}	3101	CATGTTGTAA	AAGATGAAGA	ATATGGgGAT	GAGACTTCTT	ACCATTATTT	3150
msa183564.2{147_M732}		CATGTTGTAA	AAGATGAAGA	ATATGGgGAT	GAGACTTCTT	ACCATTATTT	
msa183564.2{147_M781}		CATGTTGTAA	AAGATGAAGA	ATATGGgGAT	GAGACTTCTT	ACCATTATTT	
msa183564.2{147_2603}		CATGTTGTAA	AAGATGAAGA	ATATGGgGAT	GAGACTTCTT	ACCATTATTT	
msa183564.2{147_JM9130013}		CATGTTGTAA	AAGATGAAGA	ATATGGgGAT	GAGACTTCTT	ACCATTATTT	
msa183564.2{147_18RS21}		CATGTTGTAA	AAGATGAAGA	ATATGGgGAT	GAGACTTCTT	ACCATTATTT	
msa183564.2{147_090}		CATGTTGTAA	AAGATGAAGA	ATATGGgGAT	GAGACTTCTT	ACCATTATTT	
msa183564.2{147_CJB110}		CATGTTGTAA	AAGATGAAGA	ATATGGgGAT	GAGACTTCTT	ACCATTATTT	
msa183564.2{147_A909}		CATGTTGTAA	AAGATGAAGA	ATATGGgGAT	GAGACTTCTT	ACCATTATTT	
msa183564.2{147_H36B}		CATGTTGTAA	AAGATGAAGA	ATATGGgGAT	GAGACTTCTT	ACCATTATTT	
msa183564.2{147_1169NT}		CATGTTGTAA	AAGATGAAGA	ATATGGgGAT	GAGACTTCTT	ACCATTATTT	
Consensus		*****	*****	*****	*****	*****	
msa183564.2{147_COH1}	3151	CCATATAGAT	CaAGaAGGTA	AAGtGACACT	TCCTAAAACg	GTTAAGATAG	3200
		CCATATAGAT	CaAGaAGGTA	AAGtGACACT	TCCTAAAACg	GTTAAGATAG	
		CCATATAGAT	CaAGaAGGTA	AAGtGACACT	TCCTAAAACg	GTTAAGATAG	
		CCATATAGAT	CaAGaAGGTA	AAGtGACACT	TCCTAAAACg	GTTAAGATAG	
		CCATATAGAT	CaAGaAGGTA	AAGtGACACT	TCCTAAAACg	GTTAAGATAG	
		CCATATAGAT	CaAGaAGGTA	AAGtGACACT	TCCTAAAACg	GTTAAGATAG	
		CCATATAGAT	CaAGaAGGTA	AAGtGACACT	TCCTAAAACg	GTTAAGATAG	
		CCATATAGAT	CaAGaAGGTA	AAGtGACACT	TCCTAAAACg	GTTAAGATAG	
		CCATATAGAT	CaAGaAGGTA	AAGtGACACT	TCCTAAAACg	GTTAAGATAG	
		CCATATAGAT	CaAGaAGGTA	AAGtGACACT	TCCTAAAACg	GTTAAGATAG	
msa183564.2{147_COH1}	3201	GAGAGAGTGA	GGTTGcGTA	GACCCTAAGg	CCTTGACACT	TGTTGTGGAA	3250
msa183564.2{147_M732}		GAGAGAGTGA	GGTTGcGTA	GACCCTAAGg	CCTTGACACT	TGTTGTGGAA	
msa183564.2{147_M781}		GAGAGAGTGA	GGTTGcGTA	GACCCTAAGg	CCTTGACACT	TGTTGTGGAA	
msa183564.2{147_2603}		GAGAGAGTGA	GGTTGcGTA	GACCCTAAGg	CCTTGACACT	TGTTGTGGAA	
msa183564.2{147_JM9130013}		GAGAGAGTGA	GGTTGcGTA	GACCCTAAGg	CCTTGACACT	TGTTGTGGAA	
msa183564.2{147_18RS21}		GAGAGAGTGA	GGTTGcGTA	GACCCTAAGg	CCTTGACACT	TGTTGTGGAA	
msa183564.2{147_090}		GAGAGAGTGA	GGTTGcGTA	GACCCTAAGg	CCTTGACACT	TGTTGTGGAA	
msa183564.2{147_CJB110}		GAGAGAGTGA	GGTTGcGTA	GACCCTAAGg	CCTTGACACT	TGTTGTGGAA	
msa183564.2{147_A909}		GAGAGAGTGA	GGTTGcGTA	GACCCTAAGg	CCTTGACACT	TGTTGTGGAA	
msa183564.2{147_H36B}		GAGAGAGTGA	GGTTGcGTA	GACCCTAAGg	CCTTGACACT	TGTTGTGGAA	
msa183564.2{147_1169NT}		GAGAGAGTGA	GGTTGcGTA	GACCCTAAGg	CCTTGACACT	TGTTGTGGAA	
Consensus		*****	*****	*****	*****	*****	
msa183564.2{147_COH1}	3251	GATAAAGCTG	GTAATTTtGC	AACGGTAAAA	TTGTCTGAcC	TCTTGAATAA	3300
		GATAAAGCTG	GTAATTTtGC	AACGGTAAAA	TTGTCTGAcC	TCTTGAATAA	
		GATAAAGCTG	GTAATTTtGC	AACGGTAAAA	TTGTCTGAcC	TCTTGAATAA	
		GATAAAGCTG	GTAATTTtGC	AACGGTAAAA	TTGTCTGAcC	TCTTGAATAA	
		GATAAAGCTG	GTAATTTtGC	AACGGTAAAA	TTGTCTGAcC	TCTTGAATAA	
		GATAAAGCTG	GTAATTTtGC	AACGGTAAAA	TTGTCTGAcC	TCTTGAATAA	
		GATAAAGCTG	GTAATTTtGC	AACGGTAAAA	TTGTCTGAcC	TCTTGAATAA	
		GATAAAGCTG	GTAATTTtGC	AACGGTAAAA	TTGTCTGAcC	TCTTGAATAA	
		GATAAAGCTG	GTAATTTtGC	AACGGTAAAA	TTGTCTGAcC	TCTTGAATAA	
		GATAAAGCTG	GTAATTTtGC	AACGGTAAAA	TTGTCTGAcC	TCTTGAATAA	
msa183564.2{147_COH1}	3301	GGCAGTAGTA	TCAGAGAAAG	AAAACGCTAT	AGTAATTCT	AACagTTTCA	3350
msa183564.2{147_M732}		GGCAGTAGTA	TCAGAGAAAG	AAAACGCTAT	AGTAATTCT	AACagTTTCA	
msa183564.2{147_M781}		GGCAGTAGTA	TCAGAGAAAG	AAAACGCTAT	AGTAATTCT	AACagTTTCA	
msa183564.2{147_2603}		GGCAGTAGTA	TCAGAGAAAG	AAAACGCTAT	AGTAATTCT	AACagTTTCA	
msa183564.2{147_JM9130013}		GGCAGTAGTA	TCAGAGAAAG	AAAACGCTAT	AGTAATTCT	AACagTTTCA	
msa183564.2{147_18RS21}		GGCAGTAGTA	TCAGAGAAAG	AAAACGCTAT	AGTAATTCT	AACagTTTCA	
msa183564.2{147_090}		GGCAGTAGTA	TCAGAGAAAG	AAAACGCTAT	AGTAATTCT	AACagTTTCA	
msa183564.2{147_CJB110}		GGCAGTAGTA	TCAGAGAAAG	AAAACGCTAT	AGTAATTCT	AACagTTTCA	
msa183564.2{147_A909}		GGCAGTAGTA	TCAGAGAAAG	AAAACGCTAT	AGTAATTCT	AACagTTTCA	
msa183564.2{147_H36B}		GGCAGTAGTA	TCAGAGAAAG	AAAACGCTAT	AGTAATTCT	AACagTTTCA	
msa183564.2{147_1169NT}		GGCAGTAGTA	TCAGAGAAAG	AAAACGCTAT	AGTAATTCT	AACagTTTCA	
Consensus		*****	*****	*****	*****	*****	

Table 44: Comparative Sequences relating to SAG0416 (strain info highlighted in BOLD)

Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
	3351				3400
msa183564.2{147_COH1}	AAATATTTTGA	TAACCTGAAG	AAAGAAcCTA	TGTTTATTTC	TAAAgAAGgA
msa183564.2{147_M732}	AAATATTTTGA	TAACCTGAAG	AAAGAAcCTA	TGTTTATTTC	TAAAgAAGgA
msa183564.2{147_M781}	AAATATTTTGA	TAACCTGAAG	AAAGAAcCTA	TGTTTATTTC	TAAAgAAGgA
msa183564.2{147_2603}	AAATATTTTGA	TAACCTGAAG	AAAGAAcCTA	TGTTTATTTC	TAAAgAAGgA
msa183564.2{147_JM9130013}	AAATATTTTGA	TAACCTGAAG	AAAGAAcCTA	TGTTTATTTC	TAAAgAAGgA
msa183564.2{147_18RS21}	AAATATTTTGA	TAACCTGAAG	AAAGAAcCTA	TGTTTATTTC	TAAAgAAGgA
msa183564.2{147_090}	AAATATTTTGA	TAACCTGAAG	AAAGAAcCTA	TGTTTATTTC	TAAAgAAGgA
msa183564.2{147_CJB110}	AAATATTTTGA	TAACCTGAAG	AAAGAAcCTA	TGTTTATTTC	TAAAgAAGgA
msa183564.2{147_A909}	AAATATTTTGA	TAACCTGAAG	AAAGAAcCTA	TGTTTATTTC	TAAAgAAGgA
msa183564.2{147_H36B}	AAATATTTTGA	TAACCTGAAG	AAAGAAcCTA	TGTTTATTTC	TAAAgAAGgA
msa183564.2{147_1169NT}	AAATATTTTGA	TAACCTGAAG	AAAGAAcCTA	TGTTTATTTC	TAAAgAAGgA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
	3401				3450
msa183564.2{147_COH1}	AAAGTAGTAA	ACAAGAATCT	AGAAGAAATA	acATTAGTTA	AGCCcCAaAC
msa183564.2{147_M732}	AAAGTAGTAA	ACAAGAATCT	AGAAGAAATA	acATTAGTTA	AGCCcCAaAC
msa183564.2{147_M781}	AAAGTAGTAA	ACAAGAATCT	AGAAGAAATA	acATTAGTTA	AGCCcCAaAC
msa183564.2{147_2603}	AAAGTAGTAA	ACAAGAATCT	AGAAGAAATA	acATTAGTTA	AGCCcCAaAC
msa183564.2{147_JM9130013}	AAAGTAGTAA	ACAAGAATCT	AGAAGAAATA	acATTAGTTA	AGCCcCAaAC
msa183564.2{147_18RS21}	AAAGTAGTAA	ACAAGAATCT	AGAAGAAATA	acATTAGTTA	AGCCcCAaAC
msa183564.2{147_090}	AAAGTAGTAA	ACAAGAATCT	AGAAGAAATA	acATTAGTTA	AGCCcCAaAC
msa183564.2{147_CJB110}	AAAGTAGTAA	ACAAGAATCT	AGAAGAAATA	acATTAGTTA	AGCCcCAaAC
msa183564.2{147_A909}	AAAGTAGTAA	ACAAGAATCT	AGAAGAAATA	acATTAGTTA	AGCCcCAaAC
msa183564.2{147_H36B}	AAAGTAGTAA	ACAAGAATCT	AGAAGAAATA	acATTAGTTA	AGCCcCAaAC
msa183564.2{147_1169NT}	AAAGTAGTAA	ACAAGAATCT	AGAAGAAATA	acATTAGTTA	AGCCcCAaAC
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
	3451				3500
msa183564.2{147_COH1}	TACAGTTACT	ACTCAATCAT	TGTCTAAAGA	AATAACTaAA	TCAGGAAATG
msa183564.2{147_M732}	TACAGTTACT	ACTCAATCAT	TGTCTAAAGA	AATAACTaAA	TCAGGAAATG
msa183564.2{147_M781}	TACAGTTACT	ACTCAATCAT	TGTCTAAAGA	AATAACTaAA	TCAGGAAATG
msa183564.2{147_2603}	TACAGTTACT	ACTCAATCAT	TGTCTAAAGA	AATAACTaAA	TCAGGAAATG
msa183564.2{147_JM9130013}	TACAGTTACT	ACTCAATCAT	TGTCTAAAGA	AATAACTaAA	TCAGGAAATG
msa183564.2{147_18RS21}	TACAGTTACT	ACTCAATCAT	TGTCTAAAGA	AATAACTaAA	TCAGGAAATG
msa183564.2{147_090}	TACAGTTACT	ACTCAATCAT	TGTCTAAAGA	AATAACTaAA	TCAGGAAATG
msa183564.2{147_CJB110}	TACAGTTACT	ACTCAATCAT	TGTCTAAAGA	AATAACTaAA	TCAGGAAATG
msa183564.2{147_A909}	TACAGTTACT	ACTCAATCAT	TGTCTAAAGA	AATAACTaAA	TCAGGAAATG
msa183564.2{147_H36B}	TACAGTTACT	ACTCAATCAT	TGTCTAAAGA	AATAACTaAA	TCAGGAAATG
msa183564.2{147_1169NT}	TACAGTTACT	ACTCAATCAT	TGTCTAAAGA	AATAACTaAA	TCAGGAAATG
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
	3501				3550
msa183564.2{147_COH1}	AGAAAGTCCT	CACCTTCTACA	AACAATAATA	GTAGcAGAGT	AGCTAAgATC
msa183564.2{147_M732}	AGAAAGTCCT	CACCTTCTACA	AACAATAATA	GTAGcAGAGT	AGCTAAgATC
msa183564.2{147_M781}	AGAAAGTCCT	CACCTTCTACA	AACAATAATA	GTAGcAGAGT	AGCTAAgATC
msa183564.2{147_2603}	AGAAAGTCCT	CACCTTCTACA	AACAATAATA	GTAGcAGAGT	AGCTAAgATC
msa183564.2{147_JM9130013}	AGAAAGTCCT	CACCTTCTACA	AACAATAATA	GTAGcAGAGT	AGCTAAgATC
msa183564.2{147_18RS21}	AGAAAGTCCT	CACCTTCTACA	AACAATAATA	GTAGcAGAGT	AGCTAAgATC
msa183564.2{147_090}	AGAAAGTCCT	CACCTTCTACA	AACAATAATA	GTAGcAGAGT	AGCTAAgATC
msa183564.2{147_CJB110}	AGAAAGTCCT	CACCTTCTACA	AACAATAATA	GTAGcAGAGT	AGCTAAgATC
msa183564.2{147_A909}	AGAAAGTCCT	CACCTTCTACA	AACAATAATA	GTAGcAGAGT	AGCTAAgATC
msa183564.2{147_H36B}	AGAAAGTCCT	CACCTTCTACA	AACAATAATA	GTAGcAGAGT	AGCTAAgATC
msa183564.2{147_1169NT}	AGAAAGTCCT	CACCTTCTACA	AACAATAATA	GTAGcAGAGT	AGCTAAgATC
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
	3551				3600
msa183564.2{147_COH1}	ATATCACCTA	AACATAAcGG	GGATTCTGTT	AACCATACC-	-----
msa183564.2{147_M732}	ATATCACCTA	AACATAAcGG	GGATTCTGTT	AACCATACC-	-----
msa183564.2{147_M781}	ATATCACCTA	AACATAAcGG	GGATTCTGTT	AACCATACC-	-----
msa183564.2{147_2603}	ATATCACCTA	AACATAAcGG	GGATTCTGTT	AACCATACC-	-----
msa183564.2{147_JM9130013}	ATATCACCTA	AACATAAcGG	GGATTCTGTT	AACCATACC-	-----
msa183564.2{147_18RS21}	ATATCACCTA	AACATAAcGG	GGATTCTGTT	AACCATACC-	-----
msa183564.2{147_090}	ATATCACCTA	AACATAAcGG	GGATTCTGTT	AACCATACC-	-----
msa183564.2{147_CJB110}	ATATCACCTA	AACATAAcGG	GGATTCTGTT	AACCATACC-	-----
msa183564.2{147_A909}	ATATCACCTA	AACATAAcGG	GGATTCTGTT	AACCATACC-	-----
msa183564.2{147_H36B}	ATATCACCTA	AACATAAcGG	GGATTCTGTT	AACCATACC-	-----
msa183564.2{147_1169NT}	ATATCACCTA	AACATAAcGG	GGATTCTGTT	AACCATACC-	-----
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
	3601				3650
msa183564.2{147_COH1}	atcagataga	gcaacgaatg	gtctatttgt	tggtactttg	gcattgttat
msa183564.2{147_M732}	atcagataga	gcaacgaatg	gtctatttgt	tggtactttg	gcattgttat
msa183564.2{147_M781}	atcagataga	gcaacgaatg	gtctatttgt	tggtactttg	gcattgttat
msa183564.2{147_2603}	atcagataga	gcaacgaatg	gtctatttgt	tggtactttg	gcattgttat
msa183564.2{147_JM9130013}	atcagataga	gcaacgaatg	gtctatttgt	tggtactttg	gcattgttat
msa183564.2{147_18RS21}	atcagataga	gcaacgaatg	gtctatttgt	tggtactttg	gcattgttat
msa183564.2{147_090}	atcagataga	gcaacgaatg	gtctatttgt	tggtactttg	gcattgttat
msa183564.2{147_CJB110}	atcagataga	gcaacgaatg	gtctatttgt	tggtactttg	gcattgttat
msa183564.2{147_A909}	atcagataga	gcaacgaatg	gtctatttgt	tggtactttg	gcattgttat
msa183564.2{147_H36B}	atcagataga	gcaacgaatg	gtctatttgt	tggtactttg	gcattgttat

Table 44: Comparative Sequences relating to SAG0416 (strain info highlighted in BOLD)

msa183564.2{147_1169NT}	-----	-----	-----	-----
Consensus	*****	*****	*****	*****
	3651			3700
msa183564.2{147_COH1}	-----	-----	-----	-----
msa183564.2{147_M732}	-----	-----	-----	-----
msa183564.2{147_M781}	-----	-----	-----	-----
msa183564.2{147_2603}	ctagtttact	tctttatttg	aaacccaaaa	agactaaaaa
msa183564.2{147_JM9130013}	-----	-----	-----	-----
msa183564.2{147_18RS21}	-----	-----	-----	-----
msa183564.2{147_090}	-----	-----	-----	-----
msa183564.2{147_CJB110}	-----	-----	-----	-----
msa183564.2{147_A909}	-----	-----	-----	-----
msa183564.2{147_H36B}	-----	-----	-----	-----
msa183564.2{147_1169NT}	-----	-----	-----	-----
Consensus	*****	*****	*****	*****

## SEQ ID NO. 4412

## STRAIN 2603

VDKHHKKAIIKLTITTSILLMHSNQVNAEEQELKNQEQSPVIANVAQQPSPSVTTNTV  
 RKTSTVTAASASNTAKMGDTSVKNDKTEDELEELSKNLDTSNLGADLEEEYPSKPETTN  
 NKESNVVTNASTAIAQKVPSAYEEVKPESKSSLAVIDTSKITKLQAI TORGKGNVVAI ID  
 TGFDINHDI FRLDSPKDDKHSFKTKTEFEELKAKHNITYGKWNVDKI VFAHNYANNTETV  
 ADIAAMKDGYGSEAKNI SHGTHVAGI FVGNSKRPAINGLLLEGAAPNAQVLLMRI PDKI  
 DSDKFGAYAKAITDAVNLGAKTINMSIGKTADSLIALNDKVKLALKLASEKGVAVVVA  
 GNEGAFGMDYSKPLSTNPDYGTVNSPAISEDTLSVASYESLTKTISEVVETTIEGKLVKLP  
 IVTSKPFDDGKAYDVVYANYGAKKDFGKDFGKIALIERGGGLDFMTKI THATNAGVVG  
 IVIFNDQEKRGNFII PYRELPGVGI ISKVDGERIKNTSSQLTFNQSFVVDSQGGNRMLEQ  
 SSWGVTAEAGAIKPDVTASGFIEYSTYNNQYQTMSTGSMASPHVAGLMTMLQSHLAEKYK  
 GNMNLSKGLLELSEKNIIMSSATATLYSEEDKAFYSPRQAGVVDKAEKAIQAQYIITGNDG  
 KAKINLKRMDGKFDITVTIHKLVGKVKELYQANVATEQVNGKGFALIKPQALLDTNWQKV  
 ILRDKETQVRFTIDASQFSQKLKEQMANGYFLEGFVRPKEAKDSNQELMSIPFVGFGNGDF  
 ANLQALETPITYKTLKSGSFYKPNDDTHKDQLEYNESAPFESNNYTALLTQSASWGYVDY  
 VKNNGGELELAPESPKRI ILGTFENKVEDKTIHLERDAANNPYFAISPKNKGNRDEITPO  
 ATFLNRVVDISAQVLDQNGNVIWQSKVLPSYRKNFHNPKQSDGHYRMDALQWSGLDKDG  
 KVVADGFTYRRLRYTTPVAEGANSQESDFKVQVSTKSPNLPSRAQFDETNRTLSLAMPKES  
 SYVPTYRLQLVLSHVVDDEYGDDETSVHYPHIDQEGKVTLPKTVKIGESEVAVDPKALTL  
 VVEDKAGNFATVKLSDDLNAKVSEKENAIVISNSFKYFDNLKKEPMFISKKEKVVNKNL  
 EEIILVKPQTITVTITQSLSKETIKSGNEKVLSTNNNSRRAKII SPKHNGDSVNHTLPST  
 SDRATNGLFVGTLLALLSSLLLYLKPCKTKNNSK

## SEQ ID NO. 4413

## STRAIN A909

EEQELKNQEQSPVIANVAQQPSPSVTTNTVEKTSVTSASASNTAKMGDTSVKNDKTEDE  
 LLEELSKNLDTSNLGADLEEEYPSKPETTNKESNVVTNASTAIAQKVPSAYEEVKPESK  
 SSLAVLDTSKITKLQAI TORGKGNVVAI IDTGFDINHDI FRLDSPKDDKHSFKTKAEFEE  
 LKAKHNITYGKWNVDKI VFAHNYANNTETVADIAAMKDGYGSEAKNI SHGTHVAGI FVG  
 NSKRPAINGLLLEGAAPNAQVLLMRI PDKI DSDKFGAYAKAITDAVNLGAKTINMSLGK  
 TADSLIALNDKVKLALKLASEKGVAVVVAAGNEGAFGMDYSKPLSTNPDYGTVNSPAISE  
 DTLSVASYESLTKTISEVVETTIEGKLVKLP IVTSKPFDDGKAYDVVYANYGAKKRL.R.G  
 L.R.DCIN.AWWT.FYD.NHSCYKRCWCYRYF.RSRKTWKFSNSLP.ITCGGY..SRW  
 RAYKCYKFSVNI.PEF.SS..PRWQSYAGTIKLGDRS.RSNQA.CNSFWL.NLFFNL..S  
 IPNNVWYKYGFTTCRINDNASKSFG.EI.RDEFRF.KIARIV.KHPHELNSII..RG.  
 GVLFPTTSARCRCS.C.KSYPPSILCYWKRWS.N.SQTSGR.I.YHSYNS.TCRRCQIRV  
 LSS.CSNRTSK.R.ICP.TTSLARY.LAESNSS..RNTSSIIYY.F.SI.SBIKRTDGKWL  
 FLRRPCTP.RSQG..SGVNEYSFCRI.W.FBELTST.NTDL.DAF.R.FLL.TK.YNS.R  
 PIGVQ.TSSP.KQQLYCLVNTISVLGLC.LCQKWWGVRI STGESKKNYFRNP.E.G.G.N  
 NSSFGKRCSE.SIFCHFSK.RWK.G.NHSPGNFLKCC.GYFCSSSRSKWCKYLAK.GFTI  
 LS.KFP..SKAK.WSLSYGCPSEVWFR.GWQSCSRWFLYLSFTLHTSSRRSK.SGVR.L.S  
 SSKY.VTKSSSTSSV..N.SNIKLSHA.GK.LCSYISSTISFISCKR.RIWR.DFLPLP  
 PYRSRR.SDTS.NS.DRRE.GCSR.P.DLDTCCGR.SW.FRNGKIV.PLE.GSSIRERKRY  
 SNF.QQIF..LEKRTYVYF.RRKSSKQESRRNIS.AANYSYYSIIV.RNNSIRK.ESP  
 HFYKQ...QSS.DHIT.T.RGFC.PY

## SEQ ID NO. 4414

## STRAIN H36B

EEQELKNQEQSPVIANVAQQPSPSVTTNTVEKTSVTSASASNTAKMGDTSVKNDKTEDE  
 LLEELSKNLDTSNLGADLEEEYPSKPETTNKESNVVTNASTAIAQKVPSAYEEVKPESK  
 SSLAVLDTSKITKLQAI TORGKGNVVAI IDTGFDINHDI FRLDSPKDDKHSFKTKAEFEE  
 LKAKHNITYGKWNVDKI VFAHNYANNTETVADIAAMKDGYGSEAKNI SHGTHVAGI FVG  
 NSKRPAINGLLLEGAAPNAQVLLMRI PDKI DSDKFGAYAKAITDAVNLGAKTINMSLGK  
 TADSLIALNDKVKLALKLASEKGVAVVVAAGNEGAFGMDYSKPLSTNPDYGTVNSPAISE  
 DTLSVASYESLTKTISEVVETTIEGKLVKLP IVTSKPFDDGKAYDVVYANYGAKKDFGK  
 FKGIKALIERGGGLDFMTKI THATNAGVVGIVIFNDQEKRGNFII PYRELPGVGI ISKVDG  
 ERIKNTSSQLTFNQSFVVDSQGGNRMLEQSSWGVTAEAGAIKPDVTASGFIEYSTYNNQ  
 YQTMSTGSMASPHVAGLMTMLQSHLAEKYKGMNLSKGLLELSEKNIIMSSATATLYSEEDK  
 AFYSPRQAGVVDKAEKAIQAQYIITGNDGKAKINLKRMDGKFDITVTIHKLVGKVKELY  
 QANVATEQVNGKGFALIKPQALLDTNWQKVI LRDKETQVRFTIDSSQFSQKLKEQMANGY  
 FLEGFVRPKEAKDSNQELMSIPFVGFGNGDFANLQALETPITYKTLKSGSFYKPNDDTHKD  
 QLEYNESAPFESNNYTALLTQSASWGYVDYVKNNGGELELAPESPKRI ILGTFENKVEDKTI  
 IHLERDAANNPYFAISPKNKGNRDEITPOATFLNRVVDISAQVLDQNGNVIWQSKVLPS  
 YRKNFHNPKQSDGHYRMDALQWSGLDKDGKVVADGFTYRRLRYTTPVAEGANSQESDFKV  
 QVSTKSPNLPSRAQFDETNRTLAMPKESSYVPTYRLQLVLSHVVDDEYGDDETSVHYF



Table 44: Comparative Sequences relating to SAG0416 (strain info highlighted in BOLD)

HIDQEGKVTLPKTVKIGESEVAVDPKTLTLVVEDKAGNFATVKLSDLLNKAVVSEKENAI  
VISNNFKYFDNLKKEPMFISKEGKVNNKLEBIALVKPQTIVTTQSLSKETQSGNEKVL  
TSTNNSSRVAKIISPKHNGDSVNHT

## SEQ ID NO. 4415

## STRAIN 18RS21

EEQELKNQEQSPVIANVAQQPSPSVTTNTVEKTSVTAASASNTAKEMGDTSVKNDKTEDE  
LLELSKNLDTSNLGDLEEEYPSKPETTNNKESNVVTNASTAIAQKVPSAYEEVKPESK  
SSLAVLDTSKITKLQATTQRGKGNVVAIIDTGFDINHDI FRLDSPKDDKHSFKTKAEFEE  
LKAHNTITYGKWNVDKI VFAHNYANNTETVADIAAAMKDGYSRAKNISHGTHVAGIFVG  
NSKRPAINSLLEGAAPNAQVLLMRI PDKIDSDKFGEAYAKAIIDAVNLGAKTINMSLGK  
TADSLIALNDKVKLALALASEKGVAVVVAAGNEGAFGMDYSKPLSTNPDYGTVNSPAISE  
DTLSVASYESLKTISEVVETITIEGKLVKLPVITSKPFDKGKAYDVVYANYGAKKDPEGKD  
FKGKIALIBRGGLDFMTKI THAINAGVVGIVIPNDQEKRGNFILPYRELPGVIGISKVDG  
ERIKNTSSQLTFNQSFVVDSDGGNRMLEQSSWGVTAEGAIPKPDVTASGFBIYSSSTYNNQ  
YQTMSTGSMASPHVAGLMTMLQSHLAEKYKGMNLDSSKLLSKNILMSSATALYSEEDK  
AFYSPRQOGAGVVDAAEKAIQAQYIITGNDGKAKINLKRMDKFDITVTIHKLVGVKELY  
YQANVATEQVNGKGFALKPQALLDTNWQKVLIRDKETQVRFTIDASQPSQKLKESQMANGY  
FLBGFVRFPKAKDSNQELMSIPFVGFGNDPANLQALBTPYKTI SKGSFFYKPNDDTHKD  
QLEYNESAPFESNNYTALLTQSASWGYVDYVKNGELELAPESPKRIILGTFENKVEDKT  
IHLLERDAANNPYFAISPNKDGNDREITPQATFLRNVDISAQVLDQNGNVIWQSKVLP  
YRKNFHNPNKQSDGHYRMDALQWSGLDKDGKVVADGPFYTYRLRYTPVAEGANSQESDPKV  
QVSTKSPNLPSRAQFDETNRTL SLAMPKBSYVPTYLQVLVSHVVKDEEYGDETS YHYF  
HIDQEGKVTLPKTVKIGESEVAVDPKALTLLVVEDKAGNFATVKLSDLLNKAVVSEKENAI  
VISNSFKYFDNLKKEPMFISKEGKVNNKLEBIALVKPQTIVTTQSLSKETKSGNEKVL  
TSTNNSSRVAKIISPKHNGDSVNHT

## SEQ ID NO. 4416

## STRAIN M732

EEQELKNQEQSPVIANVAQQPSPSVTTNIVEKTSVTAASASNTVKEMGDTSVKNDKTEDE  
LLELSKNLDTSNLGDLEEEYPSKPETTNNKESNVVTNASTAIAQKVPSAYEEVKSES  
SSLAVLDTSKITKLQATTQRGKGNVVAIIDTGFDINHDI FRLDSPKDDKHSFKTKAEFEE  
LKAHNTITYGKWNVDKI VFAHNYANNTETVADIAAAMKDGYSRAKNILHGTHVAGIFVG  
NSKRPAINSLLEGAAPNAQVLLMRI PDKIDSDKFGEAYAKAIIDAVNLGAKTINMSLGK  
TADSLIALNDKVKLALALASEKGVAVVVAAGNEGAFGMDYSKPLSTNPDYGTVNSPAISE  
DTLSVASYESLKTISEVVETITIEGKLVKLPVITSKPFDKGKAYDVVYANYGAKKILKVRT  
LKVRLLH.LSVVVDLIL.LKSLMLQMQVLLVSLFLTIKKNVEIF.FLTVNYLWGLLVK.MA  
SV.KILQVS.HLTRVLK.LIAKVAIVCWNQVGA.QLKEQSSLM.QLLALKFIILOPIIIN  
TKQCLVQVWLHMLQD..QCFKVIWLRNIGK.I.ILKNC.NCLKTSS.AQQQHYIVKRI  
RFIHHVSKVQV.LMLKLSKLNIMLETMAKLI SNEREINLI SQLOFINL.KVSKNCI  
IKM.QQNK.IKVNPLNKHPC.ILIGRK.FFVIKHKFDLLMLVNLVRN.KNRWQMI  
S.KVLYVLKKPRIVIRS..VPLL.DLMVILRTYKHLKHFIRRLKVVSTINQMIQIKT  
NWSTMNQLLLKATTILPC.HNQRIGAMLIMSKMVG.S.N.HRRVQKELF.ELLRIRLRIKQ  
FIFWKEMQRIIHLFPFLQIKMEIGTKSLPRQLS.EMLRI FLLKF.IKMEMLFGKVRFYHL  
IVKISII IQSKVMVIVWMLFSGVV.IRMAKL.QMVFILIAVYTHQ.QKEQIVRSQTLKF  
K.VLSHQIFLHLSLMKLIH.A.PCLRKVVMFLHIVYN.FYLML.KMKNMGMRLLTIIIS  
I.IKKVK.HFLKRLR.ERVRLR.TLRP.HLLWKIKLVILQR.NCLTS.IRQ.YORKKTL.  
.FLTVSNILIT.RKNLCLFLKKEK..TRI.KK.H.LSLKLQLLLNHLCK.LNQEMRKSS  
LLQTIIVAE.LRSYHLNITGILLTI

## SEQ ID NO. 4417

## STRAIN COH1

EEQELKNQEQSPVIANVAQQPSPSVTTNIVEKTSVTAASASNTVKEMGDTSVKNDKTEDE  
LLELSKNLDTSNLGDLEEEYPSKPETTNNKESNVVTNASTAIAQKVPSAYEEVKSES  
SSLAVLDTSKITKLQATTQRGKGNVVAIIDTGFDINHDI FRLDSPKDDKHSFKTKAEFEE  
LKAHNTITYGKWNVDKI VFAHNYANNTETVADIAAAMKDGYSRAKNILHGTHVAGIFVG  
NSKRPAINSLLEGAAPNAQVLLMRI PDKIDSDKFGEAYAKAIIDAVNLGAKTINMSLGK  
TADSLIALNDKVKLALALASEKGVAVVVAAGNEGAFGMDYSKPLSTNPDYGTVNSPAISE  
DTLSVASYESLKTISEVVETITIEGKLVKLPVITSKPFDKGKAYDVVYANYGAKKILKVRT  
LKVRLLH.LSVVVDLIL.LKSLMLQMQVLLVSLFLTIKKNVEIF.FLTVNYLWGLLVK.MA  
SV.KILQVS.HLTRVLK.LIAKVAIVCWNQVGA.QLKEQSSLM.QLLALKFIILOPIIIN  
TKQCLVQVWLHMLQD..QCFKVIWLRNIGK.I.ILKNC.NCLKTSS.AQQQHYIVKRI  
RFIHHVSKVQV.LMLKLSKLNIMLETMAKLI SNEREINLI SQLOFINL.KVSKNCI  
IKM.QQNK.IKVNPLNKHPC.ILIGRK.FFVIKHKFDLLMLVNLVRN.KNRWQMI  
S.KVLYVLKKPRIVIRS..VPLL.DLMVILRTYKHLKHFIRRLKVVSTINQMIQIKT  
NWSTMNQLLLKATTILPC.HNQRIGAMLIMSKMVG.S.N.HRRVQKELF.ELLRIRLRIKQ  
FIFWKEMQRIIHLFPFLQIKMEIGTKSLPRQLS.EMLRI FLLKF.IKMEMLFGKVRFYHL  
IVKISII IQSKVMVIVWMLFSGVV.IRMAKL.QMVFILIAVYTHQ.QKEQIVRSQTLKF  
K.VLSHQIFLHLSLMKLIH.A.PCLRKVVMFLHIVYN.FYLML.KMKNMGMRLLTIIIS  
I.IKKVK.HFLKRLR.ERVRLR.TLRP.HLLWKIKLVILQR.NCLTS.IRQ.YORKKTL.  
.FLTVSNILIT.RKNLCLFLKKEK..TRI.KK.H.LSLKLQLLLNHLCK.LNQEMRKSS  
LLQTIIVAE.LRSYHLNITGILLTI

## SEQ ID NO. 4418

## STRAIN M781

EEQELKNQEQSPVIANVAQQPSPSVTTNIVEKTSVTAASASNTVKEMGDTSVKNDKTEDE  
LLELSKNLDTSNLGDLEEEYPSKPETTNNKESNVVTNASTAIAQKVPSAYEEVKSES  
SSLAVLDTSKITKLQATTQRGKGNVVAIIDTGFDINHDI FRLDSPKDDKHSFKTKAEFEE  
LKAHNTITYGKWNVDKI VFAHNYANNTETVADIAAAMKDGYSRAKNILHGTHVAGIFVG  
NSKRPAINSLLEGAAPNAQVLLMRI PDKIDSDKFGEAYAKAIIDAVNLGAKTINMSLGK  
TADSLIALNDKVKLALALASEKGVAVVVAAGNEGAFGMDYSKPLSTNPDYGTVNSPAISE  
DTLSVASYESLKTISEVVETITIEGKLVKLPVITSKPFDKGKAYDVVYANYGAKKILKVRT  
LKVRLLH.LSVVVDLIL.LKSLMLQMQVLLVSLFLTIKKNVEIF.FLTVNYLWGLLVK.MA

Table 44: Comparative Sequences relating to SAG0416 (strain info highlighted in BOLD)

SV.KILOVS.HLTRVLK.LIAKVAIVCWNQVGA.OLKEQSSLM.OLLALKFILOPIIIN  
TKQCLVQVWLHMLHLD..QCFKVIWLRNIG.I.ILKNC.NCLKTSS.AQQOHIYVKRIR  
RFTHHVSQVQV.LMLKKLSKINIMLLETMAKLIKLSNERBINLISQLQFINL.KVSKNCI  
IKLM.QQNK.IKVNLPINHKPC.I.LIGRK.FFVIKGGKFDLLMLVNLVRN.KNRWQWVI  
S.KVLYVLKKPRIVIRS..VFL.L.DLMVILRTYKHLKHPFIRRFKVVSTINQMIQLIKT  
NWSTMNQLLKATILPC.HNQLGAMLIMSKMVG.S.N.HRRVQKELF.ELLRIRLRIKQ  
FIWKMQRILIHLPFLQIKMEIGTKSLPRLS.EMLRIFLLKF.IKMEMLPKGVRFYHL  
IVKISIIQSKVMVIVWMLPSGVV.IRMAKL.QMVFIILAYVTHQ.QKEQIVRSQTLKF  
K.VLSHQIFLHLSMLKLIH.A.PCLRKVVMLHIVN.PYLM.L.KMKNMGRLLTIIS  
I.IKKVK.HFLKRLR.ERVRLR.TLRP.HLLWKIKLVILQ.NCLTS.IRQ.YORKKTL.  
.FLTVSNILIT.RKNCLFLKKEK..TRI.KK.H.LSLKLQLLHNLCKK.LNQEMRKS  
LLQTIIVAE.LRSYHLNITGILLTI

SEQ ID NO. 4419  
STRAIN JM9130013

EEQELKNQEQSPVIANVAQQPSPSVTTNIVEKTSVTAASANTAKEMGDTSVKNDKTEDE  
LLEELSKNLDTSNLGADLEEEYPSKPETTNNKESNVVTNASTAIAQKVPASAYEEVKPESK  
SSLAVLDTSKITKLQAITQRGKGNVVAI IDTGFDINHDI FRLDSPKDDKHSFKTKTEFEE  
LKAHNTITYGKWNNDKI VFAHNYANNTETVADIAAMKDGYGSEAKNISGTHVAGI FVG  
NSKRPAINGLLLEGAAPNAQVLLMRI PDKIDSDKFGEAYAKAITDAVNLGAKTINMSIGK  
TADSLIALNDKVKLALKLASEKGVAVVVAAGNEGAFGMDYSKPLSTNPDYGTVNSPAISE  
DTLSVASYESLKTISEVVETI EGKLVKLP IVTSKPFDKGKAYDVVYANYGAKKDFEGKD  
FKGKIALIERGGGLDFMTKI THATNAGVVG I VI FNDQEKRGNF LI PYRELPGV I I SKVDG  
ERIKNTSSQLTFNQSFEVVD SQGGNRMLEQSSWGVTAEGA IKPDVTASGFEI YSSTYNNQ  
YQTMSTGSMASPHVAGLMTMLQSHLAEKYKGMNLD SKKLEL SKN ILMSSATALYSEEDK  
AFYSRQQGAGVVD AEKAI QAYYY ITGNDGKAKI NLKRMGDKFD ITVTI HKLVBGVKELY  
YQANVATBQVNGKGFALKPQALLDTNWQV ILRDKETQVRFT IDASQFSQKLKEQMANGY  
FLEGFVRFKAKDSNQELMSI PFVGFNGDFANLQALETP IYKTL SKGSFYKPNDTTHKD  
QLEYNESAPFESNNYTALLTQSASWGYVDYVKNNGELELAPESPRI ILGT FENKVEDKT  
IHLERDAANNPYFAISPKNKGNRDEITPQATFLRNVD I SAQVLDONGNVIWQSKVLPS  
YRKNFHNPKQSDGHYRMDALQWSGLDKDGKVVDGFTYRLRYTPVAEGANSQESDFKV  
QVSTKSPNLPSRAQFDETNRTLSLAMPKESYVPTYRLQLVLSHVVKDEEYGDTSYHYF  
HIDQEGKVTLPKTVKIGESEVAVDPKALT LVVEDKAGNFATVKLSDLLNKAVVSEKENAI  
VISNSFKYFDNLKKEBFI SKGKVVNKNLEB I LVKPTT VTTQSLSKBITKSGNEKVL  
TSTNNSSSRVAKI I SPKHNGDSVNHT

SEQ ID NO. 4420  
STRAIN 090

EEQELKNQEQSPVIANVAQQPSPSVTTNIVEKTSVTAASANTAKEMGDTSVKNDKTEDE  
LLEELSKNLDTSNLGADLEEEYPSKPETTNNKESNVVTNASTAIAQKVPASAYEEVKPESK  
SSLAVFDTSKITKLQAITQRGKGNVVAI IDTGFDINHDI FRLDSPKDDKHSFKTKAEFEE  
LKAHNTITYGKWNNDKI VFAHNYANNTETVADIAAMKDGYGSEAKNISGTHVAGI FVG  
NSKRPAINGLLLEGAAPNAQVLLMRI PDKIDSDKFGEAYAKAITDAVNLGAKTINMSIGK  
TADSLIALNDKVKLALKLASEKGVAVVVAAGNEGAFGMDYSKPLSTNPDYGTVNSPAISE  
DTLSVASYESLKTISEVVETI EGKLVKLP IVTSKPFDKGKAYDVVYANYGAKKDFEGKD  
FKGKIALIERGGGLDFMTKI THATNAGVVG I VI FNDQEKRGNF LI PYRELPGV I I SKVDG  
ERIKNTSSQLTFNQSFEVVD SQGGNRMLEQSSWGVTAEGA IKPDVTASGFEI YSSTYNNQ  
YQTMSTGSMASPHVAGLMTMLQSHLAEKYKGMNLD SKKLEL SKN ILMSSATALYSEEDK  
AFYSRQQGAGVVD AEKAI QAYYY ITGNDGKAKI NLKRVGDKFD ITVTI HKLVBGVKELY  
YQANVATBQVNGKGFALKPQALLDTNWQV ILRDKETQVRFT IDASQFSQKLKEQMANGY  
FLEGFVRFKAKDSNQELMSI PFVGFNGDFANLQALETP IYKTL SKGSFYKPNDTTHKD  
QLEYNESAPFESNNYTALLTQSASWGYVDYVKNNGELELAPESPRI ILGT FENKVEDKT  
IHLERDAANNPYFAISPKNKGNRDEITPQATFLRNVD I SAQVLDONGNVIWQSKVLPS  
YRKNFHNPKQSDGHYRMDALQWSGLDKDGKVVDGFTYRLRYTPVAEGANSQESDFKV  
QVSTKSPNLPLAQFDETNRTLSLAMPKESYVPTYRLQLVLSHVVKDEEYGDTSYHYF  
HIDQEGKVTLPKTVKIGESEVAVDPKALT LVVEDKAGNFATVKLSDLLNKAVVSEKENAI  
VISNSFKYFDNLKKEBFI SKGKVVNKNLEB I LVKPTT VTTQSLSKBITKSGNEKVL  
TSTNNSSSRVAKI I SPKHNGDSVNHT

SEQ ID NO. 4421  
STRAIN CJB110

EEQELKNQEQSPVIANVAQQPSPSVTTNIVEKTSVTAASANTAKEMGDTSVKNDKTEDE  
LLEELSKNLDTSNLGADLEEEYPSKPETTNNKESNVVTNASTAIAQKVPASAYEEVKPESK  
SSLAVFDTSKITKLQAITQRGKGNVVAI IDTGFDINHDI FRLDSPKDDKHSFKTKAEFEE  
LKAHNTITYGKWNNDKI VFAHNYANNTETVADIAAMKDGYGSEAKNISGTHVAGI FVG  
NSKRPAINGLLLEGAAPNAQVLLMRI PDKIDSDKFGEAYAKAITDAVNLGAKTINMSIGK  
TADSLIALNDKVKLALKLASEKGVAVVVAAGNEGAFGMDYSKPLSTNPDYGTVNSPAISE  
DTLSVASYESLKTISEVVETI EGKLVKLP IVTSKPFDKGKAYDVVYANYGAKKDFEGKD  
FKGKIALIERGGGLDFMTKI THATNAGVVG I VI FNDQEKRGNF LI PYRELPGV I I SKVDG  
ERIKNTSSQLTFNQSFEVVD SQGGNRMLEQSSWGVTAEGA IKPDVTASGFEI YSSTYNNQ  
YQTMSTGSMASPHVAGLMTMLQSHLAEKYKGMNLD SKKLEL SKN ILMSSATALYSEEDK  
AFYSRQQGAGVVD AEKAI QAYYY ITGNDGKAKI NLKRVGDKFD ITVTI HKLVBGVKELY  
YQANVATBQVNGKGFALKPQALLDTNWQV ILRDKETQVRFT IDASQFSQKLKEQMANGY  
FLEGFVRFKAKDSNQELMSI PFVGFNGDFANLQALETP IYKTL SKGSFYKPNDTTHKD  
QLEYNESAPFESNNYTALLTQSASWGYVDYVKNNGELELAPESPRI ILGT FENKVEDKT  
IHLERDAANNPYFAISPKNKGNRDEITPQATFLRNVD I SAQVLDONGNVIWQSKVLPS  
YRKNFHNPKQSDGHYRMDALQWSGLDKDGKVVDGFTYRLRYTPVAEGANSQESDFKV  
QVSTKSPNLPLAQFDETNRTLSLAMPKESYVPTYRLQLVLSHVVKDEEYGDTSYHYF  
HIDQEGKVTLPKTVKIGESEVAVDPKALT LVVEDKAGNFATVKLSDLLNKAVVSEKENAI  
VISNSFKYFDNLKKEBFI SKGKVVNKNLEB I LVKPTT VTTQSLSKBITKSGNEKVL  
TSTNNSSSRVAKI I SPKHNGDSVNHT

SEQ ID NO. 4422

Table 44: Comparative Sequences relating to SAG0416 (strain info highlighted in BOLD)

## STRAIN 1169NT

EEQELKNQEQSPVIANVAQOPSPSVTTNI VEKTSVTAASANTAKEMGDTSVKNDKTEDE  
 LLEELSKNLDTSNMGADLEEBEYPSKPETTNNKESNVVTNASTAIAQKVPSAYEEVKPKSK  
 SSLAVLDTSKITKLQAITQRGKGNVVAIIDTGF DINHDI FRLDSPKDDKHSPKNAEFEE  
 LKAKHNITYGKWNVDKI VFAHNYANNVTETVADIAAAMKDDGYGSEAKNISHGTHVAGIFVG  
 NSKRPAINGLLLEGAAPNAQVLLMRI PDKIDSDKFGAYAKAITDAVNLGAKTINMSIGK  
 TADSLIALNDKVKLALCLASEKGVAVVVAAGNEGAFGMDYSKPLSTNPDTYGTVNSPAISE  
 DTLVASYBESLKITISEVVETITIEGKLVKLPVITSKPPDKGAYDVVYANYGAKDQFEGKD  
 FKQKIALIERGGGLDFMTKITATNAGVVGIVIPNDQEKRGNFILPYRELPGVVISKVDG  
 ERIKNTSSQLTFNQRFVVDSDQGNRMLEQSSWGVTAEGAIPKPDVTASGFEIYSSYNNQ  
 YQTMSTGSMASPHVAGLMTMLQSHLAEKYKGMNLDSEKLELSEKILMSSATALYSEDK  
 AFYSPRQOGAGVVDAAKAIQAQYVVTGNDGKAKINLKRVDKFDITVTIHKLVSGVKELY  
 YQANVATEQVNGKGFALKPQALLDTNWQKVI LRDKETQVRFTIDASQFSQKLKEQMANGY  
 FLBGVRFKAEKDSNQBLMSIPFVGPNQDFASLQALETPIYKTLSEKSPFYKPNDTTHKD  
 QLEYNESAPFESNNYITALLTQSASWGVVDYVKNNGEELAPESPRIILGTFENKVEDKT  
 IHLERDAANNPFYPAISPNDGDRDEITPQATFLRNVDKISAQVLDQNGNVIWQSKVLPS  
 YRKNFHNPNKQSDGHYRMDALQWGLDKGKVADGFYTYRLRYTPVABEGANSQESDPKV  
 QVSTKSPNLPSPRAQFDEITNRLSLAMPKGSYVPIYRLQLVLSHVVKDEEYGEDETSYYYP  
 HIDQEGKATLEKTVKIGESEVAVDPKALTLVVEDKAGNFATVKLSDLLNKAVVSEKENAI  
 VISNSPKYFDNLKKEPMFISKKEKVVNKNLEBII LKPHHTTTVTQSLSEITKSGNEKVL  
 TSTNNNSRVAKIISPKNHGDVSNHT

PRETTY of: /biotmp/msa209368.2{\*} February 10, 2003 02:09 ..

	1		50
msa209368.2{147_COH1}	-----	-----	EEQELKNQEQ SPVIANVAQQ
msa209368.2{147_M732}	-----	-----	EEQELKNQEQ SPVIANVAQQ
msa209368.2{147_M781}	-----	-----	EEQELKNQEQ SPVIANVAQQ
msa209368.2{147_18RS21}	-----	-----	EEQELKNQEQ SPVIANVAQQ
msa209368.2{147_2603}	vdkhshkai	lkltlittsi	llmhsngvna
msa209368.2{147_JM9130013}	-----	-----	EEQELKNQEQ SPVIANVAQQ
msa209368.2{147_090}	-----	-----	EEQELKNQEQ SPVIANVAQQ
msa209368.2{147_CJB110}	-----	-----	EEQELKNQEQ SPVIANVAQQ
msa209368.2{147_1169NT}	-----	-----	EEQELKNQEQ SPVIANVAQQ
msa209368.2{147_H36B}	-----	-----	EEQELKNQEQ SPVIANVAQQ
msa209368.2{147_A909}	-----	-----	EEQELKNQEQ SPVIANVAQQ
Consensus	*****	*****	*****
	51		100
msa209368.2{147_COH1}	PSPSVTTNiv	EKTSVTAASA	SNTvKEMGDT SVKNDKTEDE LLEELSKNLD
msa209368.2{147_M732}	PSPSVTTNiv	EKTSVTAASA	SNTvKEMGDT SVKNDKTEDE LLEELSKNLD
msa209368.2{147_M781}	PSPSVTTNiv	EKTSVTAASA	SNTvKEMGDT SVKNDKTEDE LLEELSKNLD
msa209368.2{147_18RS21}	PSPSVTTNiv	EKTSVTAASA	SNTaKEMGDT SVKNDKTEDE LLEELSKNLD
msa209368.2{147_2603}	PSPSVTTNiv	EKTSVTAASA	SNTaKEMGDT SVKNDKTEDE LLEELSKNLD
msa209368.2{147_JM9130013}	PSPSVTTNiv	EKTSVTAASA	SNTaKEMGDT SVKNDKTEDE LLEELSKNLD
msa209368.2{147_090}	PSPSVTTNiv	EKTSVTAASA	SNTvKEMGDT SVKNDKTEDE LLEELSKNLD
msa209368.2{147_CJB110}	PSPSVTTNiv	EKTSVTAASA	SNTaKEMGDT SVKNDKTEDE LLEELSKNLD
msa209368.2{147_1169NT}	PSPSVTTNiv	EKTSVTAASA	SNTaKEMGDT SVKNDKTEDE LLEELSKNLD
msa209368.2{147_H36B}	PSPSVTTNiv	EKTSVTAASA	SNTaKEMGDT SVKNDKTEDE LLEELSKNLD
msa209368.2{147_A909}	PSPSVTTNiv	EKTSVTAASA	SNTaKEMGDT SVKNDKTEDE LLEELSKNLD
Consensus	*****	*****	*****
	101		150
msa209368.2{147_COH1}	TSNIGADLEE	EYPSKPETT	NKESNVVTNA STAIAQKVPS AYEEVKseSK
msa209368.2{147_M732}	TSNIGADLEE	EYPSKPETT	NKESNVVTNA STAIAQKVPS AYEEVKseSK
msa209368.2{147_M781}	TSNIGADLEE	EYPSKPETT	NKESNVVTNA STAIAQKVPS AYEEVKseSK
msa209368.2{147_18RS21}	TSNIGADLEE	EYPSKPETT	NKESNVVTNA STAIAQKVPS AYEEVKpeSK
msa209368.2{147_2603}	TSNIGADLEE	EYPSKPETT	NKESNVVTNA STAIAQKVPS AYEEVKpeSK
msa209368.2{147_JM9130013}	TSNIGADLEE	EYPSKPETT	NKESNVVTNA STAIAQKVPS AYEEVKpeSK
msa209368.2{147_090}	TSNIGADLEE	EYPSKPETT	NKESNVVTNA STAIAQKVPS AYEEVKpeSK
msa209368.2{147_CJB110}	TSNIGADLEE	EYPSKPETT	NKESNVVTNA STAIAQKVPS AYEEVKpeSK
msa209368.2{147_1169NT}	TSNMGADLEE	EYPSKPETT	NKESNVVTNA STAIAQKVPS AYEEVKpkSK
msa209368.2{147_H36B}	TSNIGADLEE	EYPSKPETT	NKESNVVTNA STAIAQKVPS AYEEVKpeSK
msa209368.2{147_A909}	TSNIGADLEE	EYPSKPETT	NKESNVVTNA STAIAQKVPS AYEEVKpeSK
Consensus	*****	*****	*****
	151		200
msa209368.2{147_COH1}	SSLAVLDTSK	ITKLQATQR	GKGNVVAIID TGF DINHDI FRLDSPKDDKH
msa209368.2{147_M732}	SSLAVLDTSK	ITKLQATQR	GKGNVVAIID TGF DINHDI FRLDSPKDDKH
msa209368.2{147_M781}	SSLAVLDTSK	ITKLQATQR	GKGNVVAIID TGF DINHDI FRLDSPKDDKH
msa209368.2{147_18RS21}	SSLAVLDTSK	ITKLQAITQR	GKGNVVAIID TGF DINHDI FRLDSPKDDKH
msa209368.2{147_2603}	SSLAVLDTSK	ITKLQAITQR	GKGNVVAIID TGF DINHDI FRLDSPKDDKH
msa209368.2{147_JM9130013}	SSLAVLDTSK	ITKLQAITQR	GKGNVVAIID TGF DINHDI FRLDSPKDDKH
msa209368.2{147_090}	SSLAVLDTSK	ITKLQAITQR	GKGNVVAIID TGF DINHDI FRLDSPKDDKH
msa209368.2{147_CJB110}	SSLAVLDTSK	ITKLQAITQR	GKGNVVAIID TGF DINHDI FRLDSPKDDKH
msa209368.2{147_1169NT}	SSLAVLDTSK	ITKLQAITQR	GKGNVVAIID TGF DINHDI FRLDSPKDDKH
msa209368.2{147_H36B}	SSLAVLDTSK	ITKLQAITQR	GKGNVVAIID TGF DINHDI FRLDSPKDDKH
msa209368.2{147_A909}	SSLAVLDTSK	ITKLQAITQR	GKGNVVAIID TGF DINHDI FRLDSPKDDKH
Consensus	*****	*****	*****
	201		250
msa209368.2{147_COH1}	SFKtKaEFEE	LKAKHNITYG	KWNVDKIVFA HNYANNVTETV ADIAAAMKDD

Table 44: Comparative Sequences relating to SAG0416 (strain info highlighted in BOLD)

msa209368.2{147_M732}	SFKtKaEFEE	LKAKHNITYG	KWVNDKIVFA	HNANNTETV	ADIAAAMKDG
msa209368.2{147_M781}	SFKtKaEFEE	LKAKHNITYG	KWVNDKIVFA	HNANNTETV	ADIAAAMKDG
msa209368.2{147_18RS21}	SFKtKaEFEE	LKAKHNITYG	KWVNDKIVFA	HNANNTETV	ADIAAAMKDG
msa209368.2{147_2603}	SFKtKaEFEE	LKAKHNITYG	KWVNDKIVFA	HNANNTETV	ADIAAAMKDG
msa209368.2{147_JM9130013}	SFKtKaEFEE	LKAKHNITYG	KWVNDKIVFA	HNANNTETV	ADIAAAMKDG
msa209368.2{147_090}	SFKtKaEFEE	LKAKHNITYG	KWVNDKIVFA	HNANNTETV	ADIAAAMKDG
msa209368.2{147_CJB110}	SFKtKaEFEE	LKAKHNITYG	KWVNDKIVFA	HNANNTETV	ADIAAAMKDG
msa209368.2{147_1169NT}	SFKtKaEFEE	LKAKHNITYG	KWVNDKIVFA	HNANNTETV	ADIAAAMKDG
msa209368.2{147_H36B}	SFKtKaEFEE	LKAKHNITYG	KWVNDKIVFA	HNANNTETV	ADIAAAMKDG
msa209368.2{147_A909}	SFKtKaEFEE	LKAKHNITYG	KWVNDKIVFA	HNANNTETV	ADIAAAMKDG
Consensus	***-*.****	*****	*****	*****	*****
msa209368.2{147_COH1}	YGSEAKNIH	GTHVAGIFVG	NSKRPAINGL	LLEGAAPNAQ	VLLMRIPDKI
msa209368.2{147_M732}	YGSEAKNIH	GTHVAGIFVG	NSKRPAINGL	LLEGAAPNAQ	VLLMRIPDKI
msa209368.2{147_M781}	YGSEAKNIH	GTHVAGIFVG	NSKRPAINGL	LLEGAAPNAQ	VLLMRIPDKI
msa209368.2{147_18RS21}	YGSEAKNIH	GTHVAGIFVG	NSKRPAINGL	LLEGAAPNAQ	VLLMRIPDKI
msa209368.2{147_2603}	YGSEAKNIH	GTHVAGIFVG	NSKRPAINGL	LLEGAAPNAQ	VLLMRIPDKI
msa209368.2{147_JM9130013}	YGSEAKNIH	GTHVAGIFVG	NSKRPAINGL	LLEGAAPNAQ	VLLMRIPDKI
msa209368.2{147_090}	YGSEAKNIH	GTHVAGIFVG	NSKRPAINGL	LLEGAAPNAQ	VLLMRIPDKI
msa209368.2{147_CJB110}	YGSEAKNIH	GTHVAGIFVG	NSKRPAINGL	LLEGAAPNAQ	VLLMRIPDKI
msa209368.2{147_1169NT}	YGSEAKNIH	GTHVAGIFVG	NSKRPAINGL	LLEGAAPNAQ	VLLMRIPDKI
msa209368.2{147_H36B}	YGSEAKNIH	GTHVAGIFVG	NSKRPAINGL	LLEGAAPNAQ	VLLMRIPDKI
msa209368.2{147_A909}	YGSEAKNIH	GTHVAGIFVG	NSKRPAINGL	LLEGAAPNAQ	VLLMRIPDKI
Consensus	*****-*	*****	*****	*****	*****
msa209368.2{147_COH1}	DSDKFGEAYA	KAIIDAVNLG	AKTINMSIGK	TADSLIALND	KVKLALKLAS
msa209368.2{147_M732}	DSDKFGEAYA	KAIIDAVNLG	AKTINMSIGK	TADSLIALND	KVKLALKLAS
msa209368.2{147_M781}	DSDKFGEAYA	KAIIDAVNLG	AKTINMSIGK	TADSLIALND	KVKLALKLAS
msa209368.2{147_18RS21}	DSDKFGEAYA	KAIIDAVNLG	AKTINMSIGK	TADSLIALND	KVKLALKLAS
msa209368.2{147_2603}	DSDKFGEAYA	KAIIDAVNLG	AKTINMSIGK	TADSLIALND	KVKLALKLAS
msa209368.2{147_JM9130013}	DSDKFGEAYA	KAIIDAVNLG	AKTINMSIGK	TADSLIALND	KVKLALKLAS
msa209368.2{147_090}	DSDKFGEAYA	KAIIDAVNLG	AKTINMSIGK	TADSLIALND	KVKLALKLAS
msa209368.2{147_CJB110}	DSDKFGEAYA	KAIIDAVNLG	AKTINMSIGK	TADSLIALND	KVKLALKLAS
msa209368.2{147_1169NT}	DSDKFGEAYA	KAIIDAVNLG	AKTINMSIGK	TADSLIALND	KVKLALKLAS
msa209368.2{147_H36B}	DSDKFGEAYA	KAIIDAVNLG	AKTINMSIGK	TADSLIALND	KVKLALKLAS
msa209368.2{147_A909}	DSDKFGEAYA	KAIIDAVNLG	AKTINMSIGK	TADSLIALND	KVKLALKLAS
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa209368.2{147_COH1}	EKGAVVVVAA	GNEGAFGMDY	SKPLSTNPDY	GTVNSPAISE	DTLSVASYES
msa209368.2{147_M732}	EKGAVVVVAA	GNEGAFGMDY	SKPLSTNPDY	GTVNSPAISE	DTLSVASYES
msa209368.2{147_M781}	EKGAVVVVAA	GNEGAFGMDY	SKPLSTNPDY	GTVNSPAISE	DTLSVASYES
msa209368.2{147_18RS21}	EKGAVVVVAA	GNEGAFGMDY	SKPLSTNPDY	GTVNSPAISE	DTLSVASYES
msa209368.2{147_2603}	EKGAVVVVAA	GNEGAFGMDY	SKPLSTNPDY	GTVNSPAISE	DTLSVASYES
msa209368.2{147_JM9130013}	EKGAVVVVAA	GNEGAFGMDY	SKPLSTNPDY	GTVNSPAISE	DTLSVASYES
msa209368.2{147_090}	EKGAVVVVAA	GNEGAFGMDY	SKPLSTNPDY	GTVNSPAISE	DTLSVASYES
msa209368.2{147_CJB110}	EKGAVVVVAA	GNEGAFGMDY	SKPLSTNPDY	GTVNSPAISE	DTLSVASYES
msa209368.2{147_1169NT}	EKGAVVVVAA	GNEGAFGMDY	SKPLSTNPDY	GTVNSPAISE	DTLSVASYES
msa209368.2{147_H36B}	EKGAVVVVAA	GNEGAFGMDY	SKPLSTNPDY	GTVNSPAISE	DTLSVASYES
msa209368.2{147_A909}	EKGAVVVVAA	GNEGAFGMDY	SKPLSTNPDY	GTVNSPAISE	DTLSVASYES
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa209368.2{147_COH1}	LKTISEVVET	TIEGKLVKLP	IVTSKPFDDG	KAYDVVYANY	GAKKIlkvrt
msa209368.2{147_M732}	LKTISEVVET	TIEGKLVKLP	IVTSKPFDDG	KAYDVVYANY	GAKKIlkvrt
msa209368.2{147_M781}	LKTISEVVET	TIEGKLVKLP	IVTSKPFDDG	KAYDVVYANY	GAKKIlkvrt
msa209368.2{147_18RS21}	LKTISEVVET	TIEGKLVKLP	IVTSKPFDDG	KAYDVVYANY	GAKKdfegkd
msa209368.2{147_2603}	LKTISEVVET	TIEGKLVKLP	IVTSKPFDDG	KAYDVVYANY	GAKKdfegkd
msa209368.2{147_JM9130013}	LKTISEVVET	TIEGKLVKLP	IVTSKPFDDG	KAYDVVYANY	GAKKdfegkd
msa209368.2{147_090}	LKTISEVVET	TIEGKLVKLP	IVTSKPFDDG	KAYDVVYANY	GAKKdfegkd
msa209368.2{147_CJB110}	LKTISEVVET	TIEGKLVKLP	IVTSKPFDDG	KAYDVVYANY	GAKKdfegkd
msa209368.2{147_1169NT}	LKTISEVVET	TIEGKLVKLP	IVTSKPFDDG	KAYDVVYANY	GAKKdfegkd
msa209368.2{147_H36B}	LKTISEVVET	TIEGKLVKLP	IVTSKPFDDG	KAYDVVYANY	GAKKdfegkd
msa209368.2{147_A909}	LKTISEVVET	TIEGKLVKLP	IVTSKPFDDG	KAYDVVYANY	GAKKrl.r.g
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa209368.2{147_COH1}	lkvrlh.lsv	vvdlll.lks	lmlqmqvllv	sifltikknv	eiF.fltvny
msa209368.2{147_M732}	lkvrlh.lsv	vvdlll.lks	lmlqmqvllv	sifltikknv	eiF.fltvny
msa209368.2{147_M781}	lkvrlh.lsv	vvdlll.lks	lmlqmqvllv	sifltikknv	eiF.fltvny
msa209368.2{147_18RS21}	fkqkialier	gggldfmtki	thatnagvvg	ivifndqekr	gnFlipyrel
msa209368.2{147_2603}	fkqkialier	gggldfmtki	thatnagvvg	ivifndqekr	gnFlipyrel
msa209368.2{147_JM9130013}	fkqkialier	gggldfmtki	thatnagvvg	ivifndqekr	gnFlipyrel
msa209368.2{147_090}	fkqkialier	gggldfmtki	thatnagvvg	ivifndqekr	gnFlipyrel
msa209368.2{147_CJB110}	fkqkialier	gggldfmtki	thatnagvvg	ivifndqekr	gnFlipyrel
msa209368.2{147_1169NT}	fkqkialier	gggldfmtki	thatnagvvg	ivifndqekr	gnFlipyrel
msa209368.2{147_H36B}	fkqkialier	gggldfmtki	thatnagvvg	ivifndqekr	gnFlipyrel
msa209368.2{147_A909}	l.r.dcin.a	wwwt.fyd.n	hscykrcrcw	yryf.rsrkt	wkFenslp.i
Consensus	-----	-----	-----	-----	-----

501

550

Table 44: Comparative Sequences relating to SAG0416 (strain info highlighted in BOLD)

msa209368.2{147_COH1}	1wGllvk.ma	sv.Kilqvs.	hltrvlk.li	akvaivcwmn	qvga.qlkeq
msa209368.2{147_M732}	1wGllvk.ma	sv.Kilqvs.	hltrvlk.li	akvaivcwmn	qvga.qlkeq
msa209368.2{147_M781}	1wGllvk.ma	sv.Kilqvs.	hltrvlk.li	akvaivcwmn	qvga.qlkeq
msa209368.2{147_18RS21}	pvGiiskvdg	eriKntssql	tfngsfvvd	sgggnmrlaq	sswgvtagea
msa209368.2{147_2603}	pvGiiskvdg	eriKntssql	tfngsfvvd	sgggnmrlaq	sswgvtagea
msa209368.2{147_JM9130013}	pvGiiskvdg	eriKntssql	tfngsfvvd	sgggnmrlaq	sswgvtagea
msa209368.2{147_090}	pvGviskvdg	eriKntssql	tfngsfvvd	sgggnmrlaq	sswgvtagea
msa209368.2{147_CJB110}	pvGviskvdg	eriKntssql	tfngsfvvd	sgggnmrlaq	sswgvtagea
msa209368.2{147_1169NT}	pvGviskvdg	eriKntssql	tfngsfvvd	sgggnmrlaq	sswgvtagea
msa209368.2{147_H36B}	pvGviskvdg	eriKntssql	tfngsfvvd	sgggnmrlaq	sswgvtagea
msa209368.2{147_A909}	tcGgy..srw	rayKcyfksv	ni.pef.ss.	.prwqsyagt	iklgrds.rs
Consensus	-----	-----	-----	-----	-----
msa209368.2{147_COH1}	sslm.qllal	kfilqpiin	tkqclvqwl	hhmlqd..qc	fkviwlrnk
msa209368.2{147_M732}	sslm.qllal	kfilqpiin	tkqclvqwl	hhmlqd..qc	fkviwlrnk
msa209368.2{147_M781}	sslm.qllal	kfilqpiin	tkqclvqwl	hhmlqd..qc	fkviwlrnk
msa209368.2{147_18RS21}	ikpdvtasgf	eiysstynnq	yqtmagtsma	sphvaglmtm	lqshlaekyk
msa209368.2{147_2603}	ikpdvtasgf	eiysstynnq	yqtmagtsma	sphvaglmtm	lqshlaekyk
msa209368.2{147_JM9130013}	ikpdvtasgf	eiysstynnq	yqtmagtsma	sphvaglmtm	lqshlaekyk
msa209368.2{147_090}	ikpdvtasgf	eiysstynnq	yqtmagtsma	sphvaglmtm	lqshlaekyk
msa209368.2{147_CJB110}	ikpdvtasgf	eiysstynnq	yqtmagtsma	sphvaglmtm	lqshlaekyk
msa209368.2{147_1169NT}	ikpdvtasgf	eiysstynnq	yqtmagtsma	sphvaglmtm	lqshlaekyk
msa209368.2{147_H36B}	ikpdvtasgf	eiysstynnq	yqtmagtsma	sphvaglmtm	lqshlaekyk
msa209368.2{147_A909}	nqa.cnsfwl	.nlffnl..s	ipnnvwykyg	ftcccrindn	asksfg.ei.
Consensus	-----	-----	-----	-----	-----
msa209368.2{147_COH1}	g.i.ilknk.	nclktss.ag	qghyivkrir	rflhhvskvg	v.lmlkKlsk
msa209368.2{147_M732}	g.i.ilknk.	nclktss.ag	qghyivkrir	rflhhvskvg	v.lmlkKlsk
msa209368.2{147_M781}	g.i.ilknk.	nclktss.ag	qghyivkrir	rflhhvskvg	v.lmlkKlsk
msa209368.2{147_18RS21}	gmnlidskkl	elsknilmss	atalyseedk	afysprqgga	gvvdaeKaiq
msa209368.2{147_2603}	gmnlidskkl	elsknilmss	atalyseedk	afysprqgga	gvvdaeKaiq
msa209368.2{147_JM9130013}	gmnlidskkl	elsknilmss	atalyseedk	afysprqgga	gvvdaeKaiq
msa209368.2{147_090}	gmnlidskkl	elsknilmss	atalyseedk	afysprqgga	gvvdaeKaiq
msa209368.2{147_CJB110}	gmnlidskkl	elsknilmss	atalyseedk	afysprqgga	gvvdaeKaiq
msa209368.2{147_1169NT}	gmnlidskkl	elsknilmss	atalyseedk	afysprqgga	gvvdaeKaiq
msa209368.2{147_H36B}	gmnlidskkl	elsknilmss	atalyseedk	afysprqgga	gvvdaeKaiq
msa209368.2{147_A909}	rdefrf.kia	riv.khphel	ansii..rg.	gvlfttsarc	rcs.c.Ksyp
Consensus	-----	-----	-----	-----	-----
msa209368.2{147_COH1}	lnimlletma	klklisnere	inlisqlqfi	nl.kvsknci	iklm.qgnk.
msa209368.2{147_M732}	lnimlletma	klklisnere	inlisqlqfi	nl.kvsknci	iklm.qgnk.
msa209368.2{147_M781}	lnimlletma	klklisnere	inlisqlqfi	nl.kvsknci	iklm.qgnk.
msa209368.2{147_18RS21}	aqyyitgndg	kakinlkrmg	dkfditvtih	klvegkvkely	yqanvateqv
msa209368.2{147_2603}	aqyyitgndg	kakinlkrmg	dkfditvtih	klvegkvkely	yqanvateqv
msa209368.2{147_JM9130013}	aqyyitgndg	kakinlkrmg	dkfditvtih	klvegkvkely	yqanvateqv
msa209368.2{147_090}	aqyyitgndg	kakinlkrmg	dkfditvtih	klvegkvkely	yqanvateqv
msa209368.2{147_CJB110}	aqyyitgndg	kakinlkrmg	dkfditvtih	klvegkvkely	yqanvateqv
msa209368.2{147_1169NT}	aqyyitgndg	kakinlkrmg	dkfditvtih	klvegkvkely	yqanvateqv
msa209368.2{147_H36B}	aqyyitgndg	kakinlkrmg	dkfditvtih	klvegkvkely	yqanvateqv
msa209368.2{147_A909}	ssilcywkrw	qs.n.sqtsg	r.i.yhsyns	.tcrrcgriv	lss.csnrts
Consensus	-----	-----	-----	-----	-----
msa209368.2{147_COH1}	ikvnplnhk	pc.iligrk.	ffvikkhkfd	lllmlvnlvr	n.Knrwqmvi
msa209368.2{147_M732}	ikvnplnhk	pc.iligrk.	ffvikkhkfd	lllmlvnlvr	n.Knrwqmvi
msa209368.2{147_M781}	ikvnplnhk	pc.iligrk.	ffvikkhkfd	lllmlvnlvr	n.Knrwqmvi
msa209368.2{147_18RS21}	nkgkfalkpp	alltdtnwqkv	ilrldketqvr	ftidasqfsq	k1Kegmangy
msa209368.2{147_2603}	nkgkfalkpp	alltdtnwqkv	ilrldketqvr	ftidasqfsq	k1Kegmangy
msa209368.2{147_JM9130013}	nkgkfalkpp	alltdtnwqkv	ilrldketqvr	ftidasqfsq	k1Kegmangy
msa209368.2{147_090}	nkgkfalkpp	alltdtnwqkv	ilrldketqvr	ftidasqfsq	k1Kegmangy
msa209368.2{147_CJB110}	nkgkfalkpp	alltdtnwqkv	ilrldketqvr	ftidasqfsq	k1Kegmangy
msa209368.2{147_1169NT}	nkgkfalkpp	alltdtnwqkv	ilrldketqvr	ftidasqfsq	k1Kegmangy
msa209368.2{147_H36B}	nkgkfalkpp	alltdtnwqkv	ilrldketqvr	ftidasqfsq	k1Kegmangy
msa209368.2{147_A909}	k.r.icp.tt	slary.laes	nss..rntss	iyf.f.si.s	eiKrtgdgwl
Consensus	-----	-----	-----	-----	-----
msa209368.2{147_COH1}	s.kvlyvlkk	privirs..v	fl1.dlmvil	rtykhkhkhrf	irrflkvvat
msa209368.2{147_M732}	s.kvlyvlkk	privirs..v	fl1.dlmvil	rtykhkhkhrf	irrflkvvat
msa209368.2{147_M781}	s.kvlyvlkk	privirs..v	fl1.dlmvil	rtykhkhkhrf	irrflkvvat
msa209368.2{147_18RS21}	flegfvrake	akdsngelms	ipfvfgngdf	anlqaletpi	yktlskgsfy
msa209368.2{147_2603}	flegfvrake	akdsngelms	ipfvfgngdf	anlqaletpi	yktlskgsfy
msa209368.2{147_JM9130013}	flegfvrake	akdsngelms	ipfvfgngdf	anlqaletpi	yktlskgsfy
msa209368.2{147_090}	flegfvrake	akdsngelms	ipfvfgngdf	anlqaletpi	yktlskgsfy
msa209368.2{147_CJB110}	flegfvrake	akdsngelms	ipfvfgngdf	anlqaletpi	yktlskgsfy
msa209368.2{147_1169NT}	flegfvrake	akdsngelms	ipfvfgngdf	anlqaletpi	yktlskgsfy
msa209368.2{147_H36B}	flegfvrake	akdsngelms	ipfvfgngdf	anlqaletpi	yktlskgsfy
msa209368.2{147_A909}	flrrfctf.r	sgg..sgvne	ysfcri.w.f	celtst.ntd	l.daf.r.fl
Consensus	-----	-----	-----	-----	-----

Table 44: Comparative Sequences relating to SAG0416 (strain info highlighted in BOLD)

msa209368.2{147_COH1}	801	ingmiqlikt	nwtmnglll	kattilpc.h	nqrlgamlim	skmvgs.n.h
	msa209368.2{147_M732}	ingmiqlikt	nwtmnglll	kattilpc.h	nqrlgamlim	skmvgs.n.h
	msa209368.2{147_M781}	ingmiqlikt	nwtmnglll	kattilpc.h	nqrlgamlim	skmvgs.n.h
	msa209368.2{147_18RS21}	ykpndtthkd	qleynesapf	esnnytalit	qsaswgyvdy	vknggelela
	msa209368.2{147_2603}	ykpndtthkd	qleynesapf	esnnytalit	qsaswgyvdy	vknggelela
	msa209368.2{147_JM9130013}	ykpndtthkd	qleynesapf	esnnytalit	qsaswgyvdy	vknggelela
	msa209368.2{147_090}	ykpndtthkd	qleynesapf	esnnytalit	qsaswgyvdy	vknggelela
	msa209368.2{147_CJB110}	ykpndtthkd	qleynesapf	esnnytalit	qsaswgyvdy	vknggelela
	msa209368.2{147_1169NT}	ykpndtthkd	qleynesapf	esnnytalit	qsaswgyvdy	vknggelela
	msa209368.2{147_H36B}	ykpndtthkd	qleynesapf	esnnytalit	qsaswgyvdy	vknggelela
	msa209368.2{147_A909}	l.tk.yns.r	pigvq.issf	.kqqlyclvn	tisvlgc.l	cqkwgvriss
	Consensus	-----	-----	-----	-----	-----
msa209368.2{147_COH1}	851	rrvqKelf.e	llrirlrikq	fifwkemqri	ihilpflqik	meigtkslpr
	msa209368.2{147_M732}	rrvqKelf.e	llrirlrikq	fifwkemqri	ihilpflqik	meigtkslpr
	msa209368.2{147_M781}	rrvqKelf.e	llrirlrikq	fifwkemqri	ihilpflqik	meigtkslpr
	msa209368.2{147_18RS21}	pespKriilg	tfenkvedkt	ihlllerdaan	npyfaispnk	dgnrdeitpq
	msa209368.2{147_2603}	pespKriilg	tfenkvedkt	ihlllerdaan	npyfaispnk	dgnrdeitpq
	msa209368.2{147_JM9130013}	pespKriilg	tfenkvedkt	ihlllerdaan	npyfaispnk	dgnrdeitpq
	msa209368.2{147_090}	pespKriilg	tfenkvedkt	ihlllerdaan	npyfaispnk	dgnrdeitpq
	msa209368.2{147_CJB110}	pespKriilg	tfenkvedkt	ihlllerdaan	npyfaispnk	dgnrdeitpq
	msa209368.2{147_1169NT}	pespKriilg	tfenkvedkt	ihlllerdaan	npyfaispnk	dgnrdeitpq
	msa209368.2{147_H36B}	pespKriilg	tfenkvedkt	ihlllerdaan	npyfaispnk	dgnrdeitpq
	msa209368.2{147_A909}	tgesKknyfr	nf.e.g.g.n	nasfgrkrcse	.sifchfak.	rwk.g.nhasp
	Consensus	-----	-----	-----	-----	-----
msa209368.2{147_COH1}	901	qls.emlrf	llkf.ikmem	lfgkvrfyhl	ivkisiiliqs	kvmviiivwml
	msa209368.2{147_M732}	qls.emlrf	llkf.ikmem	lfgkvrfyhl	ivkisiiliqs	kvmviiivwml
	msa209368.2{147_M781}	qls.emlrf	llkf.ikmem	lfgkvrfyhl	ivkisiiliqs	kvmviiivwml
	msa209368.2{147_18RS21}	atflrmvkdi	saqvlqdngn	viwqskvlps	yrknfhnnpk	qsdghyrmda
	msa209368.2{147_2603}	atflrmvkdi	saqvlqdngn	viwqskvlps	yrknfhnnpk	qsdghyrmda
	msa209368.2{147_JM9130013}	atflrmvkdi	saqvlqdngn	viwqskvlps	yrknfhnnpk	qsdghyrmda
	msa209368.2{147_090}	atflrmvkdi	saqvlqdngn	viwqskvlps	yrknfhnnpk	qsdghyrmda
	msa209368.2{147_CJB110}	atflrmvkdi	saqvlqdngn	viwqskvlps	yrknfhnnpk	qsdghyrmda
	msa209368.2{147_1169NT}	atflrmvkdi	saqvlqdngn	viwqskvlps	yrknfhnnpk	qsdghyrmda
	msa209368.2{147_H36B}	atflrmvkdi	saqvlqdngn	viwqskvlps	yrknfhnnpk	qsdghyrmda
	msa209368.2{147_A909}	gnfkkc.gy	fcassrskwk	cylak.gfti	ls.kfp..sk	ak.wslsygc
	Consensus	-----	-----	-----	-----	-----
msa209368.2{147_COH1}	951	fsgvv.irma	kl.qmvFili	ayvthq.qke	qivrsqtlkf	k.vlshqifl
	msa209368.2{147_M732}	fsgvv.irma	kl.qmvFili	ayvthq.qke	qivrsqtlkf	k.vlshqifl
	msa209368.2{147_M781}	fsgvv.irma	kl.qmvFili	ayvthq.qke	qivrsqtlkf	k.vlshqifl
	msa209368.2{147_18RS21}	lqwsagldkdg	kvvadgFyty	rlrytpvaeg	ansqesdfkv	qvstksnlp
	msa209368.2{147_2603}	lqwsagldkdg	kvvadgFyty	rlrytpvaeg	ansqesdfkv	qvstksnlp
	msa209368.2{147_JM9130013}	lqwsagldkdg	kvvadgFyty	rlrytpvaeg	ansqesdfkv	qvstksnlp
	msa209368.2{147_090}	lqwsagldkdg	kvvadgFyty	rlrytpvaeg	ansqesdfkv	qvstksnlp
	msa209368.2{147_CJB110}	lqwsagldkdg	kvvadgFyty	rlrytpvaeg	ansqesdfkv	qvstksnlp
	msa209368.2{147_1169NT}	lqwsagldkdg	kvvadgFyty	rlrytpvaeg	ansqesdfkv	qvstksnlp
	msa209368.2{147_H36B}	lqwsagldkdg	kvvadgFyty	rlrytpvaeg	ansqesdfkv	qvstksnlp
	msa209368.2{147_A909}	psvewfr.gw	qscsrwFlyl	stlhtssrr	sk.sgvr1.s	asky.vtkss
	Consensus	-----	-----	-----	-----	-----
msa209368.2{147_COH1}	1001	helslmklie	h.a.pclrk	vmflhivyn.	fylml.Kmkn	mgmrlltiis
	msa209368.2{147_M732}	helslmklie	h.a.pclrk	vmflhivyn.	fylml.Kmkn	mgmrlltiis
	msa209368.2{147_M781}	helslmklie	h.a.pclrk	vmflhivyn.	fylml.Kmkn	mgmrlltiis
	msa209368.2{147_18RS21}	sraqfdetnr	tlslampkes	syvptyrlql	vlshvvKdee	ygdetasyhyf
	msa209368.2{147_2603}	sraqfdetnr	tlslampkes	syvptyrlql	vlshvvKdee	ygdetasyhyf
	msa209368.2{147_JM9130013}	sraqfdetnr	tlslampkes	syvptyrlql	vlshvvKdee	ygdetasyhyf
	msa209368.2{147_090}	sraqfdetnr	tlslampkes	syvptyrlql	vlshvvKdee	ygdetasyhyf
	msa209368.2{147_CJB110}	sraqfdetnr	tlslampkes	syvptyrlql	vlshvvKdee	ygdetasyhyf
	msa209368.2{147_1169NT}	sraqfdetnr	tlslampkes	syvptyrlql	vlshvvKdee	ygdetasyhyf
	msa209368.2{147_H36B}	sraqfdetnr	tlslampkes	syvptyrlql	vlshvvKdee	ygdetasyhyf
	msa209368.2{147_A909}	ftsav..n.s	niklsha.gk	.lcsylssti	sfisccKr.r	iwr.dflplf
	Consensus	-----	-----	-----	-----	-----
msa209368.2{147_COH1}	1051	i.ikkvk.hf	lklrlr.ervr	lr.tlrlp.h1	lwkiklvilq	r.nc1ts.ir
	msa209368.2{147_M732}	i.ikkvk.hf	lklrlr.ervr	lr.tlrlp.h1	lwkiklvilq	r.nc1ts.ir
	msa209368.2{147_M781}	i.ikkvk.hf	lklrlr.ervr	lr.tlrlp.h1	lwkiklvilq	r.nc1ts.ir
	msa209368.2{147_18RS21}	hidqegkvtl	pktvkigese	vavdpkalt1	vvedkagnfa	tvkladllnk
	msa209368.2{147_2603}	hidqegkvtl	pktvkigese	vavdpkalt1	vvedkagnfa	tvkladllnk
	msa209368.2{147_JM9130013}	hidqegkvtl	pktvkigese	vavdpkalt1	vvedkagnfa	tvkladllnk
	msa209368.2{147_090}	hidqegkvtl	pktvkigese	vavdpkalt1	vvedkagnfa	tvkladllnk
	msa209368.2{147_CJB110}	hidqegkvtl	pktvkigese	vavdpkalt1	vvedkagnfa	tvkladllnk
	msa209368.2{147_1169NT}	hidqegkvtl	pktvkigese	vavdpkalt1	vvedkagnfa	tvkladllnk
	msa209368.2{147_H36B}	hidqegkvtl	pktvkigese	vavdpkalt1	vvedkagnfa	tvkladllnk
	msa209368.2{147_A909}	pyrrrr.adt	s.ns.drre.	gcarp.dldt	ccgr.sw.fr	ngkiv.ple.
	Consensus	-----	-----	-----	-----	-----

Table 44: Comparative Sequences relating to SAG0416 (strain info highlighted in BOLD)

	1101		1150
msa209368.2{147_COH1}	q.yqrkktl.	.fltvsnili t.rKnlclfl	kkeK..tri. kk.h.lslkl
msa209368.2{147_M732}	q.yqrkktl.	.fltvsnili t.rKnlclfl	kkeK..tri. kk.h.lslkl
msa209368.2{147_M781}	q.yqrkktl.	.fltvsnili t.rKnlclfl	kkeK..tri. kk.h.lslkl
msa209368.2{147_18RS21}	avvsekenai	visnsfkyfd nlkKepmfis	kkeKvvknkl eeilvlpqt
msa209368.2{147_2603}	avvsekenai	visnsfkyfd nlkKepmfis	kkeKvvknkl eeilvlpqt
msa209368.2{147_JM9130013}	avvsekenai	visnsfkyfd nlkKepmfis	kkeKvvknkl eeilvlpqt
msa209368.2{147_090}	avvsekenai	visnsfkyfd nlkKesmfis	kegKvvknkl eeitlvkpqt
msa209368.2{147_CJB110}	avvsekenai	visnsfkyfd nlkKesmfis	kegKvvknkl eeitlvkpqt
msa209368.2{147_1169NT}	avvsekenai	visnsfkyfd nlkKepmfis	kkeKvvknkl eeilvlpqt
msa209368.2{147_H36B}	avvsekenai	visnsfkyfd nlkKepmfis	kegKvvknkl eeialvlpqt
msa209368.2{147_A909}	gsirerkry	snf.qfqif. .leKrtvyf	.rrKskqes rrnsis.aan
Consensus	-----	-----	-----
	1151		1200
msa209368.2{147_COH1}	qlllnhclkk	.lngemrkss llqtiivae.	lrshlnitg illti-----
msa209368.2{147_M732}	qlllnhclkk	.lngemrkss llqtiivae.	lrshlnitg illti-----
msa209368.2{147_M781}	qlllnhclkk	.lngemrkss llqtiivae.	lrshlnitg illti-----
msa209368.2{147_18RS21}	tvttqslske	itksgnekvl tstnnssrv	akiispkhng dsvnhT----
msa209368.2{147_2603}	tvttqslske	itksgnekvl tstnnssrv	akiispkhng dsvnhTlpst
msa209368.2{147_JM9130013}	tvttqslske	itksgnekvl tstnnssrv	akiispkhng dsvnhT----
msa209368.2{147_090}	tvttqslske	itksgnekvl tstnnssrv	akiispkhng dsvnhT----
msa209368.2{147_CJB110}	tvttqslske	itksgnekvl tstnnssrv	akiispkhng dsvnhT----
msa209368.2{147_1169NT}	tvttqslske	itksgnekvl tstnnssrv	akiispkhng dsvnhT----
msa209368.2{147_H36B}	tvttqslske	itksgnekvl tstnnssrv	akiispkhng dsvnhT----
msa209368.2{147_A909}	ysyysliiv.r	nnsirk.esp hfykq...qs	s.dhit.t.r gfc.py-----
Consensus	-----	-----	-----
	1201		1233
msa209368.2{147_COH1}	-----	-----	---
msa209368.2{147_M732}	-----	-----	---
msa209368.2{147_M781}	-----	-----	---
msa209368.2{147_18RS21}	-----	-----	---
msa209368.2{147_2603}	sdtratnglfv	gtlallssll	lylkpkktkn nsk
msa209368.2{147_JM9130013}	-----	-----	---
msa209368.2{147_090}	-----	-----	---
msa209368.2{147_CJB110}	-----	-----	---
msa209368.2{147_1169NT}	-----	-----	---
msa209368.2{147_H36B}	-----	-----	---
msa209368.2{147_A909}	-----	-----	---
Consensus	*****	*****	***

**Table 45: Comparative Sequences relating to SAG1404 (strain info highlighted in BOLD)**

SEQ ID NO. 4501

**STRAIN 2603**

ATGAAAAGATTAGAAAAGTTTAGGACTTCTACTATGTTGCTTTTAGGATTGGTACAA  
 TTAGCGTTTTTTTCGGTAGCCAGTGTAATGCTGATACCCCTAATCAACTAACATCACA  
 CAGATAGGACTTCAGCCAAATACTACAGAGGAGGGGATTCTTATCGTTTATGGACTGTG  
 ACTGACAACTTAAAAGTTGATTATTTAGGCCAAATGACAGATAGCGAATTTGAACGAGAAG  
 TATAAGAGTATCTTGACTTCTCCTACTGATACTAATGGTCAGACAAAGTAGCACTCCCA  
 AATGGTTTCGTACTTTGGTCGTGCTTATAAGCTGATCAAAAGCGTTTCAACAATAGTACCT  
 TTTTATATTGAATTACCGATGATAGTTATCAAACTCAATTACAGATAAATCCTAAGCGA  
 AAAGTTGAAACAGGCCGATTAAAACCTTATTAAATATACAAAAGAAGGAAAGATAAAGAAA  
 AGGCTATCCGGAGTAATATTTGTATTATACGATAACCAAGATCAGCCAGTTTCGCTTTAAA  
 AATGGACGATTACGACCGATCAAGATGGGATTACTTCATTAGTAAGTATGATAAGGGA  
 GAAATTGAGGTTGAAGGTTTATTTACCTGGTAAGTATATTTTCGAGAAGCAAAAGCACTA  
 ACTGGTTACCGTATATCTATGAAGGATGCTGTAGTTGCTGTAGTTGCTAATAAAACACAG  
 GAAGTAGAGGTAGAAAACGAAAAAGAACTCCTCCACCAACAATCCTAAACCATCACAA  
 CCGCTTTTCCCAATCATTTCTTCTAAACAGGAATGATTATTGGTGGAGGACTGACA  
 ATTCTTGGTTGTATTATTTGGGAATTTGTATTCTTTTAAAGAAAACATAAAATAGC  
 AATCTGAAAAGAAACGATACAGTA

SEQ ID NO. 4502

**STRAIN 090**

GATACCCCTAATCAACTAACATCACAC  
 AGATAGGACTTCAGCCAAATACTACAGAGGAGGGGATTCTTATCGTTTTA  
 TGGACTGTGACTGACAACTTAAAGTTGATTATTTAGGCCAAATGACAGA  
 TAGCGAATTGAACGAGAAGTATAAGAGTATCTTGACTTCTCCTACTGATA  
 CTAATGGTCAGACAAAGATAGCACTCCCAAATGGTTTCGTACTTTGGTCGT  
 GCTTATAAAGCTGATCAAAAGCGTTTCAACAATAGTACCTTTTATATTGA  
 ATTACAGATGATAAGTTATCAAACTCAATTACAGATAAATCCTAAGCGAA  
 AAGTTGAAACAGGCCGATTAAAACCTTATAAATATACAAAAGAAGGAAAG  
 ATAAAGAAAAGGCTATCAGGAGTAATATTTGTATTATACGATAACCAAGAA  
 TCAGCCAGTTTCGCTTTAAAAATGGACGATTACGACCGATCAAGATGGGA  
 TTACTTCATTAGTAAGTATGATAAGGGAGAAATTTAGGTTGAAGGTTTA  
 TTACCTGGTAAGTATATTTTCGAGAAGCAAAAGCACTAACTGGTTACCG  
 TATATCTATGAAGGATGCTGTAGTTGCTGTAGTTGCTAATAAAACACAGG  
 AAGTAGAGGTAGAAAACGAAAAAGAACTCCTCCACCAACAATCCTAAAC  
 CCATCACAAACG

SEQ ID NO. 4503

**STRAIN H36B**

GATACCCCTAATCAACTAACATCACACAG  
 TAGGACTTCAGCCAAATACTACAGAGGAGGGGATTCTTATCGTTTATGG  
 ACTGTGACTGACAACTTAAAGTTGATTATTTAGGCCAAATGACAGATAG  
 CGAATTGAACCGAAGTATAAGAGTATCTTGACTTCTCCTACTGATACTA  
 ATGGTCAGACAAAGATAGCACTCCCAAATGGTTTCGTACTTTGGTCGTGCT  
 TATAAAGCTGATCAAAAGCGTTTCAACAATAGTACCTTTTATATTGAATT  
 ACCAGATGATAAGTTATCAAACTCAATTACAGATAAATCCTAAGCGAAAAG  
 TTGAAACAGGCCGATTAAAACCTTATAAATATACAAAAGAAGGAAAGATA  
 AAGAAAAGGCTTTCGGAGTAATATTTGTATTATACGATAACCAAGATCA  
 GCCAGTTTCGCTTTAAAAATGGACGATTACGACCGATCAAGATGGGATTA  
 CTTCTATTAGTAAGTATGATAAGGGAGAAATTTAGGTTGAAGGTTTATTA  
 CCTGGTAAGTATATTTTCGAGAAGCAAAAGCACTAACTGGTTACCGTAT  
 ATCTATGAAGGATGCTGTAGTTGCTGTAGTTGCTAATAAAACACAGGAAG  
 TAGAGGTAGAAAACGAAAAAGAACTCCTCCACCAACAATCCTAAACCA  
 TCACAACCGC

SEQ ID NO. 4504

**STRAIN 18RS21**

GATACCCCTAATCAACTAACATCACACAG  
 ATAGGACTTCAGCCAAATACTACAGAGGAGGGGATTCTTATCGTTTATG  
 GACTGTGACTGACAACTTAAAGTTGATTATTTAGGCCAAATGACAGATA  
 GCGAATTGAACCGAAGTATAAGAGTATCTTGACTTCTCCTACTGATACT  
 AATGGTCAGACAAAGATAGCACTCCCAAATGGTTTCGTACTTTGGTCGTG  
 TTATAAAGCTGATCAAAAGCGTTTCAACAATAGTACCTTTTATATTGAAT  
 TACCAGATGATAAGTTATCAAACTCAATTACAGATAAATCCTAAGCGAAAAG  
 GTTGAACAGGCCGATTAAAACCTTATAAATATACAAAAGAAGGAAAGAT  
 AAAGAAAAGGCTATCCGGAGTAATATTTGTATTATACGATAACCAAGATC  
 AGCCAGTTTCGCTTTAAAAATGGACGATTACGACCGATCAAGATGGGATT  
 ACTTCATTAGTAAGTATGATAAGGGAGAAATTTAGGTTGAAGGTTTATTA  
 ACCCTGGTAAGTATATTTTCGAGAAGCAAAAGCACTAACTGGTTACCGTA  
 TATCTATGAAGGATGCTGTAGTTGCTGTAGTTGCTAATAAAACACAGGAAG  
 GTAGAGGTAGAAAACGAAAAAGAACTCCTCCACCAACAATCCTAAACCA  
 ATCAACACC

SEQ ID NO. 4505

**STRAIN CJB110**

GATACCCCTAATCAACTAACATCACACA  
 GATAGGACTTCAGCCAAATACTACAGAGGAGGGGATTCTTATCGTTTAT  
 GGACTGTGACTGACAACTTAAAGTTGATTATTTAGGCCAAATGACAGAT  
 AGCGAATTGAACCGAAGTATAAGAGTATCTTGACTTCTCCTACTGATACT  
 TAATGGTCAGACAAAGATAGCACTCCCAAATGGTTTCGTACTTTGGTCGTG  
 CTTATAAAGCTGATCAAAAGCGTTTCAACAATAGTACCTTTTATATTGAA  
 TTACCAGATGATAAGTTATCAAACTCAATTACAGATAAATCCTAAGCGAAA  
 AGTTGAACAGGCCGATTAAAACCTTATAAATATACAAAAGAAGGAAAG



Table 45: Comparative Sequences relating to SAG1404 (strain info highlighted in BOLD)

TAAAGAAAAGGCTATCAGGAGTAATATTTGTATTATACGATAACCAGAAT  
 CAGCCAGTTTCGCTTTAAAAATGGACGATTACGACCGATCAAGATGGGAT  
 TACTTCATTAGTAAGTATGATAAGGGAGAAATGAGGTTGAAGGTTTAT  
 TACCTGGTAAGTATTTTTCGAGAAGCAAAAGCACTAACTGGTTACCGT  
 ATATCTATGAAGGATGCTGTAGTTGCTGTAGTTGCTAATAAAACACAGGA  
 AGTAGAGGTAGAAAACGAAAAGAACTCCTCCACCAACAAATCCTAAAC  
 CATCAACACC

SEQ ID NO. 4506

STRAIN 1169NT

GATACCCCTAATCAACTAACATCACACAG

ATAGGACTTCAGCCAAATACATCAGAGGAGGGGATTTCTTATCGTTTATG  
 GACTGTGACTGACAACTTAAAGTTGATTATTGAGCCAAATGACAGATA  
 GCGAATTTGAACCAAGATATAAGAGTATCTTGACTTCTCTACTGATACT  
 AATGGCAGaCAAGATAGCACTCCCAATGGTTTCGTACTTTGGTGGTGC  
 TTATAAAGCTGATCAAGCGTTTCAACAATAGTACCTTTTATATTGAAT  
 TACCAGATGATAAGTTATCAATCAATTACAGATAAACTCCTAAGCGAAAA  
 GTTGAAACAGGCCGATTAAAACTTATTAATATACAAAAGAAGGAAGAT  
 AAAGAAAAGGCTATCAGGAGTAATATTTGTATTATACGATAACCAGAATC  
 AGCCAGTTTCGCTTTAAAAATGGACGATTACGACCGATCAAGATGGGAT  
 ACTTCATTAGTAAGTgaTGATAAGGGAGAAATGAGGTTGAAGGTTTAT  
 ACCTGGTAAGTATATTTTCGAGAAGCAAAAGCACTAACTGGTTACCGTA  
 TATCTATGAAGGATGCTGTAGTTGCTGTAGTTGCTAATAAAACACAGGA  
 GTAGAGGTAGAAAACGAAAAGAACTCCTCCACCAACAAATCCTAAAC  
 ATCAACACC

PRETTY of: /biotmp/msa184750.2(\*) May 13, 2003 06:23 ..

	1				50
msa184750.2{150_090}	-----	-----	-----	-----	-----
msa184750.2{150_1169NT}	-----	-----	-----	-----	-----
msa184750.2{150_CJB110}	-----	-----	-----	-----	-----
msa184750.2{150_18RS21}	-----	-----	-----	-----	-----
msa184750.2{150_2603}	atgaaaaaga	ttagaaaaag	tttaggactt	ctactatggt	gctttttagg
msa184750.2{150_H36B}	-----	-----	-----	-----	-----
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
	51				100
msa184750.2{150_090}	-----	-----	-----	-----	---GATACCC
msa184750.2{150_1169NT}	-----	-----	-----	-----	---GATACCC
msa184750.2{150_CJB110}	-----	-----	-----	-----	---GATACCC
msa184750.2{150_18RS21}	-----	-----	-----	-----	---GATACCC
msa184750.2{150_2603}	attggtacaa	ttagcgtttt	tttcggtagc	cagtgtaaat	gctGATACCC
msa184750.2{150_H36B}	-----	-----	-----	-----	---GATACCC
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
	101				150
msa184750.2{150_090}	CTAATCAACT	AACAATCACA	CAGATAGGAC	TTGAGCCAAA	TACTACAGAG
msa184750.2{150_1169NT}	CTAATCAACT	AACAATCACA	CAGATAGGAC	TTGAGCCAAA	TACTACAGAG
msa184750.2{150_CJB110}	CTAATCAACT	AACAATCACA	CAGATAGGAC	TTGAGCCAAA	TACTACAGAG
msa184750.2{150_18RS21}	CTAATCAACT	AACAATCACA	CAGATAGGAC	TTGAGCCAAA	TACTACAGAG
msa184750.2{150_2603}	CTAATCAACT	AACAATCACA	CAGATAGGAC	TTGAGCCAAA	TACTACAGAG
msa184750.2{150_H36B}	CTAATCAACT	AACAATCACA	CAGATAGGAC	TTGAGCCAAA	TACTACAGAG
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
	151				200
msa184750.2{150_090}	GAGGGGATTT	CTTATCGTTT	ATGGACTGTG	ACTGACAACT	TAAAAGTTGA
msa184750.2{150_1169NT}	GAGGGGATTT	CTTATCGTTT	ATGGACTGTG	ACTGACAACT	TAAAAGTTGA
msa184750.2{150_CJB110}	GAGGGGATTT	CTTATCGTTT	ATGGACTGTG	ACTGACAACT	TAAAAGTTGA
msa184750.2{150_18RS21}	GAGGGGATTT	CTTATCGTTT	ATGGACTGTG	ACTGACAACT	TAAAAGTTGA
msa184750.2{150_2603}	GAGGGGATTT	CTTATCGTTT	ATGGACTGTG	ACTGACAACT	TAAAAGTTGA
msa184750.2{150_H36B}	GAGGGGATTT	CTTATCGTTT	ATGGACTGTG	ACTGACAACT	TAAAAGTTGA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
	201				250
msa184750.2{150_090}	TTTATTGAGC	CAAATGACAG	ATAGCGAATT	GAACCAGAAG	TATAAGAGTA
msa184750.2{150_1169NT}	TTTATTGAGC	CAAATGACAG	ATAGCGAATT	GAACCAGAAG	TATAAGAGTA
msa184750.2{150_CJB110}	TTTATTGAGC	CAAATGACAG	ATAGCGAATT	GAACCAGAAG	TATAAGAGTA
msa184750.2{150_18RS21}	TTTATTGAGC	CAAATGACAG	ATAGCGAATT	GAACCAGAAG	TATAAGAGTA
msa184750.2{150_2603}	TTTATTGAGC	CAAATGACAG	ATAGCGAATT	GAACCAGAAG	TATAAGAGTA
msa184750.2{150_H36B}	TTTATTGAGC	CAAATGACAG	ATAGCGAATT	GAACCAGAAG	TATAAGAGTA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
	251				300
msa184750.2{150_090}	TCTTGACTTC	TCCTACTGAT	ACTAATGGTC	AGACAAAGAT	AGCACTCCCA
msa184750.2{150_1169NT}	TCTTGACTTC	TCCTACTGAT	ACTAATGGTC	AGACAAAGAT	AGCACTCCCA
msa184750.2{150_CJB110}	TCTTGACTTC	TCCTACTGAT	ACTAATGGTC	AGACAAAGAT	AGCACTCCCA
msa184750.2{150_18RS21}	TCTTGACTTC	TCCTACTGAT	ACTAATGGTC	AGACAAAGAT	AGCACTCCCA
msa184750.2{150_2603}	TCTTGACTTC	TCCTACTGAT	ACTAATGGTC	AGACAAAGAT	AGCACTCCCA
msa184750.2{150_H36B}	TCTTGACTTC	TCCTACTGAT	ACTAATGGTC	AGACAAAGAT	AGCACTCCCA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****

301

350

Table 45: Comparative Sequences relating to SAG1404 (strain info highlighted in BOLD)

msa184750.2{150_090}	AATGGTTCGT	ACITTTGGTCG	TGCTTATAAA	GCTGATCAAA	GCGTTTCAAC
msa184750.2{150_1169NT}	AATGGTTCGT	ACITTTGGTCG	TGCTTATAAA	GCTGATCAAA	GCGTTTCAAC
msa184750.2{150_CJB110}	AATGGTTCGT	ACITTTGGTCG	TGCTTATAAA	GCTGATCAAA	GCGTTTCAAC
msa184750.2{150_18RS21}	AATGGTTCGT	ACITTTGGTCG	TGCTTATAAA	GCTGATCAAA	GCGTTTCAAC
msa184750.2{150_2603}	AATGGTTCGT	ACITTTGGTCG	TGCTTATAAA	GCTGATCAAA	GCGTTTCAAC
msa184750.2{150_H36B}	AATGGTTCGT	ACITTTGGTCG	TGCTTATAAA	GCTGATCAAA	GCGTTTCAAC
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa184750.2{150_090}	351				400
msa184750.2{150_1169NT}	AATAGTACCT	TTTTATATTG	AATTACCAGA	TGATAAGTTA	TCAAATCAAT
msa184750.2{150_CJB110}	AATAGTACCT	TTTTATATTG	AATTACCAGA	TGATAAGTTA	TCAAATCAAT
msa184750.2{150_18RS21}	AATAGTACCT	TTTTATATTG	AATTACCAGA	TGATAAGTTA	TCAAATCAAT
msa184750.2{150_2603}	AATAGTACCT	TTTTATATTG	AATTACCAGA	TGATAAGTTA	TCAAATCAAT
msa184750.2{150_H36B}	AATAGTACCT	TTTTATATTG	AATTACCAGA	TGATAAGTTA	TCAAATCAAT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa184750.2{150_090}	401				450
msa184750.2{150_1169NT}	TACAGATAAA	TCCTAAGCGA	AAAGTTGAAA	CAGGCCGATT	AAAACCTTATT
msa184750.2{150_CJB110}	TACAGATAAA	TCCTAAGCGA	AAAGTTGAAA	CAGGCCGATT	AAAACCTTATT
msa184750.2{150_18RS21}	TACAGATAAA	TCCTAAGCGA	AAAGTTGAAA	CAGGCCGATT	AAAACCTTATT
msa184750.2{150_2603}	TACAGATAAA	TCCTAAGCGA	AAAGTTGAAA	CAGGCCGATT	AAAACCTTATT
msa184750.2{150_H36B}	TACAGATAAA	TCCTAAGCGA	AAAGTTGAAA	CAGGCCGATT	AAAACCTTATT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa184750.2{150_090}	451				500
msa184750.2{150_1169NT}	AAATATACAA	AAGAAGGAAA	GATAAAGAAA	AGGCTaTCaG	GAGTAATATT
msa184750.2{150_CJB110}	AAATATACAA	AAGAAGGAAA	GATAAAGAAA	AGGCTaTCaG	GAGTAATATT
msa184750.2{150_18RS21}	AAATATACAA	AAGAAGGAAA	GATAAAGAAA	AGGCTaTCaG	GAGTAATATT
msa184750.2{150_2603}	AAATATACAA	AAGAAGGAAA	GATAAAGAAA	AGGCTaTCcG	GAGTAATATT
msa184750.2{150_H36B}	AAATATACAA	AAGAAGGAAA	GATAAAGAAA	AGGCTwTCcG	GAGTAATATT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa184750.2{150_090}	501				550
msa184750.2{150_1169NT}	TGTATTATAC	GATAACCAGA	ATCAGCCAGT	TCGCTTTAAA	AATGGACGAT
msa184750.2{150_CJB110}	TGTATTATAC	GATAACCAGA	ATCAGCCAGT	TCGCTTTAAA	AATGGACGAT
msa184750.2{150_18RS21}	TGTATTATAC	GATAACCAGA	ATCAGCCAGT	TCGCTTTAAA	AATGGACGAT
msa184750.2{150_2603}	TGTATTATAC	GATAACCAGA	ATCAGCCAGT	TCGCTTTAAA	AATGGACGAT
msa184750.2{150_H36B}	TGTATTATAC	GATAACCAGA	ATCAGCCAGT	TCGCTTTAAA	AATGGACGAT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa184750.2{150_090}	551				600
msa184750.2{150_1169NT}	TTACGACCGA	TCAAGATGGG	ATTACTTCAT	TAGTAACTGA	TGATAAGGGA
msa184750.2{150_CJB110}	TTACGACCGA	TCAAGATGGG	ATTACTTCAT	TAGTAACTGA	TGATAAGGGA
msa184750.2{150_18RS21}	TTACGACCGA	TCAAGATGGG	ATTACTTCAT	TAGTAACTGA	TGATAAGGGA
msa184750.2{150_2603}	TTACGACCGA	TCAAGATGGG	ATTACTTCAT	TAGTAACTGA	TGATAAGGGA
msa184750.2{150_H36B}	TTACGACCGA	TCAAGATGGG	ATTACTTCAT	TAGTAACTGA	TGATAAGGGA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa184750.2{150_090}	601				650
msa184750.2{150_1169NT}	GAAATTGAGG	TTGAAGGTTT	ATTACCTGGT	AAGTATATTT	TTCGAGAAGC
msa184750.2{150_CJB110}	GAAATTGAGG	TTGAAGGTTT	ATTACCTGGT	AAGTATATTT	TTCGAGAAGC
msa184750.2{150_18RS21}	GAAATTGAGG	TTGAAGGTTT	ATTACCTGGT	AAGTATATTT	TTCGAGAAGC
msa184750.2{150_2603}	GAAATTGAGG	TTGAAGGTTT	ATTACCTGGT	AAGTATATTT	TTCGAGAAGC
msa184750.2{150_H36B}	GAAATTGAGG	TTGAAGGTTT	ATTACCTGGT	AAGTATATTT	TTCGAGAAGC
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa184750.2{150_090}	651				700
msa184750.2{150_1169NT}	AAAAGCACTA	ACTGGTTACC	GTATATCTAT	GAAGGATGCT	GTAGTTGCTG
msa184750.2{150_CJB110}	AAAAGCACTA	ACTGGTTACC	GTATATCTAT	GAAGGATGCT	GTAGTTGCTG
msa184750.2{150_18RS21}	AAAAGCACTA	ACTGGTTACC	GTATATCTAT	GAAGGATGCT	GTAGTTGCTG
msa184750.2{150_2603}	AAAAGCACTA	ACTGGTTACC	GTATATCTAT	GAAGGATGCT	GTAGTTGCTG
msa184750.2{150_H36B}	AAAAGCACTA	ACTGGTTACC	GTATATCTAT	GAAGGATGCT	GTAGTTGCTG
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa184750.2{150_090}	701				750
msa184750.2{150_1169NT}	TAGTTGCTAA	TAAAACACAG	GAAGTAGAGG	TAGAAAACGA	AAAAGAAACT
msa184750.2{150_CJB110}	TAGTTGCTAA	TAAAACACAG	GAAGTAGAGG	TAGAAAACGA	AAAAGAAACT
msa184750.2{150_18RS21}	TAGTTGCTAA	TAAAACACAG	GAAGTAGAGG	TAGAAAACGA	AAAAGAAACT
msa184750.2{150_2603}	TAGTTGCTAA	TAAAACACAG	GAAGTAGAGG	TAGAAAACGA	AAAAGAAACT
msa184750.2{150_H36B}	TAGTTGCTAA	TAAAACACAG	GAAGTAGAGG	TAGAAAACGA	AAAAGAAACT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa184750.2{150_090}	751				800
msa184750.2{150_1169NT}	CCTCCACCAA	CAAATCCTAA	ACCATCACAA	CCg-----	-----
	CCTCCACCAA	CAAATCCTAA	ACCATCACAA	CC-----	-----

Table 45: Comparative Sequences relating to SAG1404 (strain info highlighted in BOLD)

```

msa184750.2{150_CJB110} CCTCCACCAA CAAATCCTAA ACCATCACAA CC-----
msa184750.2{150_18RS21} CCTCCACCAA CAAATCCTAA ACCATCACAA CC-----
msa184750.2{150_2603} CCTCCACCAA CAAATCCTAA ACCATCACAA CCgCtttttc cacaatcatt
msa184750.2{150_H36B} CCTCCACCAA CAAATCCTAA ACCATCACAA CCgC-----
Consensus *****

```

801 850

```

msa184750.2{150_090} -----
msa184750.2{150_1169NT} -----
msa184750.2{150_CJB110} -----
msa184750.2{150_18RS21} -----
msa184750.2{150_2603} tcttcctaaa acaggaatga ttattggtgg aggactgaca attccttggtt
msa184750.2{150_H36B} -----
Consensus *****

```

851 900

```

msa184750.2{150_090} -----
msa184750.2{150_1169NT} -----
msa184750.2{150_CJB110} -----
msa184750.2{150_18RS21} -----
msa184750.2{150_2603} gtattatttt gggaattttt tttatctttt taagaaaaaac taaaaatagc
msa184750.2{150_H36B} -----
Consensus *****

```

901 924

```

msa184750.2{150_090} -----
msa184750.2{150_1169NT} -----
msa184750.2{150_CJB110} -----
msa184750.2{150_18RS21} -----
msa184750.2{150_2603} aaatctgaaa gaaacgatac agta
msa184750.2{150_H36B} -----
Consensus *****

```

## SEQ ID NO. 4507

## STRAIN 2603

MKKIRKSLGLLLCCFLGLVLQAFFSVASVNADTPNQLTITQIGLQPNNTTEEGISYRLWTV  
 TDNLKVDLLSQMTDSELNQKYKSILTSPTDTNGQTKIALPNSYFGRAYKADQSVSTIVP  
 FYIELPDDKLSNQLQINPKRKVETGRLKLIK YTKEGKIKKRLSGVIFVLVDNQNPVRFK  
 NGRFTTDDGITSLSLVDKGEIEVEGLLPKYIFREAKALTYRISMKDAVVAVVANKTQ  
 EVEVENEKETPPPTNPKPSQPLFPQSFLPKTGMITGGGLTILGCIILGILFIFLRKTKNS  
 KSERNDTV

## SEQ ID NO. 4508

## STRAIN 090

DTPNQLTITQIGLQPNNTTEEGISYRLWTVTDNLKVDLLSQMTDSELNQKYKSILTSPTDT  
 NGQTKIALPNSYFGRAYKADQSVSTIVPFYIELPDDKLSNQLQINPKRKVETGRLKLIK  
 YTKEGKIKKRLSGVIFVLVDNQNPVRFKNGRFTTDDGITSLSLVDKGEIEVEGLLPKY  
 YIFREAKALTYRISMKDAVVAVVANKTQEVEVENEKETPPPTNPKPSQ

## SEQ ID NO. 4509

## STRAIN H36B

DTPNQLTITQIGLQPNNTTEEGISYRLWTVTDNLKVDLLSQMTDSELNQKYKSILTSPTDT  
 NGQTKIALPNSYFGRAYKADQSVSTIVPFYIELPDDKLSNQLQINPKRKVETGRLKLIK  
 YTKEGKIKKRLSGVIFVLVDNQNPVRFKNGRFTTDDGITSLSLVDKGEIEVEGLLPKY  
 YIFREAKALTYRISMKDAVVAVVANKTQEVEVENEKETPPPTNPKPSQ

## SEQ ID NO. 4510

## STRAIN 18RS21

DTPNQLTITQIGLQPNNTTEEGISYRLWTVTDNLKVDLLSQMTDSELNQKYKSILTSPTDT  
 NGQTKIALPNSYFGRAYKADQSVSTIVPFYIELPDDKLSNQLQINPKRKVETGRLKLIK  
 YTKEGKIKKRLSGVIFVLVDNQNPVRFKNGRFTTDDGITSLSLVDKGEIEVEGLLPKY  
 YIFREAKALTYRISMKDAVVAVVANKTQEVEVENEKETPPPTNPKPSQ

## SEQ ID NO. 4511

## STRAIN 1169NT

DTPNQLTITQIGLQPNNTTEEGISYRLWTVTDNLKVDLLSQMTDSELNQKYKSILTSPTDT  
 NGQTKIALPNSYFGRAYKADQSVSTIVPFYIELPDDKLSNQLQINPKRKVETGRLKLIK  
 YTKEGKIKKRLSGVIFVLVDNQNPVRFKNGRFTTDDGITSLSLVDKGEIEVEGLLPKY  
 YIFREAKALTYRISMKDAVVAVVANKTQEVEVENEKETPPPTNPKPSQ

PRETTY of: /biotmp/msa184868.2{\*} May 13, 2003 06:25 ..

```

msa184868.2{150_090} 1 ----- 50
msa184868.2{150_2603} mkkirkslgl llccflglvq laffsvasvn aDTPNQLTIT QIGLQPNNTTE
msa184868.2{150_H36B} ----- -DTPNQLTIT QIGLQPNNTTE
msa184868.2{150_1169NT} ----- -DTPNQLTIT QIGLQPNNTTE
msa184868.2{150_18RS21} ----- -DTPNQLTIT QIGLQPNNTTE
Consensus *****

```

51 100

```

msa184868.2{150_090} BGISYRLWTV TDNLKVDLLS QMTDSELNQK YKSILTSPTD TNGQTKIALP

```

Table 45: Comparative Sequences relating to SAG1404 (strain info highlighted in BOLD)

msa184868.2{150_2603}	EGISYRLWTV	TDNLKVDLLS	QMTDSELNOK	YKSILTSPTD	TNGQTKIALP
msa184868.2{150_H36B}	EGISYRLWTV	TDNLKVDLLS	QMTDSELNOK	YKSILTSPTD	TNGQTKIALP
msa184868.2{150_1169NT}	EGISYRLWTV	TDNLKVDLLS	QMTDSELNOK	YKSILTSPTD	TNGQTKIALP
msa184868.2{150_18RS21}	EGISYRLWTV	TDNLKVDLLS	QMTDSELNOK	YKSILTSPTD	TNGQTKIALP
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
101					
msa184868.2{150_090}	NGSYFGRAYK	ADQSVSTIVP	FYIELEPDDKL	SNQLQINPKR	KVETGRLKLI
msa184868.2{150_2603}	NGSYFGRAYK	ADQSVSTIVP	FYIELEPDDKL	SNQLQINPKR	KVETGRLKLI
msa184868.2{150_H36B}	NGSYFGRAYK	ADQSVSTIVP	FYIELEPDDKL	SNQLQINPKR	KVETGRLKLI
msa184868.2{150_1169NT}	NGSYFGRAYK	ADQSVSTIVP	FYIELEPDDKL	SNQLQINPKR	KVETGRLKLI
msa184868.2{150_18RS21}	NGSYFGRAYK	ADQSVSTIVP	FYIELEPDDKL	SNQLQINPKR	KVETGRLKLI
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
151					
msa184868.2{150_090}	KYTKEGKIKK	RLSGVIFVLY	DNQNQPVRFK	NGRFTTDQDG	ITSLVTDDKG
msa184868.2{150_2603}	KYTKEGKIKK	RLSGVIFVLY	DNQNQPVRFK	NGRFTTDQDG	ITSLVTDDKG
msa184868.2{150_H36B}	KYTKEGKIKK	RLSGVIFVLY	DNQNQPVRFK	NGRFTTDQDG	ITSLVTDDKG
msa184868.2{150_1169NT}	KYTKEGKIKK	RLSGVIFVLY	DNQNQPVRFK	NGRFTTDQDG	ITSLVTDDKG
msa184868.2{150_18RS21}	KYTKEGKIKK	RLSGVIFVLY	DNQNQPVRFK	NGRFTTDQDG	ITSLVTDDKG
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
201					
msa184868.2{150_090}	BIEVEGLLPG	KYIFREAKAL	TGYRISMKDA	VVAVVANKTQ	EVEVENEKET
msa184868.2{150_2603}	BIEVEGLLPG	KYIFREAKAL	TGYRISMKDA	VVAVVANKTQ	EVEVENEKET
msa184868.2{150_H36B}	BIEVEGLLPG	KYIFREAKAL	TGYRISMKDA	VVAVVANKTQ	EVEVENEKET
msa184868.2{150_1169NT}	BIEVEGLLPG	KYIFREAKAL	TGYRISMKDA	VVAVVANKTQ	EVEVENEKET
msa184868.2{150_18RS21}	BIEVEGLLPG	KYIFREAKAL	TGYRISMKDA	VVAVVANKTQ	EVEVENEKET
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
251					
msa184868.2{150_090}	PPPTNPKPSQ	p-----	-----	-----	-----
msa184868.2{150_2603}	PPPTNPKPSQ	plfpqsfllpk	tgmiigggt	ilgcilgil	fiflrktkns
msa184868.2{150_H36B}	PPPTNPKPSQ	p-----	-----	-----	-----
msa184868.2{150_1169NT}	PPPTNPKPSQ	-----	-----	-----	-----
msa184868.2{150_18RS21}	PPPTNPKPSQ	-----	-----	-----	-----
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
301					
msa184868.2{150_090}	-----	-----	-----	-----	-----
msa184868.2{150_2603}	kserndtv	-----	-----	-----	-----
msa184868.2{150_H36B}	-----	-----	-----	-----	-----
msa184868.2{150_1169NT}	-----	-----	-----	-----	-----
msa184868.2{150_18RS21}	-----	-----	-----	-----	-----
Consensus	*****	-----	-----	-----	-----

Table 46: Comparative Sequences relating to SAG1615 (strain info highlighted in BOLD)

SEQ ID NO. 4601  
STRAIN A909

TGACAAATATATTTTACCCAACTGGTTTAGAGCAAGCAGGTGTAACATATATACCTTT  
CTCACCGAATAATATCAGTGAGGATTTAGAGATTATTCAGGAAATGCTTTTCGTCCAGA  
TAACAATGAAGAGTTGGCTTATGTTATGAAAAGGGCTATCATTTTAAACGATATCATGA  
ATTTCTCGGAGATTTTATGCGTCAGTTCAGTCTAGGTGTAGCTGGGGCACATGGAAA  
AACCTCAACGACAGGTTTATAGCTCATGTTTAAAAAATATACAGACACTTCTTTCT  
AATTGGAGATGGTACAGGACGTGGTTCTGCTAATGCTAATTACTTTGTGTTTGAAGCTGA  
TGAATACGAACGTCAATTTATGCGGTACCATCCAGAATACTCAATTATTACCAATATTGA  
TTTTGACCATCTGATTATTTACAGGCTAGAGGACGTATTCATGCTTTTATGACTA  
TGCTAAGCAAGTTCAAAAAGGTTTATTCATTTATGGAGAAGATCCAAAACCTCATGAAAT  
CACTTCTGAGGCACCAATATATTTATGTTTGAAGATTCAAAATGATTTTATAGCAAA  
AGACATCACTCGAAGTGTAAATGGTTCTGACTTTAAGGTTTCTATAACCAAGAAGAAAT  
TGGTCAGTTTCATGTACAGCATACGGTAAACATAATCTTAAATGCAACTGCTGTTAT  
TGCTAACCTTTACATAATGGGAATTGATATGGCATTAGTAGCTGAGCATTGGAAGACATT  
TTCAGGGGTAAAGCGTCGTTTACTGAGAAGATTATGACGATACGTGCTATTATGATGA  
CTTTGCTCACCATTCTACTGAGATTATTCGACATTAGATGCTGCTCGACAAAAATACCC  
GTCAAAAGAAATTTGAGCTATTTTCCAAACCGCATACGTTCACTCGTACATAGCTCTTT  
AGACGAATTTGCCCATGCTTGAGTCAAGCGGATAGCGTTTATCTCGCTCAAATATATGG  
TTCTGCTAGAGAAGTAGATAATGGTGAGGTGAAGGTAGAAGATTAGCTGCTAAGATTGT  
CAAACTCAGATTATGAGCAGTCAAGAAATGCTCGCTTTACTCAATCATGATAATGC  
TGCTATGCTCTTTATGGGTGCTGGAGACATTCAATTGTATGAGCGCTCTTTTGAAGAATT  
ATTAGCTAACCTAACTAAAAATACACAA

SEQ ID NO. 4602  
STRAIN 1169NT

AAAAGCAGGCTCTAGTGACGTTGACAAATATATTTTACCCAACTGGTTTAGAGCAAGC  
AGGTGTAACATATATACCTTTCTCACCGAATAATATCAGTGAGGATTTAGAGATTATTGC  
AGGAAATGCTTTTCGTCCAGATAACAATGAAGAGTTGGCTTATGTTATGAAAAGGGCTA  
TCATTTTAAACGATATCATGAATTTCTCGGAGATTTATGCGTCAGTTCAGTCTAGGT  
GTAGCTGGGGCACATGGAAAAACCTCAACGACAGGTTTATAGCTCATGTTTAAAAAA  
TATTACAGACACTTCTTCTAATTTGGAGATGGTACAGGACGTGGTTCTGCTAATGCTAA  
TTACTTTGTGTTTGAAGCTGATGAATACGAACGTCAATTTATGCGGTACCATCCAGAATA  
CTCAATTATTACCAATATTGATTTTGACCATCTGATTATTTACAGGCTAGAGGACGT  
ATTCATGCTTTTATGACTATGCTAAGCAAGTTCAAAAAGGTTTATTCATTTATGGAGA  
AGATCCAAAACCTTCATGAATCACTTCTGAGGCACCAATATATTATTATGTTTGAAGA  
TTCAAAATGATTTTATAGCAAAAGACATCACTCGAAGTGTAAATGGTTCTGACTTTAAGGT  
TTTCTATAACCAAGAAATTTGGTCAGTTTATGTACAGCATACGGTAAACATAATAT  
CTTAAATGCAACTGCTGTTTATGCTAACCTTTACATAATGGGAATTGATATGGCATTAGT  
AGCTGAGCATTGGAAGACATTTTACAGGGGTAAAGCGTCGTTTACTGAGAAGATTATTGA  
CGATACGTGCTATTTATGATGACTTTGCTCACCATTCTACTGAGATTATTGCGACATTAGA  
TGCTGCTCGACAAAAATACCCGTCAAAAGAAATTTAGCTATTTTCCAAACCGCATACGTT  
CACTCGTACGATAGCTCTTTTGAAGCAATTTGCCATGCTTGAGTCAAGCGGATAGCGT  
TTATCTCGCTCAAATATATGGTTCTGCTAGAGAAGTAGATAATGGTGAGGTGAAGGTAGA  
AGATTTAGCTGCTAAGATTGTCAAACTCAGATTATGAGCAGTCAAGAAATGCTCGCT  
TTTACTCAATCATGATAATGCTGCTATGCTCTTATGGGTGCTGGAGACATTCAATTGTA  
TGAGCGCTCTTTTGAAGAATTATTAGCTAACCTAACTAAAAATACACAA

SEQ ID NO. 4603  
STRAIN 090

AAAAGCAGGCTCTAGTGACGTTGACAAATATATTTTACCCAACTGGTTTAGAGCAAGC  
GGTGTAACTATATATACCTTTCTCACCGAATAATATCAGTGAGGATTTAGAGATTATTGCA  
CGAAATGCTTTTCGTCCAGATAACAATGAAGAGTTGGCTTATGTTATGAAAAGGGCTAT  
CATTTTAAACGATATCATGAATTTCTCGGAGATTTATGCGTCAGTTCAGTCTAGGT  
GTAGCTGGGGCACATGGAAAAACCTCAACGACAGGTTTATAGCTCATGTTTAAAAAAT  
ATTACAGACACTTCTTCTAATTTGGAGATGGTACAGGACGTGGTTCTGCTAATGCTAAT  
TACTTTGTGTTTGAAGCTGATGAATACGAACGTCAATTTATGCGGTACCATCCAGAATA  
TCAATTATTACCAATATTGATTTTGACCATCTGATTATTTACAGGCTAGAGGACGTA  
TTCAATGCTTTTAAATGACTATGCTAAGCAAGTTCAAAAAGGTTTATTCATTTATGGAGAA  
GATTCAAACTTCATGAATCACTTCTAAGGCACCAATATATTATTATGTTTGAAGAT  
TCAAAATGATTTTATAGCAAAAGACATCACTCGAAGTGTAAATGGTTCTGACTTTAAGGT  
TTCTATAACCAAGAAATTTGGTCAGTTTATGTACAGCATACGGTAAACATAATATC  
TTAAATGCAACTGCTGTTTATGCTAACCTTTACATAATGGGAATTGATATGGCAATTAGTA  
GCTGAGCATTTTGAAGACATTTTACAGGGGTAAAGCGTCGTTTACTGAGAAGATTATTGAC  
GATACGTGCTATTATGATGACTTTGCTCACCATTCTACTGAGATTATTGCGACATTAGAT  
GCTGCTCGACAAAAATACCCGTCAAAAGAAATTTAGCTATTTTCCAAACCGCATACGTT  
ACTGCTACGATAGCTCTTTTGAAGCAATTTGCCATGCTTGAGTCAAGCGGATAGCGTT  
TATCTTGTCTCAAATATATGGTTCTGCTAGAGAAGTAGATAATGGTGAGGTGAAGGTAGA  
GATTTAGCTGCTAAGATTGTCAAACTCAGATTATGAGCAGTCAAGAAATGCTCGCT  
TTACTCAATCATGATAATGCTGCTATGCTCTTATGGGTGCTGGAGACATTCAATTGTAT  
GAGCGCTCTTTTGAAGAATTATTAGCTAACCTAACTAAAAATACACAA

SEQ ID NO. 4604  
STRAIN H36B

AAAAGCAGGCTCTAGTGACGTTGACAAATATATTTTACTCAACGTGGTTTAGAGCAAGCAGGT  
ATAACTATATATACCTTTCTCACCGAATAATATCAGTGAGGATTTAGAGATTATTGCAAG  
AATGCTTTTCGTCCAGATAACAATGAAGAGTTGGCTTATGTTATGAAAAGGGCTATCAT  
TTTAAACGATATCATGAATTTCTCGGAGATTTATGCGTCAGTTCAGTCTAGGTGTA  
GCTGGGGCACATGGAAAAACCTCAACGACAGGTTTATAGCTCATGTTTAAAAAATAT  
ACAGACACTTCTTCTAATTTGGAGATGGTACAGGACGTGGTTCTGCTAATGCTAATTCA  
TTTGTGTTTGAAGCTGATGAATACGAACGTCAATTTATGCGGTACCATCCAGAATACTCA  
ATTATTACCAATATTGATTTTGACCATCTGATTATTTTACAGGCTAGAGGACGTAATTC  
AATGCTTTTAAATGACTATGCTAAGCAAGTTCAAAAAGGTTTATTCATTTATGGAGAAGAT

Table 46: Comparative Sequences relating to SAG1615 (strain info highlighted in BOLD)

CCAAACTTCATGAAATCACTTCTGAGGCACCAATATATTATTATGGTTTGAAGATTCA  
 AATGATTTTATAGCAAAAGATATCACTCGAAGCTTAAATGGTTCTGACTTTAAGGTTTTC  
 TATAACCAAGAGAAATGGTCACTTTCAGTACCAGCATACGGTAAACATAATATCTTA  
 AATGCAACTGCTGTTATTGCTAACCTTTACATAATGGGAATTGATATGGCATTAGTAGCT  
 GAGCATTGGAAGACATTTTCAGGGGTAAACGCTGTTTACTGAGAAAATTATTGACGAT  
 ACTGTCAATTATTGATGACTTTGCTCACCATCCTACTGAGATTATTGCGACATTAGATGCT  
 GCTCGACAAAATATCCCGTCAAAGAAAATTGTAGCTATTTTCCAACCGCATACGTTCACT  
 CGTACGATAGCTCTTTTAGACGAATTGGCCATGCCTTGAGTCAAGCGGATAGCGTTTAT  
 CTGCTCAAATATATGGTTCTGCTAGAGAAGTAGATAATGGTGAGGTGAAGGTAGAGAT  
 TTAGCTGCTAAGATTGTCAAACACTCAGATTTAGTGACAGTCGAAAATGTCTCGCCTTTA  
 TCAATCATGATAATGCTGTCTATGTCTTTATGGGTGCTGGAGACATTCAATTGTATGAG  
 CGCTCTTTTGAAGAATTATTAGCTAACCTAACTAAAAATACACAA

SEQ ID NO. 4605

STRAIN 18RS21

AAAGCAGGCTCTAGTGACGTTGACAAATATTTTACCACCGTGGTTTAGAGCAAGCA  
 GGTGTAACATATATACCTTTCTCACCGAATAATATCAGTGAGGATTTAGAGATTATTGCA  
 GGAATGCTTTTCGTCAGATAAACAATGAAGAGTTGGCTTATGTTATTGAAAAGGGCTAT  
 CATTTTAAACGATATCATGAATTTCTCGGAGATTATTGCGTCAGTTCACTAGTCTAGGT  
 GTAGCTGGGGCACATGGAAGAAACCTCAACGACAGGTTTATTAGCTCATGTTTAAAAAAT  
 ATTACAGACACTTCTTTCTAATTGGAGATGGTACAGGACGTTGTTCTGCTAATGCTAAT  
 TACTTTGTGTTTGAAGCTGATGAATACGAACGTCATTTTATGCCGTACCATCCAGAATAC  
 TCAATTATTACCAATATTGATTTTGACCATCCTGATTATTTACAGGCTTAGAGGACGTA  
 TTCATGCTTTAATGACTATGCTAAGCAAGTTCAAAAAGGTTTATTCATTTATGGAGAA  
 GATCCAAAACCTTCATGAATCACTTCTGAGGCACCAATATATATTATGGTTTGAAGAT  
 TCAATGATTTTATAGCAAAAGACATCACTCGAAGCTTAAATGGTTCTGACTTTAAGGTT  
 TTTCTATAACCAAGAGAAATTTGGTCAGTTTCATGTACAGCATACGGTAAACATAATATC  
 TTAATGCAACTGCTGTTATTGCTAACCTTTACATAATGGGAATTGATATGGCATTAGTA  
 GTGAGGACATTGGAAGACGTTTTCAGGGGTAAAGCGTCGTTTACTGAGAAGATTATTGAC  
 GATACTGTCTATTATTGATGACTTTGCTCACCATCCTACTGAGATTATTGCGACATTAGAT  
 GCTGCTCGACAAAATATCCCGTCAAAGAAAATTGTAGCTATTTTCCAACCGCATACGTTT  
 ACTCGTACGATAGCTCTTTTAGACGAATTGGCCATGCCTTGAGTCAAGCGGATAGCGTT  
 TATCTCGCTCAAATATATGGTTCTGCTAGAGAAGTAGATAATGGTGAGGTGAAGGTAGAA  
 GATTTAGCTGCTAAGATTGTCAAACACTCAGATTTAGTGACAGTCGAAAATGTCTCGCCT  
 TTAATCAATCATGATAATGCTGTCTATGTCTTTATGGGTGCTGGAGACATTCAATTGTAT  
 GAGCGCTCTTTTGAAGAATTATTAGCTAACCTAACTAAAAATACACAA

SEQ ID NO. 4606

STRAIN M732

AAAGCAGGCTCTAGTGACGTTGACAAATATTTTACCACCGTGGTTTAGAGCAAGCAG  
 GTGTAACATATATACCTTTCTCACCGAATAATATCAGTGAGGATTTAGAGATTATTGCA  
 GAATGCTTTTCGTCAGATAAACAATGAAGAGTTGGCTTATGTTATTGAAAAGGGCTATC  
 ATTTTAAACGATATCATGAATTTCTCGGAGATTATTGCGTCAGTTCACTAGTCTAGGTG  
 TAGCTGGGGCACATGGAAGAAACCTCAACGACAGGTTTATTAGCTCATGTTTAAAAAAT  
 TTACAGACACTTCTTTCTAATTGGAGATGGTACAGGACGTTGTTCTGCTAATGCTAAT  
 ACTTTGTGTTTGAAGCTGATGAATACGAACGTCATTTTATGCCGTACCATCCAGAATAC  
 CAATTATTACCAATATTGATTTTGACCATCCTGATTATTTTACAGGCTTAGAGGACGTA  
 TCAATGCTTTAATGACTATGCTAAGCAAGTTCAAAAAGGTTTATTCATTTATGGAGAA  
 ATCCAAAACCTTCATGAATCACTTCTGAGGCACCAATATATATTATGGTTTGAAGATT  
 CAAATGATTTTATAGCAAAAGACATCACTCGAAGCTTAAATGGTTCTGACTTTAAGGTTT  
 TCTATAACCAAGAGAAATTTGGTCAGTTTCATGTACAGCATACGGTAAACATAATATCT  
 TAAATGCAACTGCTGTTATTGCTAACCTTTACATAATGGGAATTGATATGGCATTAGTAG  
 CTGAGCATTGGAAGACATTTTCAGGGGTAAAGCGTCGTTTACTGAGAAGATTATTGACG  
 ATACTGTCTATTATTGATGACTTTGCTCACCATCCTACTGAGATTATTGCGACATTAGATG  
 CTGCTCGACAAAATATCCCGTCAAAGAAAATTGTAGCTATTTTCCAACCGCATACGTTCA  
 CTGCTACGATAGCTCTTTTAGACGAATTGGCCATGCCTTGAGTCAAGCGGATAGCGTTT  
 ATCTCGCTCAAATATATGGTTCTGCTAGAGAAGTAGATAATGGTGAGGTGAAGGTAGAA  
 ATTAGCTGCTAAGATTGTCAAACACTCAGATTTAGTGACAGTCGAAAATGTCTCGCCT  
 TACTCAATCATGATAATGCTGTCTATGTCTTTATGGGTGCTGGAGACATTCAATTGTATG  
 AGCGCTCTTTTGAAGAATTATTAGCTAACCTAACTAAAAATACACAA

SEQ ID NO. 4607

STRAIN M781

AAAGCAGGCTCTAGTGACGTTGACAAATATTTTACCACCGTGGTTTAGAGCAAGCAG  
 GTGTAACATATATACCTTTCTCACCGAATAATATCAGTGAGGATTTAGAGATTATTGCA  
 GAATGCTTTTCGTCAGATAAACAATGAAGAGTTGGCTTATGTTATTGAAAAGGGCTATC  
 ATTTTAAACGATATCATGAATTTCTCGGAGATTATTGCGTCAGTTCACTAGTCTAGGT  
 GTAGCTGGGGCACATGGAAGAAACCTCAACGACAGGTTTATTAGCTCATGTTTAAAAAAT  
 TATTACAGACACTTCTTTCTAATTGGAGATGGTACAGGACGTTGTTCTGCTAATGCTAAT  
 TTACTTTGTGTTTGAAGCTGATGAATACGAACGTCATTTTATGCCGTACCATCCAGAATA  
 CTCATTTATTACCAATATTGATTTTGACCATCCTGATTATTTTACAGGCTTAGAGGACGTA  
 ATTCATGCTTTAATGACTATGCTAAGCAAGTTCAAAAAGGTTTATTCATTTATGGAGAA  
 AGATCCAAAACCTTCATGAATCACTTCTGAGGCACCAATATATATTATGGTTTGAAGAT  
 TCAATGATTTTATAGCAAAAGACATCACTCGAAGCTTAAATGGTTCTGACTTTAAGGTT  
 TTTCTATAACCAAGAGAAATTTGGTCAGTTTCATGTACAGCATACGGTAAACATAATAT  
 CTTAAATGCAACTGCTGTTATTGCTAACCTTTACATAATGGGAATTGATATGGCATTAGT  
 AGCTGAGCATTGGAAGACATTTTCAGGGGTAAAGCGTCGTTTACTGAGAAGATTATTGA  
 CGATAGCTGTCTATTATTGATGACTTTGCTCACCATCCTACTGAGATTATTGCGACATTAGA  
 TGCTGCTCGACAAAATATCCCGTCAAAGAAAATTGTAGCTATTTTCCAACCGCATACGTT  
 CACTCGTACGATAGCTCTTTTAGACGAATTGGCCATGCCTTGAGTCAAGCGGATAGCGT  
 TTATCTCGCTCAAATATATGGTTCTGCTAGAGAAGTAGATAATGGTGAGGTGAAGGTAGA  
 AGATTAGCTGCTAAGATTGTCAAACACTCAGATTTAGTGACAGTCGAAAATGTCTCGCCT  
 TTAATCAATCATGATAATGCTGTCTATGTCTTTATGGGTGCTGGAGACATTCAATTGTATG

Table 46: Comparative Sequences relating to SAG1615 (strain info highlighted in BOLD)

TGAGCGCTCTTTTGAAGAATTATTAGCTAACCTAACTAAAAATACACAA

SEQ ID NO. 4608

STRAIN CJB110

AAAAAGCAGGCTCTAGTGACGTTGACAAATATATTTTACCCACGTTGGTTTAGAGCAAGCA  
 GGTGTAACATATATACCTTTCTCACCGAATAATATCAGTGAGGATTTAGAGATTATTGCA  
 GGAAATGCTTTTCGTCCAGATAACAAATGAAGAGTTGGCTTATGTTATTGAAAGGGCTAT  
 CATTTTAAACGATATCATGAATTTCTCGGAGATTTTATGCGTCAGTTCACTAGTCTAGGT  
 GTAGCTGGGGCAGATGGAAAAACCTCAACGACAGGTTTATTAGCTCATGTTTAAAAAAT  
 ATTACAGACACTTCTTCTTAATTGGAGATGGTACAGGACGTTGTTCTGCTAATGCTAAT  
 TACTTTGTGTTTGAAGCTGATGAATACGAACGTCATTATTGCGGTACCATCCAGAATAC  
 TCAATTATTACCAATATGATTTTGACCATCTGATATTATTACAGGCCCTAGAGGACGTA  
 TTCATGCTTTTAAATGACTATGCTAAGCAAGTTCAAAAAGGTTTATTCAATTTATGGAGAA  
 GATTCAAACTTTCATGAATCACTTCTAAGGCACCAATATATTATTATGTTTGAAGAT  
 TCAAAATGATTTTATAGCAAAAGACATCACTCGAAGCTTTAATGGTTCTGACTTTAAGGTT  
 TTCTATAACCAAGAAAGAAATTTGGTCAGTTTCACTGTACGACATACGTTAAACATAATATC  
 TTAATGCACTGCTGTTATTGCTAACCTTTACATAATGGGAATGATATGGCATTAGTA  
 GCTGAGCATTTGAAGACATTTTACGGGGTAAACGTCGTTTACTGAGAAGATTATTGAC  
 GATACTGCTATTATTGATGACTTTGCTCACCATCTCTAGAGATTATTGCGACATTAGAT  
 GCTGCTCGACAAAATACCCGTCAAAAGAAATTTAGCTATTTTCAACCGCATACGTTT  
 ACTGCTACGATAGCTCTTTTAGACGATTTTGCCATGCTTTGAGTCAAGCGGATAGCGTT  
 TATCTTGCTCAAAATATATGTTCTGCTAGAGAAGTAGATAAATGGTGAGGTGAAGGTAGAA  
 GATTTAGCTGCTAAGATTGCTCAACACTCAGATTAGTGACAGTCGAAAATGCTCTCGCT  
 TTACTCAATCATGATAATGCTGCTATGCTTTATGGGTGCTGGAGACATTCAATTGTAT  
 GAGCGCTCTTTTGAAGAATTATTAGCTAACCTAACTAAAAATACACAA

SEQ ID NO. 4609

STRAIN JH9130013 (reverse complement)

GTTCAAAAAGCAGGCTCTAGTGACGTTGACAAATATATTTTACTCAACGTTGGTTTAGA  
 GCAAGCAGGTATAATATATACCTTTCTCACCGAATAATATCAGTGAGGATTTAGAGAT  
 TATTGCAAGAAATGCTTTTCGTCCAGATAACAAATGAAGAGTTGGCTTATGTTATTGAAAA  
 GGGCTATCATTTTAAACGATATCATGAATTTCTCGGAGATTTTATGCGTCAGTTCACTAG  
 TCTAGGTGTAGCTGGGCACATGGAAAAACCTCAACGACAGGTTTATTAGCTCATGTTT  
 AAAAAATATTACAGACACTTCTTCTTAATTGGAGATGGTACAGGACGTTGTTCTGCTAA  
 TGCTAATTACTTTGTGTTTGAAGCTGATGAATACGAACGTCATTATTATGCGGTACCATCC  
 AGAATCTCAATTAATTAACCAATATTGATTTTGACCATCTGATTAATTTACAGGCCCTAGA  
 GGACGATTCAATGCTTTTAAATGACTATGCTAAGCAAGTTCAAAAAGGTTTATTCAATTA  
 TGGAGAAGATCCAAACTTTCATGAATCACTTCTGAGGCACCAATATATTATTATGTTT  
 TGAAGATTCAAAATGATTTTATAGCAAAAGATATCACTCGAAGCTTTAATGGTTCTGACTT  
 TAAGGTTTTCTATAACCAAGAAAGAAATTTGGTCAGTTTCACTGACCATACGTTAAACA  
 TAATATCTTAAATGCAACTGCTGTTATTGCTAACCTTTACATAATGGGAATGATATGGC  
 ATTAGTAGCTGAGCATTTTGAAGACATTTTACGGGGTAAACGTCGTTTACTGAGAAAAAT  
 TATTGACGATAGTCTATTATTGATGACTTTGCTCACCATCTCTAGAGATTATTGCGAC  
 ATTAGATGCTGCTCGACAAAATACCCGTCAAAAGAAATTTAGCTATTTTTCAACCGCA  
 TACGTTCACTCGTACGATAGCTCTTTTAGACGAAATTTGCCATGCTTTGAGTCAAGCGGA  
 TAGCGTTTATCTGCTCAAAATATATGTTCTGCTAGAGAAGTAGATAAATGGTGAGGTGAA  
 GGTAGAAGATTTAGCTGCTAAGATTGCTCAACACTCAGATTAGTGACAGTCGAAAATGT  
 CTGCGCTTTACTCAATCATGATAATGCTGCTATGCTTTATGGGTGCTGGAGACATTCA  
 ATTGTATGAGCGCTCTTTTGAAGAATTATTAGCTAACCTAACTAAAAATACACAA

SEQ ID NO. 4610

STRAIN COH1 reverse complement

CAGGCTCTAGTGACGTTGACAAATATATTTTACCCACGTTGGTTTAGAGCAAGCAGGTGTAA  
 CTATATTACCTTTCTCACCGAATAATATCAGTGAGGATTTAGAGATTATTGCAAGAAATG  
 CTTTTCGTCCAGATAACAAATGAAGAGTTGGCTTATGTTATTGAAAGGGCTATCATTTTA  
 AACGATATCATGAATTTCTCGGAGATTTTATGCGTCAGTTCACTAGTCTAGGTGTAGCTG  
 GGGCAGATGGAAAAACCTCAACGACAGGTTTATTAGCTCATGTTTAAAAAATATTACAG  
 ACATCTCTTCTTAATTGGAGATGGTACAGGACGTTGTTCTGCTAATGCTAATTACTTTG  
 TGTTTGAAGCTGATGAATAACGAACGTCATTATTATGCGGTACCATCCAGAATACCTCAATTA  
 TTACCAATATTGATTTTGACCATCTGATTAATTTACAGGCCCTAGAGGACGTTTCAATG  
 CCTTTAATGACTATGCTAAGCAAGTTCAAAAAGGTTTATTCAATTTATGGAGAAGATCCAA  
 AACTTCATGAATCACTTCTGAGGCACCAATATATTATTATGTTTGAAGATTCAAAATG  
 ATTTTATAGCAAAAGACATCACTCGAAGCTTTAATGGTTCTGACTTTAAGGTTTCTATA  
 ACCAAGAAGAAATTTGGTCAGTTTCTGTACAGCATACGGTAAACATAATATCTTAAATG  
 CAACTGCTGTTATTGCTAACCTTTACATAATGGGAATGATATGGCATTAGTAGCTGAGC  
 ATTTGAAGACATTTTACGGGGTAAAGCGTCGTTTACTGAGAAGATTATTGAAGTACTG  
 TCATTATTGATGACTTTGCTCACCATCTCTAGAGATTATTGCGACATTAGATGCTGCTC  
 GACAAAAATACCCGTCAAAAGAAATTTAGTACTATTTTCAACCGCATACGTTCACTGTA  
 CGATAGCTCTTTTAGACGAATTTGCCATGCTTTGAGTCAAGCGGATAGCGTTTATCTG  
 CTCAAAATATATGTTCTGCTAGAGAAGTAGATAAATGGTGAGGTGAAGGTAGAAGATTAG  
 CTGCTAAGATTGTCACCAACTCAGATTAGTGACAGTCGAAAATGCTCTGCGCTTACTCA  
 ATCATGATAATGCTGCTATGCTTTATGGGTGCTGGAGACATTCAATTGTATGAGCGCT  
 CTTTGAAGAATTATTAGCTAACCTAACTAAAAATACACAA

SEQ ID NO. 4611

STRAIN 2603

atgtcaaaaacttatcattttattggtattaaaggatccggaatgagtgccctagcactg  
 atgctcatcaaatgggacataacgtccaaggaagtgcggtgacaaatattatttacc  
 caacggtgttagagcaagcaggtgtaactatattacctttctcaccgaataatcatcagt  
 gaggatttagagattattgcaggaaatgcttttcgtccagataaacaatgaagagttggt  
 tatgtattgaaaagggctcatcaatttaaacgatcatgaattttcggagattttatg  
 cgtcagttcactagctcaggtgtagctggggcacatggaaaaaccccaacgacaggttta  
 ttagctcatgttttaaaaatattacagacactctcttcctaattggagatggtacagga

Table 46: Comparative Sequences relating to SAG1615 (strain info highlighted in BOLD)

cggtgttctgctaataactactttgtgttgaagctgatgaatacgaacgtcatttt  
 atgcccgtaccatccagaataactcaattattaccaatattgatgttgaccatcctgattat  
 ttacaggcttagaggagcgtattcaatgccttaagtactatgctaagcaagttcaaaaa  
 gggtttattcattatggagaagatccaaacttcatgaaatcacttctgaggcacaata  
 tattattatggttttgaagattcaaatgatgttatagcaaaagacatcactcgaactgtt  
 aatgggtctgactttaagggttttctataaccaagaagaattgggtcagtttcatgtacca  
 gcatacgggtaaacataatattcttaaatgcaactgctgttattgctaacccttacaataatg  
 ggaattgatatggcattagtagctgagcatttgaagacgttttcaggggtaaaagcgtcgt  
 ttactgagaagattattgacgatactgtcattattgatgactttgctcaccatcctact  
 gagattattcgacattagatgctgctcgacaaaaataccgctcaaaagaattgttagct  
 attttccaacccgcatacggttcaactcgtacgatactccttttagacgaatttgcccatgcc  
 ttgagtcaagcggatagcgtttatctcgctcaaatatattggttctgctagagaagtagat  
 aatgggtgaggtgaaggtagaagatttagctgtaagattgtcaaacactcagatttagtg  
 acagtcgaaaatgctcgcccttactcaatcatgataatgctgtctatgtcttattgggt  
 gctggagacattcaattgtatgagcgtcctttgaagaattatttagctaaccctaactaaa  
 aatacacia

SEQ ID NO. 4612

STRAIN COH1 reverse complement

CAGGCTCTAGTGACGTTGACAAATATATTTTACCCCAACGTGGTCTTAGAGCAAGCAGGTGTAA  
 CTATATTACCTTTTCTCACCGAATAATATCAGTGAGGATTTAGAGATTATTGCAGGAAATG  
 CTTTTGCTCCAGATAACAATGAAGAGTTGGCTTATGTTATTGAAAAGGGCTATCATTTTA  
 AACGATATCATGAATTTCTCGGAGATTTTATGCGTCAGTTCACTAGTCTAGGTGTAGCTG  
 GGCACATGGAATAACCTCAACGACAGGTTTATTAGCTCATGTTTAAATAATATACAG  
 ACATTTCTTCTCAATGGAGATGGTACAGGACGTGGTCTGCTAATGCTAATTAATTTG  
 TGTGGAAGCTGATGAATACGAACGTCATTTTATGCCGTACCATCCAGAACTACTCAATTA  
 TTACCAATATTGATTTTGACCATCTGATTTATTACAGGCCTAGAGGACGTATTCAATG  
 CCTTTAATGACTATGCTAAGCAAGTTCAAAAAGGTTTATTCAATTATGGAGAAGATCCAA  
 AACTTCATGAAATCACTTCTGAGGCACCAATATATTATTATGGTTTGAAGATTCAAAATG  
 ATTTTATAGCAAAAGACATCACTCGAAGCTGTTAATGGTTCTGACTTTAAGGTTTCTATA  
 ACCAAGAAGAAATGGTCAGTTTCTGTACCAACATACGTTAAACATAATATCTTAAATG  
 CAACTGCTGTTATTGCTAACCTTTACATAATGGCAATGATATGGCATTAGTAGCTGAGC  
 ATTTGAAGACATTTTCAGGGGTAAAGCGTCGTTTACTGAGAAGATTATTGACGATACTG  
 TCATTATTGATGACTTTGCTCACCCTCCTACTGAGATTATTGCGACATTAGATGCTGCTC  
 GACAAAATACCCGCTCAAAAGAAATGTAGCTATTTTCCACCGCATACGTTCACTCGTA  
 CGATAGCTCTTTTAGAGCAATTTGCCCATGCCCTTGAGTCAAGCGGATAGCGTTTATCTCG  
 CTCAAATATATGGTTCTGCTAGAGAAGTAGATAATGGTGAGGTGAAGGTAGAAGATTAG  
 CTGCTAAGATTGTCAAACTCAGATTATTAGTGACAGTCGAAAATGCTCGCCTTTACTCA  
 ATCATGATAATGCTGCTATGCTCTTTATGGGTGCTGGAGACATTCAATGTATGAGCGCT  
 CTTTGAAGAATTATTAGCTAACCTAACCTAAATAACACAA

PRETTY of: /biotmp/msa56524.2{\*} November 26, 2002 08:06 ..  
 PRETTY of: /biotmp/msa253045.2{\*} January 31, 2003 03:51 ..

	1		50
msa253045.2{157_090}	-----	-----	-----
msa253045.2{157_CJB110}	-----	-----	-----
msa253045.2{157_H36B}	-----	-----	-----
msa253045.2{157_JM9130013}	-----	-----	-----
msa253045.2{157_1169NT}	-----	-----	-----
msa253045.2{157_A909}	-----	-----	-----
msa253045.2{157_COH1}	-----	-----	-----
msa253045.2{157_M732}	-----	-----	-----
msa253045.2{157_M781}	-----	-----	-----
msa253045.2{157_18RS21}	-----	-----	-----
msa253045.2{157_2603}	atgtcaaaaa	cttatcattt	tattgggtatt
Consensus	*****	*****	*****
	51		100
msa253045.2{157_090}	-----	-----	-aaagcaggc
msa253045.2{157_CJB110}	-----	-----	-A Aaaagcaggc
msa253045.2{157_H36B}	-----	-----	-Aaaagcaggc
msa253045.2{157_JM9130013}	-----	-----	-GttcaA Aaaagcaggc
msa253045.2{157_1169NT}	-----	-----	-Aaaagcaggc
msa253045.2{157_A909}	-----	-----	-----
msa253045.2{157_COH1}	-----	-----	-----caggc
msa253045.2{157_M732}	-----	-----	-Aaaagcaggc
msa253045.2{157_M781}	-----	-----	-aaagcaggc
msa253045.2{157_18RS21}	-----	-----	-aaagcaggc
msa253045.2{157_2603}	cctagcactg	atgcttcac	aaatGggacA
Consensus	*****	*****	*****
	101		150
msa253045.2{157_090}	tTGACAAATA	TTATTTTACC	CAACGTGGTT
msa253045.2{157_CJB110}	tTGACAAATA	TTATTTTACC	CAACGTGGTT
msa253045.2{157_H36B}	tTGACAAATA	TTATTTTACC	CAACGTGGTT
msa253045.2{157_JM9130013}	tTGACAAATA	TTATTTTACC	CAACGTGGTT
msa253045.2{157_1169NT}	tTGACAAATA	TTATTTTACC	CAACGTGGTT
msa253045.2{157_A909}	-TGACAAATA	TTATTTTACC	CAACGTGGTT
msa253045.2{157_COH1}	tTGACAAATA	TTATTTTACC	CAACGTGGTT
msa253045.2{157_M732}	tTGACAAATA	TTATTTTACC	CAACGTGGTT
msa253045.2{157_M781}	tTGACAAATA	TTATTTTACC	CAACGTGGTT
msa253045.2{157_18RS21}	tTGACAAATA	TTATTTTACC	CAACGTGGTT



Table 46: Comparative Sequences relating to SAG1615 (strain info highlighted in BOLD)

msa253045.2{157_2603}	tTGACAAATA	TTATTTTACc	CAACGTGGTT	TAGAGCAAGC	AGGTgTAACt
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
151					
msa253045.2{157_090}	ATATTACCTT	TCTCACCGAA	TAATATCAGT	GAGGATTAG	AGATTATTGC
msa253045.2{157_CJB110}	ATATTACCTT	TCTCACCGAA	TAATATCAGT	GAGGATTAG	AGATTATTGC
msa253045.2{157_H36B}	ATATTACCTT	TCTCACCGAA	TAATATCAGT	GAGGATTAG	AGATTATTGC
msa253045.2{157_JM9130013}	ATATTACCTT	TCTCACCGAA	TAATATCAGT	GAGGATTAG	AGATTATTGC
msa253045.2{157_1169NT}	ATATTACCTT	TCTCACCGAA	TAATATCAGT	GAGGATTAG	AGATTATTGC
msa253045.2{157_A909}	ATATTACCTT	TCTCACCGAA	TAATATCAGT	GAGGATTAG	AGATTATTGC
msa253045.2{157_COH1}	ATATTACCTT	TCTCACCGAA	TAATATCAGT	GAGGATTAG	AGATTATTGC
msa253045.2{157_M732}	ATATTACCTT	TCTCACCGAA	TAATATCAGT	GAGGATTAG	AGATTATTGC
msa253045.2{157_M781}	ATATTACCTT	TCTCACCGAA	TAATATCAGT	GAGGATTAG	AGATTATTGC
msa253045.2{157_18RS21}	ATATTACCTT	TCTCACCGAA	TAATATCAGT	GAGGATTAG	AGATTATTGC
msa253045.2{157_2603}	ATATTACCTT	TCTCACCGAA	TAATATCAGT	GAGGATTAG	AGATTATTGC
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
201					
msa253045.2{157_090}	AGGAAATGCT	TTTCGTCCAG	ATAACAATGA	AGAGTTGGCT	TATGTTATTG
msa253045.2{157_CJB110}	AGGAAATGCT	TTTCGTCCAG	ATAACAATGA	AGAGTTGGCT	TATGTTATTG
msa253045.2{157_H36B}	AGGAAATGCT	TTTCGTCCAG	ATAACAATGA	AGAGTTGGCT	TATGTTATTG
msa253045.2{157_JM9130013}	AGGAAATGCT	TTTCGTCCAG	ATAACAATGA	AGAGTTGGCT	TATGTTATTG
msa253045.2{157_1169NT}	AGGAAATGCT	TTTCGTCCAG	ATAACAATGA	AGAGTTGGCT	TATGTTATTG
msa253045.2{157_A909}	AGGAAATGCT	TTTCGTCCAG	ATAACAATGA	AGAGTTGGCT	TATGTTATTG
msa253045.2{157_COH1}	AGGAAATGCT	TTTCGTCCAG	ATAACAATGA	AGAGTTGGCT	TATGTTATTG
msa253045.2{157_M732}	AGGAAATGCT	TTTCGTCCAG	ATAACAATGA	AGAGTTGGCT	TATGTTATTG
msa253045.2{157_M781}	AGGAAATGCT	TTTCGTCCAG	ATAACAATGA	AGAGTTGGCT	TATGTTATTG
msa253045.2{157_18RS21}	AGGAAATGCT	TTTCGTCCAG	ATAACAATGA	AGAGTTGGCT	TATGTTATTG
msa253045.2{157_2603}	AGGAAATGCT	TTTCGTCCAG	ATAACAATGA	AGAGTTGGCT	TATGTTATTG
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
251					
msa253045.2{157_090}	AAAAGGGCTA	TCATTTTAAA	CGATATCATG	AATTTCTCGG	AGATTTTATG
msa253045.2{157_CJB110}	AAAAGGGCTA	TCATTTTAAA	CGATATCATG	AATTTCTCGG	AGATTTTATG
msa253045.2{157_H36B}	AAAAGGGCTA	TCATTTTAAA	CGATATCATG	AATTTCTCGG	AGATTTTATG
msa253045.2{157_JM9130013}	AAAAGGGCTA	TCATTTTAAA	CGATATCATG	AATTTCTCGG	AGATTTTATG
msa253045.2{157_1169NT}	AAAAGGGCTA	TCATTTTAAA	CGATATCATG	AATTTCTCGG	AGATTTTATG
msa253045.2{157_A909}	AAAAGGGCTA	TCATTTTAAA	CGATATCATG	AATTTCTCGG	AGATTTTATG
msa253045.2{157_COH1}	AAAAGGGCTA	TCATTTTAAA	CGATATCATG	AATTTCTCGG	AGATTTTATG
msa253045.2{157_M732}	AAAAGGGCTA	TCATTTTAAA	CGATATCATG	AATTTCTCGG	AGATTTTATG
msa253045.2{157_M781}	AAAAGGGCTA	TCATTTTAAA	CGATATCATG	AATTTCTCGG	AGATTTTATG
msa253045.2{157_18RS21}	AAAAGGGCTA	TCATTTTAAA	CGATATCATG	AATTTCTCGG	AGATTTTATG
msa253045.2{157_2603}	AAAAGGGCTA	TCATTTTAAA	CGATATCATG	AATTTCTCGG	AGATTTTATG
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
301					
msa253045.2{157_090}	CGTCAGTTCA	CTAGTCTAGG	TGTAGCTGGG	GCACATGGAA	AAACCTCAAC
msa253045.2{157_CJB110}	CGTCAGTTCA	CTAGTCTAGG	TGTAGCTGGG	GCACATGGAA	AAACCTCAAC
msa253045.2{157_H36B}	CGTCAGTTCA	CTAGTCTAGG	TGTAGCTGGG	GCACATGGAA	AAACCTCAAC
msa253045.2{157_JM9130013}	CGTCAGTTCA	CTAGTCTAGG	TGTAGCTGGG	GCACATGGAA	AAACCTCAAC
msa253045.2{157_1169NT}	CGTCAGTTCA	CTAGTCTAGG	TGTAGCTGGG	GCACATGGAA	AAACCTCAAC
msa253045.2{157_A909}	CGTCAGTTCA	CTAGTCTAGG	TGTAGCTGGG	GCACATGGAA	AAACCTCAAC
msa253045.2{157_COH1}	CGTCAGTTCA	CTAGTCTAGG	TGTAGCTGGG	GCACATGGAA	AAACCTCAAC
msa253045.2{157_M732}	CGTCAGTTCA	CTAGTCTAGG	TGTAGCTGGG	GCACATGGAA	AAACCTCAAC
msa253045.2{157_M781}	CGTCAGTTCA	CTAGTCTAGG	TGTAGCTGGG	GCACATGGAA	AAACCTCAAC
msa253045.2{157_18RS21}	CGTCAGTTCA	CTAGTCTAGG	TGTAGCTGGG	GCACATGGAA	AAACCTCAAC
msa253045.2{157_2603}	CGTCAGTTCA	CTAGTCTAGG	TGTAGCTGGG	GCACATGGAA	AAACCTCAAC
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
351					
msa253045.2{157_090}	GACAGGTTTA	TTAGCTCATG	TTTTAAAAAA	TATTACAGAC	ACTTCTTTCC
msa253045.2{157_CJB110}	GACAGGTTTA	TTAGCTCATG	TTTTAAAAAA	TATTACAGAC	ACTTCTTTCC
msa253045.2{157_H36B}	GACAGGTTTA	TTAGCTCATG	TTTTAAAAAA	TATTACAGAC	ACTTCTTTCC
msa253045.2{157_JM9130013}	GACAGGTTTA	TTAGCTCATG	TTTTAAAAAA	TATTACAGAC	ACTTCTTTCC
msa253045.2{157_1169NT}	GACAGGTTTA	TTAGCTCATG	TTTTAAAAAA	TATTACAGAC	ACTTCTTTCC
msa253045.2{157_A909}	GACAGGTTTA	TTAGCTCATG	TTTTAAAAAA	TATTACAGAC	ACTTCTTTCC
msa253045.2{157_COH1}	GACAGGTTTA	TTAGCTCATG	TTTTAAAAAA	TATTACAGAC	ACTTCTTTCC
msa253045.2{157_M732}	GACAGGTTTA	TTAGCTCATG	TTTTAAAAAA	TATTACAGAC	ACTTCTTTCC
msa253045.2{157_M781}	GACAGGTTTA	TTAGCTCATG	TTTTAAAAAA	TATTACAGAC	ACTTCTTTCC
msa253045.2{157_18RS21}	GACAGGTTTA	TTAGCTCATG	TTTTAAAAAA	TATTACAGAC	ACTTCTTTCC
msa253045.2{157_2603}	GACAGGTTTA	TTAGCTCATG	TTTTAAAAAA	TATTACAGAC	ACTTCTTTCC
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
401					
msa253045.2{157_090}	TAATTGGAGA	TGGTACAGGA	CGTGGTTCTG	CTAATGCTAA	TTACTTTGTG
msa253045.2{157_CJB110}	TAATTGGAGA	TGGTACAGGA	CGTGGTTCTG	CTAATGCTAA	TTACTTTGTG
msa253045.2{157_H36B}	TAATTGGAGA	TGGTACAGGA	CGTGGTTCTG	CTAATGCTAA	TTACTTTGTG
msa253045.2{157_JM9130013}	TAATTGGAGA	TGGTACAGGA	CGTGGTTCTG	CTAATGCTAA	TTACTTTGTG
msa253045.2{157_1169NT}	TAATTGGAGA	TGGTACAGGA	CGTGGTTCTG	CTAATGCTAA	TTACTTTGTG
msa253045.2{157_A909}	TAATTGGAGA	TGGTACAGGA	CGTGGTTCTG	CTAATGCTAA	TTACTTTGTG
msa253045.2{157_COH1}	TAATTGGAGA	TGGTACAGGA	CGTGGTTCTG	CTAATGCTAA	TTACTTTGTG
msa253045.2{157_M732}	TAATTGGAGA	TGGTACAGGA	CGTGGTTCTG	CTAATGCTAA	TTACTTTGTG
msa253045.2{157_M781}	TAATTGGAGA	TGGTACAGGA	CGTGGTTCTG	CTAATGCTAA	TTACTTTGTG

Table 46: Comparative Sequences relating to SAG1615 (strain info highlighted in BOLD)

msa253045.2{157_18RS21}	TAATTGGAGA	TGGTACAGGA	CGTGGTCTG	CTAATGCTAA	TTACTTTGTG		
msa253045.2{157_2603}	TAATTGGAGA	TGGTACAGGA	CGTGGTCTG	CTAATGCTAA	TTACTTTGTG		
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****		
msa253045.2{157_090}	451	TTTGAAGCTG	ATGAATACGA	ACGTCATTTT	ATGCCGTACC	ATCCAGAATA	500
msa253045.2{157_CJB110}	TTTGAAGCTG	ATGAATACGA	ACGTCATTTT	ATGCCGTACC	ATCCAGAATA		
msa253045.2{157_H36B}	TTTGAAGCTG	ATGAATACGA	ACGTCATTTT	ATGCCGTACC	ATCCAGAATA		
msa253045.2{157_JM9130013}	TTTGAAGCTG	ATGAATACGA	ACGTCATTTT	ATGCCGTACC	ATCCAGAATA		
msa253045.2{157_1169NT}	TTTGAAGCTG	ATGAATACGA	ACGTCATTTT	ATGCCGTACC	ATCCAGAATA		
msa253045.2{157_A909}	TTTGAAGCTG	ATGAATACGA	ACGTCATTTT	ATGCCGTACC	ATCCAGAATA		
msa253045.2{157_COH1}	TTTGAAGCTG	ATGAATACGA	ACGTCATTTT	ATGCCGTACC	ATCCAGAATA		
msa253045.2{157_M732}	TTTGAAGCTG	ATGAATACGA	ACGTCATTTT	ATGCCGTACC	ATCCAGAATA		
msa253045.2{157_M781}	TTTGAAGCTG	ATGAATACGA	ACGTCATTTT	ATGCCGTACC	ATCCAGAATA		
msa253045.2{157_18RS21}	TTTGAAGCTG	ATGAATACGA	ACGTCATTTT	ATGCCGTACC	ATCCAGAATA		
msa253045.2{157_2603}	TTTGAAGCTG	ATGAATACGA	ACGTCATTTT	ATGCCGTACC	ATCCAGAATA		
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****		
msa253045.2{157_090}	501	CTCAATTATT	ACCAATATTG	ATTTTGACCA	TCCTGATTAT	TTTACAGGCc	550
msa253045.2{157_CJB110}	CTCAATTATT	ACCAATATTG	ATTTTGACCA	TCCTGATTAT	TTTACAGGCc		
msa253045.2{157_H36B}	CTCAATTATT	ACCAATATTG	ATTTTGACCA	TCCTGATTAT	TTTACAGGCc		
msa253045.2{157_JM9130013}	CTCAATTATT	ACCAATATTG	ATTTTGACCA	TCCTGATTAT	TTTACAGGCc		
msa253045.2{157_1169NT}	CTCAATTATT	ACCAATATTG	ATTTTGACCA	TCCTGATTAT	TTTACAGGCc		
msa253045.2{157_A909}	CTCAATTATT	ACCAATATTG	ATTTTGACCA	TCCTGATTAT	TTTACAGGCc		
msa253045.2{157_COH1}	CTCAATTATT	ACCAATATTG	ATTTTGACCA	TCCTGATTAT	TTTACAGGCc		
msa253045.2{157_M732}	CTCAATTATT	ACCAATATTG	ATTTTGACCA	TCCTGATTAT	TTTACAGGCc		
msa253045.2{157_M781}	CTCAATTATT	ACCAATATTG	ATTTTGACCA	TCCTGATTAT	TTTACAGGCc		
msa253045.2{157_18RS21}	CTCAATTATT	ACCAATATTG	ATTTTGACCA	TCCTGATTAT	TTTACAGGCc		
msa253045.2{157_2603}	CTCAATTATT	ACCAATATTG	ATTTTGACCA	TCCTGATTAT	TTTACAGGCc		
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****		
msa253045.2{157_090}	551	TAGAGGACGT	ATTCAATGCT	TTTAATGACT	ATGCTAAGCA	AGTTCAAAAA	600
msa253045.2{157_CJB110}	TAGAGGACGT	ATTCAATGCT	TTTAATGACT	ATGCTAAGCA	AGTTCAAAAA		
msa253045.2{157_H36B}	TAGAGGACGT	ATTCAATGCT	TTTAATGACT	ATGCTAAGCA	AGTTCAAAAA		
msa253045.2{157_JM9130013}	TAGAGGACGT	ATTCAATGCT	TTTAATGACT	ATGCTAAGCA	AGTTCAAAAA		
msa253045.2{157_1169NT}	TAGAGGACGT	ATTCAATGCT	TTTAATGACT	ATGCTAAGCA	AGTTCAAAAA		
msa253045.2{157_A909}	TAGAGGACGT	ATTCAATGCT	TTTAATGACT	ATGCTAAGCA	AGTTCAAAAA		
msa253045.2{157_COH1}	TAGAGGACGT	ATTCAATGCT	TTTAATGACT	ATGCTAAGCA	AGTTCAAAAA		
msa253045.2{157_M732}	TAGAGGACGT	ATTCAATGCT	TTTAATGACT	ATGCTAAGCA	AGTTCAAAAA		
msa253045.2{157_M781}	TAGAGGACGT	ATTCAATGCT	TTTAATGACT	ATGCTAAGCA	AGTTCAAAAA		
msa253045.2{157_18RS21}	TAGAGGACGT	ATTCAATGCT	TTTAATGACT	ATGCTAAGCA	AGTTCAAAAA		
msa253045.2{157_2603}	TAGAGGACGT	ATTCAATGCT	TTTAATGACT	ATGCTAAGCA	AGTTCAAAAA		
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****		
msa253045.2{157_090}	601	GGTTTATTCA	TTTATGGAGA	AGATcCAAAA	CTTCATGAAA	TCACTTCTgA	650
msa253045.2{157_CJB110}	GGTTTATTCA	TTTATGGAGA	AGATcCAAAA	CTTCATGAAA	TCACTTCTgA		
msa253045.2{157_H36B}	GGTTTATTCA	TTTATGGAGA	AGATcCAAAA	CTTCATGAAA	TCACTTCTgA		
msa253045.2{157_JM9130013}	GGTTTATTCA	TTTATGGAGA	AGATcCAAAA	CTTCATGAAA	TCACTTCTgA		
msa253045.2{157_1169NT}	GGTTTATTCA	TTTATGGAGA	AGATcCAAAA	CTTCATGAAA	TCACTTCTgA		
msa253045.2{157_A909}	GGTTTATTCA	TTTATGGAGA	AGATcCAAAA	CTTCATGAAA	TCACTTCTgA		
msa253045.2{157_COH1}	GGTTTATTCA	TTTATGGAGA	AGATcCAAAA	CTTCATGAAA	TCACTTCTgA		
msa253045.2{157_M732}	GGTTTATTCA	TTTATGGAGA	AGATcCAAAA	CTTCATGAAA	TCACTTCTgA		
msa253045.2{157_M781}	GGTTTATTCA	TTTATGGAGA	AGATcCAAAA	CTTCATGAAA	TCACTTCTgA		
msa253045.2{157_18RS21}	GGTTTATTCA	TTTATGGAGA	AGATcCAAAA	CTTCATGAAA	TCACTTCTgA		
msa253045.2{157_2603}	GGTTTATTCA	TTTATGGAGA	AGATcCAAAA	CTTCATGAAA	TCACTTCTgA		
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****		
msa253045.2{157_090}	651	GGCACCATA	TATTATTATG	GTTTGAAGA	TTCAAATGAT	TTTATAGCAA	700
msa253045.2{157_CJB110}	GGCACCATA	TATTATTATG	GTTTGAAGA	TTCAAATGAT	TTTATAGCAA		
msa253045.2{157_H36B}	GGCACCATA	TATTATTATG	GTTTGAAGA	TTCAAATGAT	TTTATAGCAA		
msa253045.2{157_JM9130013}	GGCACCATA	TATTATTATG	GTTTGAAGA	TTCAAATGAT	TTTATAGCAA		
msa253045.2{157_1169NT}	GGCACCATA	TATTATTATG	GTTTGAAGA	TTCAAATGAT	TTTATAGCAA		
msa253045.2{157_A909}	GGCACCATA	TATTATTATG	GTTTGAAGA	TTCAAATGAT	TTTATAGCAA		
msa253045.2{157_COH1}	GGCACCATA	TATTATTATG	GTTTGAAGA	TTCAAATGAT	TTTATAGCAA		
msa253045.2{157_M732}	GGCACCATA	TATTATTATG	GTTTGAAGA	TTCAAATGAT	TTTATAGCAA		
msa253045.2{157_M781}	GGCACCATA	TATTATTATG	GTTTGAAGA	TTCAAATGAT	TTTATAGCAA		
msa253045.2{157_18RS21}	GGCACCATA	TATTATTATG	GTTTGAAGA	TTCAAATGAT	TTTATAGCAA		
msa253045.2{157_2603}	GGCACCATA	TATTATTATG	GTTTGAAGA	TTCAAATGAT	TTTATAGCAA		
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****		
msa253045.2{157_090}	701	AAGAcATCAC	TCGAACGTGT	AATGGTCTG	ACTTTAAGGT	TTTCTATAAC	750
msa253045.2{157_CJB110}	AAGAcATCAC	TCGAACGTGT	AATGGTCTG	ACTTTAAGGT	TTTCTATAAC		
msa253045.2{157_H36B}	AAGAcATCAC	TCGAACGTGT	AATGGTCTG	ACTTTAAGGT	TTTCTATAAC		
msa253045.2{157_JM9130013}	AAGAcATCAC	TCGAACGTGT	AATGGTCTG	ACTTTAAGGT	TTTCTATAAC		
msa253045.2{157_1169NT}	AAGAcATCAC	TCGAACGTGT	AATGGTCTG	ACTTTAAGGT	TTTCTATAAC		
msa253045.2{157_A909}	AAGAcATCAC	TCGAACGTGT	AATGGTCTG	ACTTTAAGGT	TTTCTATAAC		
msa253045.2{157_COH1}	AAGAcATCAC	TCGAACGTGT	AATGGTCTG	ACTTTAAGGT	TTTCTATAAC		
msa253045.2{157_M732}	AAGAcATCAC	TCGAACGTGT	AATGGTCTG	ACTTTAAGGT	TTTCTATAAC		

Table 46: Comparative Sequences relating to SAG1615 (strain info highlighted in BOLD)

msa253045.2{157_M781}	AAGACATCAC	TCGAACCTGTT	AATGGTTCCTG	ACTTTAAGGT	TTTCTATAAC
msa253045.2{157_18RS21}	AAGACATCAC	TCGAACCTGTT	AATGGTTCCTG	ACTTTAAGGT	TTTCTATAAC
msa253045.2{157_2603}	AAGACATCAC	TCGAACCTGTT	AATGGTTCCTG	ACTTTAAGGT	TTTCTATAAC
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa253045.2{157_090}	CAAGAAGAAA	TTGGTCAGTT	TCATGTACCA	GCATACGGTA	AACATAATAT
msa253045.2{157_CJB110}	CAAGAAGAAA	TTGGTCAGTT	TCATGTACCA	GCATACGGTA	AACATAATAT
msa253045.2{157_H36B}	CAAGAAGAAA	TTGGTCAGTT	TCATGTACCA	GCATACGGTA	AACATAATAT
msa253045.2{157_JM9130013}	CAAGAAGAAA	TTGGTCAGTT	TCATGTACCA	GCATACGGTA	AACATAATAT
msa253045.2{157_1169NT}	CAAGAAGAAA	TTGGTCAGTT	TCATGTACCA	GCATACGGTA	AACATAATAT
msa253045.2{157_A909}	CAAGAAGAAA	TTGGTCAGTT	TCATGTACCA	GCATACGGTA	AACATAATAT
msa253045.2{157_COH1}	CAAGAAGAAA	TTGGTCAGTT	TCATGTACCA	GCATACGGTA	AACATAATAT
msa253045.2{157_M732}	CAAGAAGAAA	TTGGTCAGTT	TCATGTACCA	GCATACGGTA	AACATAATAT
msa253045.2{157_M781}	CAAGAAGAAA	TTGGTCAGTT	TCATGTACCA	GCATACGGTA	AACATAATAT
msa253045.2{157_18RS21}	CAAGAAGAAA	TTGGTCAGTT	TCATGTACCA	GCATACGGTA	AACATAATAT
msa253045.2{157_2603}	CAAGAAGAAA	TTGGTCAGTT	TCATGTACCA	GCATACGGTA	AACATAATAT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa253045.2{157_090}	CTTAAATGCA	ACTGCTGTTA	TTGCTAACCT	TTACATAATG	GGAATTGATA
msa253045.2{157_CJB110}	CTTAAATGCA	ACTGCTGTTA	TTGCTAACCT	TTACATAATG	GGAATTGATA
msa253045.2{157_H36B}	CTTAAATGCA	ACTGCTGTTA	TTGCTAACCT	TTACATAATG	GGAATTGATA
msa253045.2{157_JM9130013}	CTTAAATGCA	ACTGCTGTTA	TTGCTAACCT	TTACATAATG	GGAATTGATA
msa253045.2{157_1169NT}	CTTAAATGCA	ACTGCTGTTA	TTGCTAACCT	TTACATAATG	GGAATTGATA
msa253045.2{157_A909}	CTTAAATGCA	ACTGCTGTTA	TTGCTAACCT	TTACATAATG	GGAATTGATA
msa253045.2{157_COH1}	CTTAAATGCA	ACTGCTGTTA	TTGCTAACCT	TTACATAATG	GGAATTGATA
msa253045.2{157_M732}	CTTAAATGCA	ACTGCTGTTA	TTGCTAACCT	TTACATAATG	GGAATTGATA
msa253045.2{157_M781}	CTTAAATGCA	ACTGCTGTTA	TTGCTAACCT	TTACATAATG	GGAATTGATA
msa253045.2{157_18RS21}	CTTAAATGCA	ACTGCTGTTA	TTGCTAACCT	TTACATAATG	GGAATTGATA
msa253045.2{157_2603}	CTTAAATGCA	ACTGCTGTTA	TTGCTAACCT	TTACATAATG	GGAATTGATA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa253045.2{157_090}	TGGCATTAGT	AGCTGAGCAT	TTGAAGACaT	TTTCAGGGGT	AAAaCGTCGT
msa253045.2{157_CJB110}	TGGCATTAGT	AGCTGAGCAT	TTGAAGACaT	TTTCAGGGGT	AAAaCGTCGT
msa253045.2{157_H36B}	TGGCATTAGT	AGCTGAGCAT	TTGAAGACaT	TTTCAGGGGT	AAAaCGTCGT
msa253045.2{157_JM9130013}	TGGCATTAGT	AGCTGAGCAT	TTGAAGACaT	TTTCAGGGGT	AAAaCGTCGT
msa253045.2{157_1169NT}	TGGCATTAGT	AGCTGAGCAT	TTGAAGACaT	TTTCAGGGGT	AAAaCGTCGT
msa253045.2{157_A909}	TGGCATTAGT	AGCTGAGCAT	TTGAAGACaT	TTTCAGGGGT	AAAaCGTCGT
msa253045.2{157_COH1}	TGGCATTAGT	AGCTGAGCAT	TTGAAGACaT	TTTCAGGGGT	AAAaCGTCGT
msa253045.2{157_M732}	TGGCATTAGT	AGCTGAGCAT	TTGAAGACaT	TTTCAGGGGT	AAAaCGTCGT
msa253045.2{157_M781}	TGGCATTAGT	AGCTGAGCAT	TTGAAGACaT	TTTCAGGGGT	AAAaCGTCGT
msa253045.2{157_18RS21}	TGGCATTAGT	AGCTGAGCAT	TTGAAGACaT	TTTCAGGGGT	AAAaCGTCGT
msa253045.2{157_2603}	TGGCATTAGT	AGCTGAGCAT	TTGAAGACaT	TTTCAGGGGT	AAAaCGTCGT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa253045.2{157_090}	TTTACTGAGA	AgATTATTGA	CGATACTGTC	ATTATTGATG	ACTTTGCTCA
msa253045.2{157_CJB110}	TTTACTGAGA	AgATTATTGA	CGATACTGTC	ATTATTGATG	ACTTTGCTCA
msa253045.2{157_H36B}	TTTACTGAGA	AaATTATTGA	CGATACTGTC	ATTATTGATG	ACTTTGCTCA
msa253045.2{157_JM9130013}	TTTACTGAGA	AaATTATTGA	CGATACTGTC	ATTATTGATG	ACTTTGCTCA
msa253045.2{157_1169NT}	TTTACTGAGA	AgATTATTGA	CGATACTGTC	ATTATTGATG	ACTTTGCTCA
msa253045.2{157_A909}	TTTACTGAGA	AgATTATTGA	CGATACTGTC	ATTATTGATG	ACTTTGCTCA
msa253045.2{157_COH1}	TTTACTGAGA	AgATTATTGA	CGATACTGTC	ATTATTGATG	ACTTTGCTCA
msa253045.2{157_M732}	TTTACTGAGA	AgATTATTGA	CGATACTGTC	ATTATTGATG	ACTTTGCTCA
msa253045.2{157_M781}	TTTACTGAGA	AgATTATTGA	CGATACTGTC	ATTATTGATG	ACTTTGCTCA
msa253045.2{157_18RS21}	TTTACTGAGA	AgATTATTGA	CGATACTGTC	ATTATTGATG	ACTTTGCTCA
msa253045.2{157_2603}	TTTACTGAGA	AgATTATTGA	CGATACTGTC	ATTATTGATG	ACTTTGCTCA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa253045.2{157_090}	CCATCCTACT	GAGATTATTG	CGACATTAGA	TGCTGCTCGA	CAAAAATACC
msa253045.2{157_CJB110}	CCATCCTACT	GAGATTATTG	CGACATTAGA	TGCTGCTCGA	CAAAAATACC
msa253045.2{157_H36B}	CCATCCTACT	GAGATTATTG	CGACATTAGA	TGCTGCTCGA	CAAAAATACC
msa253045.2{157_JM9130013}	CCATCCTACT	GAGATTATTG	CGACATTAGA	TGCTGCTCGA	CAAAAATACC
msa253045.2{157_1169NT}	CCATCCTACT	GAGATTATTG	CGACATTAGA	TGCTGCTCGA	CAAAAATACC
msa253045.2{157_A909}	CCATCCTACT	GAGATTATTG	CGACATTAGA	TGCTGCTCGA	CAAAAATACC
msa253045.2{157_COH1}	CCATCCTACT	GAGATTATTG	CGACATTAGA	TGCTGCTCGA	CAAAAATACC
msa253045.2{157_M732}	CCATCCTACT	GAGATTATTG	CGACATTAGA	TGCTGCTCGA	CAAAAATACC
msa253045.2{157_M781}	CCATCCTACT	GAGATTATTG	CGACATTAGA	TGCTGCTCGA	CAAAAATACC
msa253045.2{157_18RS21}	CCATCCTACT	GAGATTATTG	CGACATTAGA	TGCTGCTCGA	CAAAAATACC
msa253045.2{157_2603}	CCATCCTACT	GAGATTATTG	CGACATTAGA	TGCTGCTCGA	CAAAAATACC
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa253045.2{157_090}	CGTCAAAAGA	AATTGTAGCT	ATTTTCCAAC	CGCATACGTT	CACCTCGTACG
msa253045.2{157_CJB110}	CGTCAAAAGA	AATTGTAGCT	ATTTTCCAAC	CGCATACGTT	CACCTCGTACG
msa253045.2{157_H36B}	CGTCAAAAGA	AATTGTAGCT	ATTTTCCAAC	CGCATACGTT	CACCTCGTACG
msa253045.2{157_JM9130013}	CGTCAAAAGA	AATTGTAGCT	ATTTTCCAAC	CGCATACGTT	CACCTCGTACG
msa253045.2{157_1169NT}	CGTCAAAAGA	AATTGTAGCT	ATTTTCCAAC	CGCATACGTT	CACCTCGTACG
msa253045.2{157_A909}	CGTCAAAAGA	AATTGTAGCT	ATTTTCCAAC	CGCATACGTT	CACCTCGTACG
msa253045.2{157_COH1}	CGTCAAAAGA	AATTGTAGCT	ATTTTCCAAC	CGCATACGTT	CACCTCGTACG

Table 46: Comparative Sequences relating to SAG1615 (strain info highlighted in BOLD)

msa253045.2{157_M732}	CGTCAAAAGA AATTGTAGCT ATTTTCCAAC CGCATACGTT CACTCGTACG
msa253045.2{157_M781}	CGTCAAAAGA AATTGTAGCT ATTTTCCAAC CGCATACGTT CACTCGTACG
msa253045.2{157_18RS21}	CGTCAAAAGA AATTGTAGCT ATTTTCCAAC CGCATACGTT CACTCGTACG
msa253045.2{157_2603}	CGTCAAAAGA AATTGTAGCT ATTTTCCAAC CGCATACGTT CACTCGTACG
Consensus	*****
msa253045.2{157_090}	1051 ATAGCTCTTT TAGACGATTT TGCCCATGCT TTGAGTCAAG CGGATAGCGT
msa253045.2{157_CJB110}	ATAGCTCTTT TAGACGATTT TGCCCATGCT TTGAGTCAAG CGGATAGCGT
msa253045.2{157_H36B}	ATAGCTCTTT TAGACGAAAT TGCCCATGCT TTGAGTCAAG CGGATAGCGT
msa253045.2{157_JM9130013}	ATAGCTCTTT TAGACGAAAT TGCCCATGCT TTGAGTCAAG CGGATAGCGT
msa253045.2{157_1169NT}	ATAGCTCTTT TAGACGAAAT TGCCCATGCT TTGAGTCAAG CGGATAGCGT
msa253045.2{157_A909}	ATAGCTCTTT TAGACGAAAT TGCCCATGCT TTGAGTCAAG CGGATAGCGT
msa253045.2{157_COH1}	ATAGCTCTTT TAGACGAAAT TGCCCATGCT TTGAGTCAAG CGGATAGCGT
msa253045.2{157_M732}	ATAGCTCTTT TAGACGAAAT TGCCCATGCT TTGAGTCAAG CGGATAGCGT
msa253045.2{157_M781}	ATAGCTCTTT TAGACGAAAT TGCCCATGCT TTGAGTCAAG CGGATAGCGT
msa253045.2{157_18RS21}	ATAGCTCTTT TAGACGAAAT TGCCCATGCT TTGAGTCAAG CGGATAGCGT
msa253045.2{157_2603}	ATAGCTCTTT TAGACGAAAT TGCCCATGCT TTGAGTCAAG CGGATAGCGT
Consensus	*****
msa253045.2{157_090}	1101 TTATCTCGCT CAAATATATG GTTCTGCTAG AGAAGTAGAT AATGGTGAGG
msa253045.2{157_CJB110}	TTATCTCGCT CAAATATATG GTTCTGCTAG AGAAGTAGAT AATGGTGAGG
msa253045.2{157_H36B}	TTATCTCGCT CAAATATATG GTTCTGCTAG AGAAGTAGAT AATGGTGAGG
msa253045.2{157_JM9130013}	TTATCTCGCT CAAATATATG GTTCTGCTAG AGAAGTAGAT AATGGTGAGG
msa253045.2{157_1169NT}	TTATCTCGCT CAAATATATG GTTCTGCTAG AGAAGTAGAT AATGGTGAGG
msa253045.2{157_A909}	TTATCTCGCT CAAATATATG GTTCTGCTAG AGAAGTAGAT AATGGTGAGG
msa253045.2{157_COH1}	TTATCTCGCT CAAATATATG GTTCTGCTAG AGAAGTAGAT AATGGTGAGG
msa253045.2{157_M732}	TTATCTCGCT CAAATATATG GTTCTGCTAG AGAAGTAGAT AATGGTGAGG
msa253045.2{157_M781}	TTATCTCGCT CAAATATATG GTTCTGCTAG AGAAGTAGAT AATGGTGAGG
msa253045.2{157_18RS21}	TTATCTCGCT CAAATATATG GTTCTGCTAG AGAAGTAGAT AATGGTGAGG
msa253045.2{157_2603}	TTATCTCGCT CAAATATATG GTTCTGCTAG AGAAGTAGAT AATGGTGAGG
Consensus	*****
msa253045.2{157_090}	1151 TGAAGGTAGA AGATTTAGCT GCTAAGATTG TCRAACACTC AGATTTAGTG
msa253045.2{157_CJB110}	TGAAGGTAGA AGATTTAGCT GCTAAGATTG TCRAACACTC AGATTTAGTG
msa253045.2{157_H36B}	TGAAGGTAGA AGATTTAGCT GCTAAGATTG TCRAACACTC AGATTTAGTG
msa253045.2{157_JM9130013}	TGAAGGTAGA AGATTTAGCT GCTAAGATTG TCRAACACTC AGATTTAGTG
msa253045.2{157_1169NT}	TGAAGGTAGA AGATTTAGCT GCTAAGATTG TCRAACACTC AGATTTAGTG
msa253045.2{157_A909}	TGAAGGTAGA AGATTTAGCT GCTAAGATTG TCRAACACTC AGATTTAGTG
msa253045.2{157_COH1}	TGAAGGTAGA AGATTTAGCT GCTAAGATTG TCRAACACTC AGATTTAGTG
msa253045.2{157_M732}	TGAAGGTAGA AGATTTAGCT GCTAAGATTG TCRAACACTC AGATTTAGTG
msa253045.2{157_M781}	TGAAGGTAGA AGATTTAGCT GCTAAGATTG TCRAACACTC AGATTTAGTG
msa253045.2{157_18RS21}	TGAAGGTAGA AGATTTAGCT GCTAAGATTG TCRAACACTC AGATTTAGTG
msa253045.2{157_2603}	TGAAGGTAGA AGATTTAGCT GCTAAGATTG TCRAACACTC AGATTTAGTG
Consensus	*****
msa253045.2{157_090}	1201 ACAGTCGAAA ATGTCTCGCC TTTACTCAAT CATGATAATG CTGTCTATGT
msa253045.2{157_CJB110}	ACAGTCGAAA ATGTCTCGCC TTTACTCAAT CATGATAATG CTGTCTATGT
msa253045.2{157_H36B}	ACAGTCGAAA ATGTCTCGCC TTTACTCAAT CATGATAATG CTGTCTATGT
msa253045.2{157_JM9130013}	ACAGTCGAAA ATGTCTCGCC TTTACTCAAT CATGATAATG CTGTCTATGT
msa253045.2{157_1169NT}	ACAGTCGAAA ATGTCTCGCC TTTACTCAAT CATGATAATG CTGTCTATGT
msa253045.2{157_A909}	ACAGTCGAAA ATGTCTCGCC TTTACTCAAT CATGATAATG CTGTCTATGT
msa253045.2{157_COH1}	ACAGTCGAAA ATGTCTCGCC TTTACTCAAT CATGATAATG CTGTCTATGT
msa253045.2{157_M732}	ACAGTCGAAA ATGTCTCGCC TTTACTCAAT CATGATAATG CTGTCTATGT
msa253045.2{157_M781}	ACAGTCGAAA ATGTCTCGCC TTTACTCAAT CATGATAATG CTGTCTATGT
msa253045.2{157_18RS21}	ACAGTCGAAA ATGTCTCGCC TTTACTCAAT CATGATAATG CTGTCTATGT
msa253045.2{157_2603}	ACAGTCGAAA ATGTCTCGCC TTTACTCAAT CATGATAATG CTGTCTATGT
Consensus	*****
msa253045.2{157_090}	1251 CTTTATGGGT GCTGGAGACA TTCAATTGTA TGAGCGCTCT TTTGAAGAAT
msa253045.2{157_CJB110}	CTTTATGGGT GCTGGAGACA TTCAATTGTA TGAGCGCTCT TTTGAAGAAT
msa253045.2{157_H36B}	CTTTATGGGT GCTGGAGACA TTCAATTGTA TGAGCGCTCT TTTGAAGAAT
msa253045.2{157_JM9130013}	CTTTATGGGT GCTGGAGACA TTCAATTGTA TGAGCGCTCT TTTGAAGAAT
msa253045.2{157_1169NT}	CTTTATGGGT GCTGGAGACA TTCAATTGTA TGAGCGCTCT TTTGAAGAAT
msa253045.2{157_A909}	CTTTATGGGT GCTGGAGACA TTCAATTGTA TGAGCGCTCT TTTGAAGAAT
msa253045.2{157_COH1}	CTTTATGGGT GCTGGAGACA TTCAATTGTA TGAGCGCTCT TTTGAAGAAT
msa253045.2{157_M732}	CTTTATGGGT GCTGGAGACA TTCAATTGTA TGAGCGCTCT TTTGAAGAAT
msa253045.2{157_M781}	CTTTATGGGT GCTGGAGACA TTCAATTGTA TGAGCGCTCT TTTGAAGAAT
msa253045.2{157_18RS21}	CTTTATGGGT GCTGGAGACA TTCAATTGTA TGAGCGCTCT TTTGAAGAAT
msa253045.2{157_2603}	CTTTATGGGT GCTGGAGACA TTCAATTGTA TGAGCGCTCT TTTGAAGAAT
Consensus	*****
msa253045.2{157_090}	1301 TATTAGCTAA CCTAACTAAA AATACACAA
msa253045.2{157_CJB110}	TATTAGCTAA CCTAACTAAA AATACACAA
msa253045.2{157_H36B}	TATTAGCTAA CCTAACTAAA AATACACAA
msa253045.2{157_JM9130013}	TATTAGCTAA CCTAACTAAA AATACACAA
msa253045.2{157_1169NT}	TATTAGCTAA CCTAACTAAA AATACACAA
msa253045.2{157_A909}	TATTAGCTAA CCTAACTAAA AATACACAA

Table 46: Comparative Sequences relating to SAG1615 (strain info highlighted in BOLD)

msa253045.2{157_COH1}	TATTAGCTAA	CCTAACTAAA	AATACACAA
msa253045.2{157_M732}	TATTAGCTAA	CCTAACTAAA	AATACACAA
msa253045.2{157_M781}	TATTAGCTAA	CCTAACTAAA	AATACACAA
msa253045.2{157_18RS21}	TATTAGCTAA	CCTAACTAAA	AATACACAA
msa253045.2{157_2603}	TATTAGCTAA	CCTAACTAAA	AATACACAA
Consensus	*****	*****	*****

SEQ ID NO. 4613  
STRAIN A909 frame: 2  
DKYYFTQRGLEQAGVTILPFSFNISSEDL E I IAGNAFRPDNNEELAYVIEKGYHFKRYHE  
FLGDFMRQFTSLGVAGAHGKTSTTGLLAHV LKNI TDT SFLIGDGTGRGSANAN YFVFEAD  
EYERHFMYPHYPEYSI ITNIDFDHPDYFTGLEDFVNAFN DYAKQVQKGLFIYGEDPKLHEI  
TSEAPIYYYGFEDSND FIAKDI TRTVNGSDFKVFY NQEEIGQFHVPA YGKHNI LNATAVI  
ANLYIMGIDMALVAEHLKTFSGVKRRFTEKI IDDTVI IDDFAHHPTEI IATLDAARQKYP  
SKEIVAI FQPHTFTRTIAL LDEF AHALSQADS VYLAQI YGSAREVDNGEVKVEDLAAKI V  
KHSDLVTVENVSPLL NHDNAVYVFMGAGDIQLYERSFEELLANLT KNTQ

SEQ ID NO. 4614  
STRAIN 1169NT frame: 2  
KAGSSDVKYYFTQRGLEQAGVTILPFSFNISSEDL E I IAGNAFRPDNNEELAYVIEKGY  
HFKRYHEFLGDFMRQFTSLGVAGAHGKTSTTGLLAHV LKNI TDT SFLIGDGTGRGSANAN  
YFVFEAD EYERHFMYPHYPEYSI ITNIDFDHPDYFTGLEDFVNAFN DYAKQVQKGLFIYGE  
DPKLHEITSEAPIYYYGFEDSND FIAKDI TRTVNGSDFKVFY NQEEIGQFHVPA YGKHNI  
LNATAVIANLYIMGIDMALVAEHLKTFSGVKRRFTEKI IDDTVI IDDFAHHPTEI IATLD  
AARQKYP SKEIVAI FQPHTFTRTIAL LDEF AHALSQADS VYLAQI YGSAREVDNGEVKVE  
DLAAKIVKHSDLVTVENVSPLL NHDNAVYVFMGAGDIQLYERSFEELLANLT KNTQ

SEQ ID NO. 4615  
STRAIN 090 FRAME:1  
KAGSSDVKYYFTQRGLEQAGVTILPFSFNISSEDL E I IAGNAFRPDNNEELAYVIEKGY  
HFKRYHEFLGDFMRQFTSLGVAGAHGKTSTTGLLAHV LKNI TDT SFLIGDGTGRGSANAN  
YFVFEAD EYERHFMYPHYPEYSI ITNIDFDHPDYFTGLEDFVNAFN DYAKQVQKGLFIYGE  
DSKLHEITSKAPIYYYGFEDSND FIAKDI TRTVNGSDFKVFY NQEEIGQFHVPA YGKHNI  
LNATAVIANLYIMGIDMALVAEHLKTFSGVKRRFTEKI IDDTVI IDDFAHHPTEI IATLD  
AARQKYP SKEIVAI FQPHTFTRTIAL LDEF AHALSQADS VYLAQI YGSAREVDNGEVKVE  
DLAAKIVKHSDLVTVENVSPLL NHDNAVYVFMGAGDIQLYERSFEELLANLT KNTQ

SEQ ID NO. 4616  
STRAIN H36B frame: 2  
KAGSSDVKYYFTQRGLEQAGVTILPFSFNISSEDL E I IAGNAFRPDNNEELAYVIEKGY  
HFKRYHEFLGDFMRQFTSLGVAGAHGKTSTTGLLAHV LKNI TDT SFLIGDGTGRGSANAN  
YFVFEAD EYERHFMYPHYPEYSI ITNIDFDHPDYFTGLEDFVNAFN DYAKQVQKGLFIYGE  
DPKLHEITSEAPIYYYGFEDSND FIAKDI TRTVNGSDFKVFY NQEEIGQFHVPA YGKHNI  
LNATAVIANLYIMGIDMALVAEHLKTFSGVKRRFTEKI IDDTVI IDDFAHHPTEI IATLD  
AARQKYP SKEIVAI FQPHTFTRTIAL LDEF AHALSQADS VYLAQI YGSAREVDNGEVKVE  
DLAAKIVKHSDLVTVENVSPLL NHDNAVYVFMGAGDIQLYERSFEELLANLT KNTQ

SEQ ID NO. 4617  
STRAIN 18RS21 frame: 1  
KAGSSDVKYYFTQRGLEQAGVTILPFSFNISSEDL E I IAGNAFRPDNNEELAYVIEKGY  
HFKRYHEFLGDFMRQFTSLGVAGAHGKTSTTGLLAHV LKNI TDT SFLIGDGTGRGSANAN  
YFVFEAD EYERHFMYPHYPEYSI ITNIDFDHPDYFTGLEDFVNAFN DYAKQVQKGLFIYGE  
DPKLHEITSEAPIYYYGFEDSND FIAKDI TRTVNGSDFKVFY NQEEIGQFHVPA YGKHNI  
LNATAVIANLYIMGIDMALVAEHLKTFSGVKRRFTEKI IDDTVI IDDFAHHPTEI IATLD  
AARQKYP SKEIVAI FQPHTFTRTIAL LDEF AHALSQADS VYLAQI YGSAREVDNGEVKVE  
DLAAKIVKHSDLVTVENVSPLL NHDNAVYVFMGAGDIQLYERSFEELLANLT KNTQ

SEQ ID NO. 4618  
STRAIN M732 frame: 2  
KAGSSDVKYYFTQRGLEQAGVTILPFSFNISSEDL E I IAGNAFRPDNNEELAYVIEKGY  
HFKRYHEFLGDFMRQFTSLGVAGAHGKTSTTGLLAHV LKNI TDT SFLIGDGTGRGSANAN  
YFVFEAD EYERHFMYPHYPEYSI ITNIDFDHPDYFTGLEDFVNAFN DYAKQVQKGLFIYGE  
DPKLHEITSEAPIYYYGFEDSND FIAKDI TRTVNGSDFKVFY NQEEIGQFHVPA YGKHNI  
LNATAVIANLYIMGIDMALVAEHLKTFSGVKRRFTEKI IDDTVI IDDFAHHPTEI IATLD  
AARQKYP SKEIVAI FQPHTFTRTIAL LDEF AHALSQADS VYLAQI YGSAREVDNGEVKVE  
DLAAKIVKHSDLVTVENVSPLL NHDNAVYVFMGAGDIQLYERSFEELLANLT KNTQ

SEQ ID NO. 4619  
STRAIN JM9130013 frame: 2  
FKKAGSSDVKYYFTQRGLEQAGVTILPFSFNISSEDL E I IAGNAFRPDNNEELAYVIEK  
GYHFKRYHEFLGDFMRQFTSLGVAGAHGKTSTTGLLAHV LKNI TDT SFLIGDGTGRGSAN  
AN YFVFEAD EYERHFMYPHYPEYSI ITNIDFDHPDYFTGLEDFVNAFN DYAKQVQKGLFIY  
GEDPKLHEITSEAPIYYYGFEDSND FIAKDI TRTVNGSDFKVFY NQEEIGQFHVPA YGKH  
NINLATAVIANLYIMGIDMALVAEHLKTFSGVKRRFTEKI IDDTVI IDDFAHHPTEI IAT  
LDAARQKYP SKEIVAI FQPHTFTRTIAL LDEF AHALSQADS VYLAQI YGSAREVDNGEVK  
VEDLAAKIVKHSDLVTVENVSPLL NHDNAVYVFMGAGDIQLYERSFEELLANLT KNTQ

SEQ ID NO. 4620  
STRAIN M781 frame: 1  
KAGSSDVKYYFTQRGLEQAGVTILPFSFNISSEDL E I IAGNAFRPDNNEELAYVIEKGY  
HFKRYHEFLGDFMRQFTSLGVAGAHGKTSTTGLLAHV LKNI TDT SFLIGDGTGRGSANAN

Table 46: Comparative Sequences relating to SAG1615 (strain info highlighted in BOLD)

YFVFEADYERHFMYPHYEYSIIITNIDFDHPDYFTGLEDFVNAFNDYAKQVQKGLFIYGE  
DPKLEHITSEAPIYYYGFEDSNDPIAKDITRTVNGSDFKVFYNQEEIGQFHVPAVGKHNI  
LNATAVIANLYIMGIDMALVAEHLKTFSGVKRRFTEKIIDDTVIIDDFAHHPTEIIATLDA  
AARQKYPKSKEIVAIQPHFTFTRTIALLDEFAHALSQADSVYLAQIYGSAREVDNGEVKVE  
DLAAKIVKHSDLVTVENVSPLLNHDNAVYVFMGAGDIQLYERSFEELLANLTKNTQ

SEQ ID NO. 4621

STRAIN CJB110 frame: 3

KAGSSDVCKYYFTQRLGQAGVTILPFPSPNNISEDLIIAGNAFRPDNNEELAYVIEKGY  
HFKRYHEFLGDFMRQFTSLGVAGAHGKTSTTGLLAHVLKNITDTSFLIGDGTGRGSANAN  
YFVFEADYERHFMYPHYEYSIIITNIDFDHPDYFTGLEDFVNAFNDYAKQVQKGLFIYGE  
DSKLEHITSEAPIYYYGFEDSNDPIAKDITRTVNGSDFKVFYNQEEIGQFHVPAVGKHNI  
LNATAVIANLYIMGIDMALVAEHLKTFSGVKRRFTEKIIDDTVIIDDFAHHPTEIIATLDA  
AARQKYPKSKEIVAIQPHFTFTRTIALLDEFAHALSQADSVYLAQIYGSAREVDNGEVKVE  
DLAAKIVKHSDLVTVENVSPLLNHDNAVYVFMGAGDIQLYERSFEELLANLTKNTQ

SEQ ID NO. 4622

STRAIN 2603 frame: 1

MSKTYHFIGIKSGMSALALMLHQMGNHVQSSDVCKYYFTQRLGQAGVTILPFPSPNNIS  
EDLEIIAGNAFRPDNNEELAYVIEKGYQFKRYHEFLGDFMRQFTSLGVAGAHGKTSTTGL  
LAHVLKNITDTSFLIGDGTGRGSANANFYFVFEADYERHFMYPHYEYSIIITNIDFDHPDY  
FTGLEDFVNAFNDYAKQVQKGLFIYGEDPKLEHITSEAPIYYYGFEDSNDPIAKDITRTV  
NGSDFKVFYNQEEIGQFHVPAVGKHNI LNATAVIANLYIMGIDMALVAEHLKTFSGVKRR  
FTEKIIDDTVIIDDFAHHPTEIIATLDAARQKYPKSKEIVAIQPHFTFTRTIALLDEFAHA  
LSQADSVYLAQIYGSAREVDNGEVKVEDLAAKIVKHSDLVTVENVSPLLNHDNAVYVFMG  
AGDIQLYERSFEELLANLTKNTQ

SEQ ID NO. 4623

STRAIN COH1 frame: 3

GSSDVCKYYFTQRLGQAGVTILPFPSPNNISEDLIIAGNAFRPDNNEELAYVIEKGYHF  
KRYHEFLGDFMRQFTSLGVAGAHGKTSTTGLLAHVLKNITDTSFLIGDGTGRGSANANYF  
VFEADYERHFMYPHYEYSIIITNIDFDHPDYFTGLEDFVNAFNDYAKQVQKGLFIYGEDP  
KLEHITSEAPIYYYGFEDSNDPIAKDITRTVNGSDFKVFYNQEEIGQFHVPAVGKHNI LN  
ATAVIANLYIMGIDMALVAEHLKTFSGVKRRFTEKIIDDTVIIDDFAHHPTEIIATLDAAR  
QKYPKSKEIVAIQPHFTFTRTIALLDEFAHALSQADSVYLAQIYGSAREVDNGEVKVEDL  
AAKIVKHSDLVTVENVSPLLNHDNAVYVFMGAGDIQLYERSFEELLANLTKNTQ

PRETTY of: /biotmp/msa56635.2{\*} November 26, 2002 08:08 ..

msa253220.2{157_090}	1	50
msa253220.2{157_CJB110}	-----kag	ssdvDKYYFT QRGLEQAGVT
msa253220.2{157_1169NT}	-----kag	ssdvDKYYFT QRGLEQAGVT
msa253220.2{157_18RS21}	-----kag	ssdvDKYYFT QRGLEQAGVT
msa253220.2{157_M732}	-----kag	ssdvDKYYFT QRGLEQAGVT
msa253220.2{157_M781}	-----kag	ssdvDKYYFT QRGLEQAGVT
msa253220.2{157_COH1}	-----g	ssdvDKYYFT QRGLEQAGVT
msa253220.2{157_H36B}	-----kag	ssdvDKYYFT QRGLEQAGIT
msa253220.2{157_JM9130013}	-----fkag	ssdvDKYYFT QRGLEQAGIT
msa253220.2{157_2603}	maktyhfigi ksgsgmsalal mlhqmghnvq	ssdvDKYYFT QRGLEQAGVT
msa253220.2{157_A909}	-----DKYYFT	QRGLEQAGVT
Consensus	*****	*****
msa253220.2{157_090}	51	100
msa253220.2{157_CJB110}	ILPFPSPNNIS EDLEIIAGNA FRPDNNEELA YVIEKGYhFK RYHEFLGDFM	
msa253220.2{157_1169NT}	ILPFPSPNNIS EDLEIIAGNA FRPDNNEELA YVIEKGYhFK RYHEFLGDFM	
msa253220.2{157_18RS21}	ILPFPSPNNIS EDLEIIAGNA FRPDNNEELA YVIEKGYhFK RYHEFLGDFM	
msa253220.2{157_M732}	ILPFPSPNNIS EDLEIIAGNA FRPDNNEELA YVIEKGYhFK RYHEFLGDFM	
msa253220.2{157_M781}	ILPFPSPNNIS EDLEIIAGNA FRPDNNEELA YVIEKGYhFK RYHEFLGDFM	
msa253220.2{157_COH1}	ILPFPSPNNIS EDLEIIAGNA FRPDNNEELA YVIEKGYhFK RYHEFLGDFM	
msa253220.2{157_H36B}	ILPFPSPNNIS EDLEIIAGNA FRPDNNEELA YVIEKGYhFK RYHEFLGDFM	
msa253220.2{157_JM9130013}	ILPFPSPNNIS EDLEIIAGNA FRPDNNEELA YVIEKGYhFK RYHEFLGDFM	
msa253220.2{157_2603}	ILPFPSPNNIS EDLEIIAGNA FRPDNNEELA YVIEKGYqFK RYHEFLGDFM	
msa253220.2{157_A909}	ILPFPSPNNIS EDLEIIAGNA FRPDNNEELA YVIEKGYhFK RYHEFLGDFM	
Consensus	*****	*****
msa253220.2{157_090}	101	150
msa253220.2{157_CJB110}	RQFTSLGVAG AHGKTSTTGL LAHVLKNITD TSFLIGDGTG RGSANANYFV	
msa253220.2{157_1169NT}	RQFTSLGVAG AHGKTSTTGL LAHVLKNITD TSFLIGDGTG RGSANANYFV	
msa253220.2{157_18RS21}	RQFTSLGVAG AHGKTSTTGL LAHVLKNITD TSFLIGDGTG RGSANANYFV	
msa253220.2{157_M732}	RQFTSLGVAG AHGKTSTTGL LAHVLKNITD TSFLIGDGTG RGSANANYFV	
msa253220.2{157_M781}	RQFTSLGVAG AHGKTSTTGL LAHVLKNITD TSFLIGDGTG RGSANANYFV	
msa253220.2{157_COH1}	RQFTSLGVAG AHGKTSTTGL LAHVLKNITD TSFLIGDGTG RGSANANYFV	
msa253220.2{157_H36B}	RQFTSLGVAG AHGKTSTTGL LAHVLKNITD TSFLIGDGTG RGSANANYFV	
msa253220.2{157_JM9130013}	RQFTSLGVAG AHGKTSTTGL LAHVLKNITD TSFLIGDGTG RGSANANYFV	
msa253220.2{157_2603}	RQFTSLGVAG AHGKTSTTGL LAHVLKNITD TSFLIGDGTG RGSANANYFV	
msa253220.2{157_A909}	RQFTSLGVAG AHGKTSTTGL LAHVLKNITD TSFLIGDGTG RGSANANYFV	
Consensus	*****	*****
msa253220.2{157_090}	151	200
	FEADYERHF MPYHPEYSII TNIDFDHPDY FTGLEDFVNA FNDYAKQVQK	

Table 46: Comparative Sequences relating to SAG1615 (strain info highlighted in BOLD)

msa253220.2{157_CJB110}	FEADYERHF	MPYHPEYSII	TNIDFDHPDY	FTGLEDVFNA	FNDYAKQVQK
msa253220.2{157_1169NT}	FEADYERHF	MPYHPEYSII	TNIDFDHPDY	FTGLEDVFNA	FNDYAKQVQK
msa253220.2{157_18RS21}	FEADYERHF	MPYHPEYSII	TNIDFDHPDY	FTGLEDVFNA	FNDYAKQVQK
msa253220.2{157_M732}	FEADYERHF	MPYHPEYSII	TNIDFDHPDY	FTGLEDVFNA	FNDYAKQVQK
msa253220.2{157_M781}	FEADYERHF	MPYHPEYSII	TNIDFDHPDY	FTGLEDVFNA	FNDYAKQVQK
msa253220.2{157_COH1}	FEADYERHF	MPYHPEYSII	TNIDFDHPDY	FTGLEDVFNA	FNDYAKQVQK
msa253220.2{157_H36B}	FEADYERHF	MPYHPEYSII	TNIDFDHPDY	FTGLEDVFNA	FNDYAKQVQK
msa253220.2{157_JM9130013}	FEADYERHF	MPYHPEYSII	TNIDFDHPDY	FTGLEDVFNA	FNDYAKQVQK
msa253220.2{157_2603}	FEADYERHF	MPYHPEYSII	TNIDFDHPDY	FTGLEDVFNA	FNDYAKQVQK
msa253220.2{157_A909}	FEADYERHF	MPYHPEYSII	TNIDFDHPDY	FTGLEDVFNA	FNDYAKQVQK
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa253220.2{157_090}	GLFIYGEDsK	LHEITsKAPI	YYYGFEDSND	FIKADITRTV	NGSDPKVFYN
msa253220.2{157_CJB110}	GLFIYGEDsK	LHEITsKAPI	YYYGFEDSND	FIKADITRTV	NGSDPKVFYN
msa253220.2{157_1169NT}	GLFIYGEDpK	LHEITsEAPI	YYYGFEDSND	FIKADITRTV	NGSDPKVFYN
msa253220.2{157_18RS21}	GLFIYGEDpK	LHEITsEAPI	YYYGFEDSND	FIKADITRTV	NGSDPKVFYN
msa253220.2{157_M732}	GLFIYGEDpK	LHEITsEAPI	YYYGFEDSND	FIKADITRTV	NGSDPKVFYN
msa253220.2{157_M781}	GLFIYGEDpK	LHEITsEAPI	YYYGFEDSND	FIKADITRTV	NGSDPKVFYN
msa253220.2{157_COH1}	GLFIYGEDpK	LHEITsEAPI	YYYGFEDSND	FIKADITRTV	NGSDPKVFYN
msa253220.2{157_H36B}	GLFIYGEDpK	LHEITsEAPI	YYYGFEDSND	FIKADITRTV	NGSDPKVFYN
msa253220.2{157_JM9130013}	GLFIYGEDpK	LHEITsEAPI	YYYGFEDSND	FIKADITRTV	NGSDPKVFYN
msa253220.2{157_2603}	GLFIYGEDpK	LHEITsEAPI	YYYGFEDSND	FIKADITRTV	NGSDPKVFYN
msa253220.2{157_A909}	GLFIYGEDpK	LHEITsEAPI	YYYGFEDSND	FIKADITRTV	NGSDPKVFYN
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa253220.2{157_090}	QEEIGQFHVP	AYGKHNILNA	TAVIANLYIM	GIDMALVAEH	LKTFSGVKRR
msa253220.2{157_CJB110}	QEEIGQFHVP	AYGKHNILNA	TAVIANLYIM	GIDMALVAEH	LKTFSGVKRR
msa253220.2{157_1169NT}	QEEIGQFHVP	AYGKHNILNA	TAVIANLYIM	GIDMALVAEH	LKTFSGVKRR
msa253220.2{157_18RS21}	QEEIGQFHVP	AYGKHNILNA	TAVIANLYIM	GIDMALVAEH	LKTFSGVKRR
msa253220.2{157_M732}	QEEIGQFHVP	AYGKHNILNA	TAVIANLYIM	GIDMALVAEH	LKTFSGVKRR
msa253220.2{157_M781}	QEEIGQFHVP	AYGKHNILNA	TAVIANLYIM	GIDMALVAEH	LKTFSGVKRR
msa253220.2{157_COH1}	QEEIGQFHVP	AYGKHNILNA	TAVIANLYIM	GIDMALVAEH	LKTFSGVKRR
msa253220.2{157_H36B}	QEEIGQFHVP	AYGKHNILNA	TAVIANLYIM	GIDMALVAEH	LKTFSGVKRR
msa253220.2{157_JM9130013}	QEEIGQFHVP	AYGKHNILNA	TAVIANLYIM	GIDMALVAEH	LKTFSGVKRR
msa253220.2{157_2603}	QEEIGQFHVP	AYGKHNILNA	TAVIANLYIM	GIDMALVAEH	LKTFSGVKRR
msa253220.2{157_A909}	QEEIGQFHVP	AYGKHNILNA	TAVIANLYIM	GIDMALVAEH	LKTFSGVKRR
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa253220.2{157_090}	FTEKIIDDTV	IIDDFAHHPT	ELIATLDAAR	QKYPskeIVA	IFQPHTFTRT
msa253220.2{157_CJB110}	FTEKIIDDTV	IIDDFAHHPT	ELIATLDAAR	QKYPskeIVA	IFQPHTFTRT
msa253220.2{157_1169NT}	FTEKIIDDTV	IIDDFAHHPT	ELIATLDAAR	QKYPskeIVA	IFQPHTFTRT
msa253220.2{157_18RS21}	FTEKIIDDTV	IIDDFAHHPT	ELIATLDAAR	QKYPskeIVA	IFQPHTFTRT
msa253220.2{157_M732}	FTEKIIDDTV	IIDDFAHHPT	ELIATLDAAR	QKYPskeIVA	IFQPHTFTRT
msa253220.2{157_M781}	FTEKIIDDTV	IIDDFAHHPT	ELIATLDAAR	QKYPskeIVA	IFQPHTFTRT
msa253220.2{157_COH1}	FTEKIIDDTV	IIDDFAHHPT	ELIATLDAAR	QKYPskeIVA	IFQPHTFTRT
msa253220.2{157_H36B}	FTEKIIDDTV	IIDDFAHHPT	ELIATLDAAR	QKYPskeIVA	IFQPHTFTRT
msa253220.2{157_JM9130013}	FTEKIIDDTV	IIDDFAHHPT	ELIATLDAAR	QKYPskeIVA	IFQPHTFTRT
msa253220.2{157_2603}	FTEKIIDDTV	IIDDFAHHPT	ELIATLDAAR	QKYPskeIVA	IFQPHTFTRT
msa253220.2{157_A909}	FTEKIIDDTV	IIDDFAHHPT	ELIATLDAAR	QKYPskeIVA	IFQPHTFTRT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa253220.2{157_090}	IALLDdFAHA	LSQADSVYLA	QIYGSAREVD	NGEVKVEDLA	AKIVKHSdlV
msa253220.2{157_CJB110}	IALLDdFAHA	LSQADSVYLA	QIYGSAREVD	NGEVKVEDLA	AKIVKHSdlV
msa253220.2{157_1169NT}	IALLDeFAHA	LSQADSVYLA	QIYGSAREVD	NGEVKVEDLA	AKIVKHSdlV
msa253220.2{157_18RS21}	IALLDeFAHA	LSQADSVYLA	QIYGSAREVD	NGEVKVEDLA	AKIVKHSdlV
msa253220.2{157_M732}	IALLDeFAHA	LSQADSVYLA	QIYGSAREVD	NGEVKVEDLA	AKIVKHSdlV
msa253220.2{157_M781}	IALLDeFAHA	LSQADSVYLA	QIYGSAREVD	NGEVKVEDLA	AKIVKHSdlV
msa253220.2{157_COH1}	IALLDeFAHA	LSQADSVYLA	QIYGSAREVD	NGEVKVEDLA	AKIVKHSdlV
msa253220.2{157_H36B}	IALLDeFAHA	LSQADSVYLA	QIYGSAREVD	NGEVKVEDLA	AKIVKHSdlV
msa253220.2{157_JM9130013}	IALLDeFAHA	LSQADSVYLA	QIYGSAREVD	NGEVKVEDLA	AKIVKHSdlV
msa253220.2{157_2603}	IALLDeFAHA	LSQADSVYLA	QIYGSAREVD	NGEVKVEDLA	AKIVKHSdlV
msa253220.2{157_A909}	IALLDeFAHA	LSQADSVYLA	QIYGSAREVD	NGEVKVEDLA	AKIVKHSdlV
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa253220.2{157_090}	TVENVSPLLN	HDNAVYVFMG	AGDIQLYERS	FEELLANLTK	NTQ
msa253220.2{157_CJB110}	TVENVSPLLN	HDNAVYVFMG	AGDIQLYERS	FEELLANLTK	NTQ
msa253220.2{157_1169NT}	TVENVSPLLN	HDNAVYVFMG	AGDIQLYERS	FEELLANLTK	NTQ
msa253220.2{157_18RS21}	TVENVSPLLN	HDNAVYVFMG	AGDIQLYERS	FEELLANLTK	NTQ
msa253220.2{157_M732}	TVENVSPLLN	HDNAVYVFMG	AGDIQLYERS	FEELLANLTK	NTQ
msa253220.2{157_M781}	TVENVSPLLN	HDNAVYVFMG	AGDIQLYERS	FEELLANLTK	NTQ
msa253220.2{157_COH1}	TVENVSPLLN	HDNAVYVFMG	AGDIQLYERS	FEELLANLTK	NTQ
msa253220.2{157_H36B}	TVENVSPLLN	HDNAVYVFMG	AGDIQLYERS	FEELLANLTK	NTQ
msa253220.2{157_JM9130013}	TVENVSPLLN	HDNAVYVFMG	AGDIQLYERS	FEELLANLTK	NTQ
msa253220.2{157_2603}	TVENVSPLLN	HDNAVYVFMG	AGDIQLYERS	FEELLANLTK	NTQ
msa253220.2{157_A909}	TVENVSPLLN	HDNAVYVFMG	AGDIQLYERS	FEELLANLTK	NTQ
Consensus	*****	*****	*****	*****	***

**Table 47: Comparative Sequences relating to SAG0739 (strain info highlighted in BOLD)****SEQ ID NO. 4701****STRAIN A909**

TATTTTAAACAACAAAAAGGAAAAGAGCTAAGGAAAAATGCAGAAAA  
 ATTCTATGGAGAATATAAGAAAATCCAGAAGAATATCATCAAATAGCTA  
 AAGATAAAGCAAGTGAATATTCAAATTTAGCTGTTGATACTTTAAAGAT  
 TATAAAGGTAAATTTGAATCAGGTGAATTGACAACAGAGGATATCGTCTC  
 AGCCGTTAAGGAAAAAGCGGAGAAGTAGTTGACTTTGCTAATGATTTTG  
 TCAATCAAGCTAAATCAAATTTCTCAGACGAGGATACTGCTAAAAAGAA  
 GATAAGGCTCCTGAAACAAAAGTAGAAGATATTGTCATTGATTATAAGA  
 AAACACAGAAGATAAAGAAAAA

**SEQ ID NO. 4702****STRAIN H36B**

TATTTTAAACAACAAAAAGGAAAAGAGCTAAGGAAAAATGCAGAAAA  
 ATTCTATGGAGAATATAAGAAAATCCAGAAGAATATCATCAAATAGCTA  
 AAGATAAAGCAAGTGAATATTCAAATTTAGCTGTTGATACTTTAAAGAT  
 TATAAAGGTAAATTTGAATCAGGTGAATTGACAACAGAGGATATCGTCTC  
 AGCCGTTAAGGAAAAAGCGGAGAAGTAGTTGACTTTGCTAATGATTTTG  
 TCAATCAAGCTAAATCAAATTTCTCAGACGAGGATACTGCTAAAAAGAA  
 GATAAGGCTCCTGAAACAAAAGTAGAAGATATTGTCATTGATTATAAGA  
 AAACACAGAAGATAAAGAAAAA

**SEQ ID NO. 4703****STRAIN 18R21**

TATTTTAAACAACAAAAAGGAAAAGAGCTAAGGAAAAATGCAGAAAA  
 ATTCTATGGAGAATATAAGAAAATCCAGAAGAATATCATCAAATAGCTA  
 AAGATAAAGCAAGTGAATATTCAAATTTAGCTGTTGATACTTTAAAGAT  
 TATAAAGGTAAATTTGAATCAGGTGAATTGACAACAGAGGATATCGTCTC  
 AGCCGTTAAGGAAAAAGCGGAGAAGTAGTTGACTTTGCTAATGATTTTG  
 TCAATCAAGCTAAATCAAATTTCTCAGACGAGGATACTGCTAAAAAGAA  
 GATAAGGCTCCTGAAACAAAAGTAGAAGATATTGTCATTGATTATAAGA  
 AAACACAGAAGATAAAGAAAAA

**SEQ ID NO. 4704****STRAIN M732**

TATTTTAAACAACAAAAAGGAAAAGAGCTAAGGAAAAATGCAGAAAA  
 ATTCTATGGAGAATATAAGAAAATCCAGAAGAATATCATCAAATAGCTA  
 AAGATAAAGCAAGTGAATATTCAAATTTAGCTGTTGATACTTTAAAGAT  
 TATAAAGGTAAATTTGAATCAGGTGAATTGACAACAGAGGATATCGTCTC  
 AGCCGTTAAGGAAAAAGCGGAGAAGTAGTTGACTTTGCTAATGATTTTG  
 TCAATCAAGCTAAATCAAATTTCTCAGACGAGGATACTGCTAAAAAGAA  
 GATAAGGCTCCTGAAACAAAAGTAGAAGATATTGTCATTGATTATAAGA  
 AAACACAGAAGATAAAGAAAAA

**SEQ ID NO. 4705****STRAIN COH1**

TATTTTAAACAACAAAAAGGAAAAGAGCTAAGGAAAAATGCAGAAAA  
 ATTCTATGGAGAATATAAGAAAATCCAGAAGAATATCATCAAATAGCTA  
 AAGATAAAGCAAGTGAATATTCAAATTTAGCTGTTGATACTTTAAAGAT  
 TATAAAGGTAAATTTGAATCAGGTGAATTGACAACAGAGGATATCGTCTC  
 AGCCGTTAAGGAAAAAGCGGAGAAGTAGTTGACTTTGCTAATGATTTTG  
 TCAATCAAGCTAAATCAAATTTCTCAGACGAGGATACTGCTAAAAAGAA  
 GATAAGGCTCCTGAAACAAAAGTAGAAGATATTGTCATTGATTATAAGA  
 AAACACAGAAGATAAAGAAAAA

**SEQ ID NO. 4706****STRAIN M781**

TATTTTAAACAACAAAAAGGAAAAGAGCTAAGGAAAAATGCAGAAAA  
 TAAGGAAAAATGCAGAAAAATTTCTATGGAGAATATAAGAAAATCCAGAA  
 GAATATCATCAAATAGCTAAAGATAAAGCAAGTGAATATTCAAATTTAGC  
 TGTGATACTTTAAAGATTATAAAGGTAAATTTGAATCAGGTGAATTGA  
 CAACAGAGGATATCGTCTCAGCCGTTAAGGAAAAAGCGGAGAAGTAGTT  
 GACTTTGCTAATGATTTTGTCATCAAGCTAAATCAAATTTCTCAGACGA  
 GGATACTGCTAAAAAGAAAGATAAGGCTCCTGAAACAAAAGTAGAAGATA  
 TTGTCATTGATTATAAGAAAAACACAGAAGATAAAGAAAAA

**SEQ ID NO. 4707****STRAIN 2603**

tatttttaacaacaaaaaaggaaaagagctaaggaaaaatgcagaaaa  
 attctatggagaatataaagaaaatccagaagaatcatcaaatagcta  
 aagataaagcaagtgaattatcaaatttagctgttgatacttttaagat  
 tataaaggtaaatttgaatcaggtgaattgacaacagaggatattcgctc  
 agccgtaaggaaaaaagcggagaagtagttgactttgctaatgattttg  
 tcaatcaagctaataatcaaattctcagacgaggatactgctaaaaaagaa  
 gataaggctcctgaaacaaaagtagaagatttgctattgattataaaga  
 aaacacagaagataaagaaaaa

**SEQ ID NO. 4708****STRAIN 090**

TATTTTAAACAACAAAAAGGAAAAGAGCTAAGGAAAAATGCAGAAAA  
 ATTCTATGGAGAATATAAGAAAATCCAGAAGAATATCATCAAATAGCTA  
 AAGATAAAGCAAGTGAATATTCAAATTTAGCTGTTGATACTTTAAAGAT



Table 47: Comparative Sequences relating to SAG0739 (strain info highlighted in BOLD)

TATAAAGGTAAATTTGAATCAGGTGAATTGACAACAGAGGATATCGTCTC  
AGCCGTTAAGGAAAAAGCGGAGAAGTAGTTGACTTTGCTAATGATTTTG  
TCAATCAAGCTAAATCAAAATTTCTCAGACGAGGATACTGCTAAAAAGAA  
GATAAGGCTCTGAAACAAAAGTAGAAGATATTGTCATTGATTATAAGA  
AAACACAGAAGATAAGAAAA

SEQ ID NO. 4709

STRAIN CJB110

TATTTTTTAAACAAAAAAGGAAAAAGCTAAGGAAAA  
ATGCAGAAAAATTTCTATGGAGAATATAAGAAAAATCCAGAAGAATATCAT  
CAAATAGCTAAAGATAAAGCAAGTGAATATTCAAATTTAGCTGTTGATAC  
TTTTAAAGATTATAAAGGTAAATTTGAATCAGGTGAATTGACAACAGAGG  
ATATCGTCTCAGCGCTAAGGAAAAAAGCGGAGAAGTAGTTGACTTTGCT  
AATGATTTTGTCAATCAAGCTAAATCAAAATTTCTCAGACGAGGATACTGC  
TAAAAAAGAGATAAGGCTCTGAAACAAAAGTAGAAGATATTGTCATTG  
ATTATAAAGAAAAACACAGAAGATAAAGAAAA

SEQ ID NO. 4710

STRAIN 1169NT

TATTTTTTAAACAAAAAAGGAAAAAGCTAAGGAAAA  
AATGCAGAAAAATTTCTATGGAGAATATAAGAAAAATCCAGAAGAATATCA  
TCAAATAGCTAAAGATAAAGCAAGTGAATATTCAAATTTAGCTGTTGATA  
CTTTTAAAGATTATAAAGGTAAATTTGAATCAGGTGAATTGACAACAGAG  
GATATCGTCTCAGCGCTAAGGAAAAAAGCGGAGAAGTAGTTGACTTTGCT  
TAATGATTTTGTCAATCAAGCTAAATCAAAATTTCTCAGATGAGGATACTG  
CTAAAAAAGAAAAATAAGGCTCTGAAACAAAAGTAGAAGATATTGTCATT  
GATTATAAAGAAAAACACAGAAGATAAAGAAAA

SEQ ID NO. 4711

STRAIN JM9130013

TATTTTTTAAACAAAAAAGGAAAAAGCTAAGGAAAA  
ATGCAGAAAAATTTCTATGGAGAATATAAGAAAAATCCAGAAGAATATCAT  
CAAATAGCTAAAGATAAAGCAAGTGAATATTCAAATTTAGCTGTTGATAC  
TTTTAAAGATTATAAAGGTAAATTTGAATCAGGTGAATTGACAACAGAGG  
ATATCGTCTCAGCGCTAAGGAAAAAAGCGGAGAAGTAGTTGACTTTGCT  
AATGATTTTGTCAATCAAGCTAAATCAAAATTTCTCAGACGAGGATACTGC  
TAAAAAAGAGATAAGGCTCTGAAACAAAAGTAGAAGATATTGTCATTG  
ATTATAAAGAAAAACACAGAAGATAAAGAAAA

PRETTY of: /biotmp/msa68511.2{\*} January 22, 2003 05:47 ..

	1		50
msa68511.2{164_090}	TATTTTTTAA	CAACAAAAAA	AGGAAAAAGAG CTAAGGAAAA ATGCAGAAAA
msa68511.2{164_18RS21}	TATTTTTTAA	CAACAAAAAA	AGGAAAAAGAG CTAAGGAAAA ATGCAGAAAA
msa68511.2{164_2603}	TATTTTTTAA	CAACAAAAAA	AGGAAAAAGAG CTAAGGAAAA ATGCAGAAAA
msa68511.2{164_A909}	TATTTTTTAA	CAACAAAAAA	AGGAAAAAGAG CTAAGGAAAA ATGCAGAAAA
msa68511.2{164_CJB110}	TATTTTTTAA	CAACAAAAAA	AGGAAAAAGAG CTAAGGAAAA ATGCAGAAAA
msa68511.2{164_COH1}	TATTTTTTAA	CAACAAAAAA	AGGAAAAAGAG CTAAGGAAAA ATGCAGAAAA
msa68511.2{164_H36B}	TATTTTTTAA	CAACAAAAAA	AGGAAAAAGAG CTAAGGAAAA ATGCAGAAAA
msa68511.2{164_JM9130013}	TATTTTTTAA	CAACAAAAAA	AGGAAAAAGAG CTAAGGAAAA ATGCAGAAAA
msa68511.2{164_M732}	TATTTTTTAA	CAACAAAAAA	AGGAAAAAGAG CTAAGGAAAA ATGCAGAAAA
msa68511.2{164_M781}	TATTTTTTAA	CAACAAAAAA	AGGAAAAAGAG CTAAGGAAAA ATGCAGAAAA
msa68511.2{164_1169NT}	TATTTTTTAA	CAACAAAAAA	AGGAAAAAGAG CTAAGGAAAA ATGCAGAAAA
Consensus	*****	*****	*****
	51		100
msa68511.2{164_090}	ATTCTATGGA	GAATATAAAG	AAAATCCAGA AGAATATCAT CAAATAGCTA
msa68511.2{164_18RS21}	ATTCTATGGA	GAATATAAAG	AAAATCCAGA AGAATATCAT CAAATAGCTA
msa68511.2{164_2603}	ATTCTATGGA	GAATATAAAG	AAAATCCAGA AGAATATCAT CAAATAGCTA
msa68511.2{164_A909}	ATTCTATGGA	GAATATAAAG	AAAATCCAGA AGAATATCAT CAAATAGCTA
msa68511.2{164_CJB110}	ATTCTATGGA	GAATATAAAG	AAAATCCAGA AGAATATCAT CAAATAGCTA
msa68511.2{164_COH1}	ATTCTATGGA	GAATATAAAG	AAAATCCAGA AGAATATCAT CAAATAGCTA
msa68511.2{164_H36B}	ATTCTATGGA	GAATATAAAG	AAAATCCAGA AGAATATCAT CAAATAGCTA
msa68511.2{164_JM9130013}	ATTCTATGGA	GAATATAAAG	AAAATCCAGA AGAATATCAT CAAATAGCTA
msa68511.2{164_M732}	ATTCTATGGA	GAATATAAAG	AAAATCCAGA AGAATATCAT CAAATAGCTA
msa68511.2{164_M781}	ATTCTATGGA	GAATATAAAG	AAAATCCAGA AGAATATCAT CAAATAGCTA
msa68511.2{164_1169NT}	ATTCTATGGA	GAATATAAAG	AAAATCCAGA AGAATATCAT CAAATAGCTA
Consensus	*****	*****	*****
	101		150
msa68511.2{164_090}	AAGATAAAGC	AAGTGAATAT	TCAAATTTAG CTGTTGATAC TTTTAAAGAT
msa68511.2{164_18RS21}	AAGATAAAGC	AAGTGAATAT	TCAAATTTAG CTGTTGATAC TTTTAAAGAT
msa68511.2{164_2603}	AAGATAAAGC	AAGTGAATAT	TCAAATTTAG CTGTTGATAC TTTTAAAGAT
msa68511.2{164_A909}	AAGATAAAGC	AAGTGAATAT	TCAAATTTAG CTGTTGATAC TTTTAAAGAT
msa68511.2{164_CJB110}	AAGATAAAGC	AAGTGAATAT	TCAAATTTAG CTGTTGATAC TTTTAAAGAT
msa68511.2{164_COH1}	AAGATAAAGC	AAGTGAATAT	TCAAATTTAG CTGTTGATAC TTTTAAAGAT
msa68511.2{164_H36B}	AAGATAAAGC	AAGTGAATAT	TCAAATTTAG CTGTTGATAC TTTTAAAGAT
msa68511.2{164_JM9130013}	AAGATAAAGC	AAGTGAATAT	TCAAATTTAG CTGTTGATAC TTTTAAAGAT
msa68511.2{164_M732}	AAGATAAAGC	AAGTGAATAT	TCAAATTTAG CTGTTGATAC TTTTAAAGAT
msa68511.2{164_M781}	AAGATAAAGC	AAGTGAATAT	TCAAATTTAG CTGTTGATAC TTTTAAAGAT
msa68511.2{164_1169NT}	AAGATAAAGC	AAGTGAATAT	TCAAATTTAG CTGTTGATAC TTTTAAAGAT
Consensus	*****	*****	*****

Table 47: Comparative Sequences relating to SAG0739 (strain info highlighted in BOLD)

	151		200
msa68511.2{164_090}	TATAAAGGTA AATTTGAATC AGGTGAATTG ACAACAGAGG ATATCGTCTC		
msa68511.2{164_18RS21}	TATAAAGGTA AATTTGAATC AGGTGAATTG ACAACAGAGG ATATCGTCTC		
msa68511.2{164_2603}	TATAAAGGTA AATTTGAATC AGGTGAATTG ACAACAGAGG ATATCGTCTC		
msa68511.2{164_A909}	TATAAAGGTA AATTTGAATC AGGTGAATTG ACAACAGAGG ATATCGTCTC		
msa68511.2{164_CJB110}	TATAAAGGTA AATTTGAATC AGGTGAATTG ACAACAGAGG ATATCGTCTC		
msa68511.2{164_COH1}	TATAAAGGTA AATTTGAATC AGGTGAATTG ACAACAGAGG ATATCGTCTC		
msa68511.2{164_H36B}	TATAAAGGTA AATTTGAATC AGGTGAATTG ACAACAGAGG ATATCGTCTC		
msa68511.2{164_JM9130013}	TATAAAGGTA AATTTGAATC AGGTGAATTG ACAACAGAGG ATATCGTCTC		
msa68511.2{164_M732}	TATAAAGGTA AATTTGAATC AGGTGAATTG ACAACAGAGG ATATCGTCTC		
msa68511.2{164_M781}	TATAAAGGTA AATTTGAATC AGGTGAATTG ACAACAGAGG ATATCGTCTC		
msa68511.2{164_1169NT}	TATAAAGGTA AATTTGAATC AGGTGAATTG ACAACAGAGG ATATCGTCTC		
Consensus	*****	*****	*****
	201		250
msa68511.2{164_090}	AGCCGTTAAG GAAAAAAGCG GAGAAGTAGT TGACTTTGCT AATGATTTTG		
msa68511.2{164_18RS21}	AGCCGTTAAG GAAAAAAGCG GAGAAGTAGT TGACTTTGCT AATGATTTTG		
msa68511.2{164_2603}	AGCCGTTAAG GAAAAAAGCG GAGAAGTAGT TGACTTTGCT AATGATTTTG		
msa68511.2{164_A909}	AGCCGTTAAG GAAAAAAGCG GAGAAGTAGT TGACTTTGCT AATGATTTTG		
msa68511.2{164_CJB110}	AGCCGTTAAG GAAAAAAGCG GAGAAGTAGT TGACTTTGCT AATGATTTTG		
msa68511.2{164_COH1}	AGCCGTTAAG GAAAAAAGCG GAGAAGTAGT TGACTTTGCT AATGATTTTG		
msa68511.2{164_H36B}	AGCCGTTAAG GAAAAAAGCG GAGAAGTAGT TGACTTTGCT AATGATTTTG		
msa68511.2{164_JM9130013}	AGCCGTTAAG GAAAAAAGCG GAGAAGTAGT TGACTTTGCT AATGATTTTG		
msa68511.2{164_M732}	AGCCGTTAAG GAAAAAAGCG GAGAAGTAGT TGACTTTGCT AATGATTTTG		
msa68511.2{164_M781}	AGCCGTTAAG GAAAAAAGCG GAGAAGTAGT TGACTTTGCT AATGATTTTG		
msa68511.2{164_1169NT}	AGCCGTTAAG GAAAAAAGCG GAGAAGTAGT TGACTTTGCT AATGATTTTG		
Consensus	*****	*****	*****
	251		300
msa68511.2{164_090}	TCAATCAAGC TAAATCAAAA TTCTCAGACG AGGATACTGC TAAAAAAGAA		
msa68511.2{164_18RS21}	TCAATCAAGC TAAATCAAAA TTCTCAGACG AGGATACTGC TAAAAAAGAA		
msa68511.2{164_2603}	TCAATCAAGC TAAATCAAAA TTCTCAGACG AGGATACTGC TAAAAAAGAA		
msa68511.2{164_A909}	TCAATCAAGC TAAATCAAAA TTCTCAGACG AGGATACTGC TAAAAAAGAA		
msa68511.2{164_CJB110}	TCAATCAAGC TAAATCAAAA TTCTCAGACG AGGATACTGC TAAAAAAGAA		
msa68511.2{164_COH1}	TCAATCAAGC TAAATCAAAA TTCTCAGACG AGGATACTGC TAAAAAAGAA		
msa68511.2{164_H36B}	TCAATCAAGC TAAATCAAAA TTCTCAGACG AGGATACTGC TAAAAAAGAA		
msa68511.2{164_JM9130013}	TCAATCAAGC TAAATCAAAA TTCTCAGACG AGGATACTGC TAAAAAAGAA		
msa68511.2{164_M732}	TCAATCAAGC TAAATCAAAA TTCTCAGACG AGGATACTGC TAAAAAAGAA		
msa68511.2{164_M781}	TCAATCAAGC TAAATCAAAA TTCTCAGACG AGGATACTGC TAAAAAAGAA		
msa68511.2{164_1169NT}	TCAATCAAGC TAAATCAAAA TTCTCAGACG AGGATACTGC TAAAAAAGAA		
Consensus	*****	*****	*****
	301		350
msa68511.2{164_090}	GATAAGGCTC CTGAAACAAA AGTAGAAGAT ATTGTCATTG ATTATAAAGA		
msa68511.2{164_18RS21}	GATAAGGCTC CTGAAACAAA AGTAGAAGAT ATTGTCATTG ATTATAAAGA		
msa68511.2{164_2603}	GATAAGGCTC CTGAAACAAA AGTAGAAGAT ATTGTCATTG ATTATAAAGA		
msa68511.2{164_A909}	GATAAGGCTC CTGAAACAAA AGTAGAAGAT ATTGTCATTG ATTATAAAGA		
msa68511.2{164_CJB110}	GATAAGGCTC CTGAAACAAA AGTAGAAGAT ATTGTCATTG ATTATAAAGA		
msa68511.2{164_COH1}	GATAAGGCTC CTGAAACAAA AGTAGAAGAT ATTGTCATTG ATTATAAAGA		
msa68511.2{164_H36B}	GATAAGGCTC CTGAAACAAA AGTAGAAGAT ATTGTCATTG ATTATAAAGA		
msa68511.2{164_JM9130013}	GATAAGGCTC CTGAAACAAA AGTAGAAGAT ATTGTCATTG ATTATAAAGA		
msa68511.2{164_M732}	GATAAGGCTC CTGAAACAAA AGTAGAAGAT ATTGTCATTG ATTATAAAGA		
msa68511.2{164_M781}	GATAAGGCTC CTGAAACAAA AGTAGAAGAT ATTGTCATTG ATTATAAAGA		
msa68511.2{164_1169NT}	GATAAGGCTC CTGAAACAAA AGTAGAAGAT ATTGTCATTG ATTATAAAGA		
Consensus	*****	*****	*****
	351		372
msa68511.2{164_090}	AAACACAGAA GATAAAGAAA AA		
msa68511.2{164_18RS21}	AAACACAGAA GATAAAGAAA AA		
msa68511.2{164_2603}	AAACACAGAA GATAAAGAAA AA		
msa68511.2{164_A909}	AAACACAGAA GATAAAGAAA AA		
msa68511.2{164_CJB110}	AAACACAGAA GATAAAGAAA AA		
msa68511.2{164_COH1}	AAACACAGAA GATAAAGAAA AA		
msa68511.2{164_H36B}	AAACACAGAA GATAAAGAAA AA		
msa68511.2{164_JM9130013}	AAACACAGAA GATAAAGAAA AA		
msa68511.2{164_M732}	AAACACAGAA GATAAAGAAA AA		
msa68511.2{164_M781}	AAACACAGAA GATAAAGAAA AA		
msa68511.2{164_1169NT}	AAACACAGAA GATAAAGAAA AA		
Consensus	*****	*****	*****

SEQ ID NO. 4712

STRAIN 2603

YFLTTKKGKELRNKAEKFYGEYKENPREYHQIADKASEYSNLAVDTFKDYKGFESGEL  
 TTEDIVSAVKEKSGEVVDFANDFVNQAKSKPSEDTAKKEDKAPETKVEDIVIDYKENTE  
 DKEK

SEQ ID NO. 4713

STRAIN A909 frame: 1

YFLTTKKGKELRNKAEKFYGEYKENPREYHQIADKASEYSNLAVDTFKDYKGFESGEL  
 TTEDIVSAVKEKSGEVVDFANDFVNQAKSKPSEDTAKKEDKAPETKVEDIVIDYKENTE  
 DKEK

SEQ ID NO. 4714

Table 47: Comparative Sequences relating to SAG0739 (strain info highlighted in BOLD)

STRAIN H36B frame: 1  
 YFLTTKGGKELRKNAEKFYGEYKENPEEYHQIAKDKASEYSNLAVDTFKDYKGGKFESGEL  
 TTEDIVSAVKEKSGEVVDFA~~NDFVNQAKSKFSD~~EDTAKKEDKAPETKVEDIVIDYKENTB  
 DKEK

SEQ ID NO. 4715  
 STRAIN 18RS21 frame: 1  
 YFLTTKGGKELRKNAEKFYGEYKENPEEYHQIAKDKASEYSNLAVDTFKDYKGGKFESGEL  
 TTEDIVSAVKEKSGEVVDFA~~NDFVNQAKSKFSD~~EDTAKKEDKAPETKVEDIVIDYKENTB  
 DKEK

SEQ ID NO. 4716  
 STRAIN M732 frame: 1  
 YFLTTKGGKELRKNAEKFYGEYKENPEEYHQIAKDKASEYSNLAVDTFKDYKGGKFESGEL  
 TTEDIVSAVKEKSGEVVDFA~~NDFVNQAKSKFSD~~EDTAKKEDKAPETKVEDIVIDYKENTB  
 DKEK

SEQ ID NO. 4717  
 STRAIN COH1 frame: 1  
 YFLTTKGGKELRKNAEKFYGEYKENPEEYHQIAKDKASEYSNLAVDTFKDYKGGKFESGEL  
 TTEDIVSAVKEKSGEVVDFA~~NDFVNQAKSKFSD~~EDTAKKEDKAPETKVEDIVIDYKENTB  
 DKEK

SEQ ID NO. 4718  
 STRAIN M781 frame: 1  
 YFLTTKGGKELRKNAEKFYGEYKENPEEYHQIAKDKASEYSNLAVDTFKDYKGGKFESGEL  
 TTEDIVSAVKEKSGEVVDFA~~NDFVNQAKSKFSD~~EDTAKKEDKAPETKVEDIVIDYKENTB  
 DKEK

SEQ ID NO. 4719  
 STRAIN 090 frame: 1  
 YFLTTKGGKELRKNAEKFYGEYKENPEEYHQIAKDKASEYSNLAVDTFKDYKGGKFESGEL  
 TTEDIVSAVKEKSGEVVDFA~~NDFVNQAKSKFSD~~EDTAKKEDKAPETKVEDIVIDYKENTB  
 DKEK

SEQ ID NO. 4720  
 STRAIN CJB110 frame: 1  
 YFLTTKGGKELRKNAEKFYGEYKENPEEYHQIAKDKASEYSNLAVDTFKDYKGGKFESGEL  
 TTEDIVSAVKEKSGEVVDFA~~NDFVNQAKSKFSD~~EDTAKKEDKAPETKVEDIVIDYKENTB  
 DKEK

SEQ ID NO. 4721  
 STRAIN 1169NT frame: 1  
 YFLTTKGGKELRKNAEKFYGEYKENPEEYHQIAKDKASEYSNLAVDTFKDYKGGKFESGEL  
 TTEDIVSAVKEKSGEVVDFA~~NDFVNQAKSKFSD~~EDTAKKEDKAPETKVEDIVIDYKENTB  
 DKEK

SEQ ID NO. 4722  
 STRAIN JM9130013 frame: 1  
 YFLTTKGGKELRKNAEKFYGEYKENPEEYHQIAKDKASEYSNLAVDTFKDYKGGKFESGEL  
 TTEDIVSAVKEKSGEVVDFA~~NDFVNQAKSKFSD~~EDTAKKEDKAPETKVEDIVIDYKENTB  
 DKEK

PRETTY of: /biotmp/msa68746.2(\*) January 22, 2003 05:54 ..

	1		50
msa68746.2{164_090}	YFLTTKGGKE	LRKNAEKFYG	EYKENPEEYH QIAKDKASEY SNLAVDTFKD
msa68746.2{164_1169NT}	YFLTTKGGKE	LRKNAEKFYG	EYKENPEEYH QIAKDKASEY SNLAVDTFKD
msa68746.2{164_18RS21}	YFLTTKGGKE	LRKNAEKFYG	EYKENPEEYH QIAKDKASEY SNLAVDTFKD
msa68746.2{164_2603}	YFLTTKGGKE	LRKNAEKFYG	EYKENPEEYH QIAKDKASEY SNLAVDTFKD
msa68746.2{164_A909}	YFLTTKGGKE	LRKNAEKFYG	EYKENPEEYH QIAKDKASEY SNLAVDTFKD
msa68746.2{164_CJB110}	YFLTTKGGKE	LRKNAEKFYG	EYKENPEEYH QIAKDKASEY SNLAVDTFKD
msa68746.2{164_COH1}	YFLTTKGGKE	LRKNAEKFYG	EYKENPEEYH QIAKDKASEY SNLAVDTFKD
msa68746.2{164_H36B}	YFLTTKGGKE	LRKNAEKFYG	EYKENPEEYH QIAKDKASEY SNLAVDTFKD
msa68746.2{164_JM9130013}	YFLTTKGGKE	LRKNAEKFYG	EYKENPEEYH QIAKDKASEY SNLAVDTFKD
msa68746.2{164_M732}	YFLTTKGGKE	LRKNAEKFYG	EYKENPEEYH QIAKDKASEY SNLAVDTFKD
msa68746.2{164_M781}	YFLTTKGGKE	LRKNAEKFYG	EYKENPEEYH QIAKDKASEY SNLAVDTFKD
Consensus	*****	*****	*****

	51		100
msa68746.2{164_090}	YKGFESGEL	TTEDIVSAVK	EKSGEVVDFA NDFVNQAKSK FSDEDTAKKE
msa68746.2{164_1169NT}	YKGFESGEL	TTEDIVSAVK	EKSGEVVDFA NDFVNQAKSK FSDEDTAKKE
msa68746.2{164_18RS21}	YKGFESGEL	TTEDIVSAVK	EKSGEVVDFA NDFVNQAKSK FSDEDTAKKE
msa68746.2{164_2603}	YKGFESGEL	TTEDIVSAVK	EKSGEVVDFA NDFVNQAKSK FSDEDTAKKE
msa68746.2{164_A909}	YKGFESGEL	TTEDIVSAVK	EKSGEVVDFA NDFVNQAKSK FSDEDTAKKE
msa68746.2{164_CJB110}	YKGFESGEL	TTEDIVSAVK	EKSGEVVDFA NDFVNQAKSK FSDEDTAKKE
msa68746.2{164_COH1}	YKGFESGEL	TTEDIVSAVK	EKSGEVVDFA NDFVNQAKSK FSDEDTAKKE
msa68746.2{164_H36B}	YKGFESGEL	TTEDIVSAVK	EKSGEVVDFA NDFVNQAKSK FSDEDTAKKE
msa68746.2{164_JM9130013}	YKGFESGEL	TTEDIVSAVK	EKSGEVVDFA NDFVNQAKSK FSDEDTAKKE
msa68746.2{164_M732}	YKGFESGEL	TTEDIVSAVK	EKSGEVVDFA NDFVNQAKSK FSDEDTAKKE
msa68746.2{164_M781}	YKGFESGEL	TTEDIVSAVK	EKSGEVVDFA NDFVNQAKSK FSDEDTAKKE

**Table 47: Comparative Sequences relating to SAG0739 (strain info highlighted in BOLD)**

```

Consensus *****
msa68746.2{164_090} 101 dKAPETKVED IVIDYKENTE DKEK 124
msa68746.2{164_1169NT} nKAPETKVED IVIDYKENTE DKEK
msa68746.2{164_18RS21} dKAPETKVED IVIDYKENTE DKEK
msa68746.2{164_2603} dKAPETKVED IVIDYKENTE DKEK
msa68746.2{164_A909} dKAPETKVED IVIDYKENTE DKEK
msa68746.2{164_CJB110} dKAPETKVED IVIDYKENTE DKEK
msa68746.2{164_COH1} dKAPETKVED IVIDYKENTE DKEK
msa68746.2{164_H36B} dKAPETKVED IVIDYKENTE DKEK
msa68746.2{164_JM9130013} dKAPETKVED IVIDYKENTE DKEK
msa68746.2{164_M732} dKAPETKVED IVIDYKENTE DKEK
msa68746.2{164_M781} dKAPETKVED IVIDYKENTE DKEK
Consensus *****

```

Table 48: Comparative Sequences relating to SAG1474

SEQ ID NO: 4801  
STRAIN 2603

aatagtagtgagacaagtgcttcagtagttccctactacaaatactatcgt  
tcaaaactaatgacagtaaatcctaccgcaaaatttgtagatcagaatcaggac  
aatctgtaaatagggtcaagtaaaaccagataaatctgcggcgcttacaaca  
gttgacagcgctcatcatatctcagctccagatgcttataaaacaactca  
atcaagtcctgctgcttgagagtagtcttactaaagtttaactgaagagactt  
acaaacaaaaagatgggtcaagatttagccaacatgggtgagaagtggtcaa  
gttactagtgaggaactcgttaatatggcatacgatattattgctaaaga  
aaaccatctttaaagtcagtcattactactagacgccaagaagctattg  
aagaggctagaaaaacttaagataccaatcagccgtttttagggtgtccc  
ttgtagtcaaggggttagggcacagtagttaaagggtggtgaaaccaataa  
tggtctgtatctatgcagatggaaaaattagcacatttgacagtagctatg  
tcaaaaaatataagatttaggatttattatttttaggacaaacgaacttt  
ccagagtagtgggtggcgtaataataacagattctaaattatacgggtcaac  
gcataatccttgggtatcttgctcataatgctgggtggctcttctggtggaa  
gtgcagagccattgctagcgggaatgacgccaattgctagcggtagtgat  
gctgggtgggtctatccgtattccatctcttggacgggcttggtagggttt  
aaaaccaacaagaggattggtgagtaataaagccagattcgtatagta  
cagcagttcatcttccattaaactaagtcattcagagacgcagaaacatta  
ttaacttatctaaagaaagcgatcaaacgctagtatcagttaatgatttt  
aaaaactcttaccatttgcttatactttgaaatcaccatgggaacagaag  
ttagtcagatgctaaaaacgctattatggacaacgctcacattcttaaga  
aaacaaggattcaagtaacagagatagacttaccatttgatggttagagc  
attaatgctgattattcaaccttggctattggcatgggaggagcttttt  
caacaattgaaaaagacttaaaaaacatgggttttactaaagaagcgtt  
gactctattacttgggcaggttcattgttatttatcaaaatcagataaggg  
tgaaacttaagaaatctattatggaagcccaaaacataggatgattatc  
gtaaggcaatggagaagcttcacaagcaatttcctattttcttatcgcca  
acgacgcaagtttagccctctaaatacagatccatattgtaacagagga  
agataaaagagcgatttataataggaaaacttgagccaagaagaagaa  
ttgctctctttaaagcagtgaggagcctatggtgcgtagaacacctttt  
acacaaattgctaatatgacaggaactcccagctatcagttatcccagctta  
cttatctgagctggtttaccatagggaagcagtttaaggcaggtgcaa  
actatgatatggtatttaattaaatttgcaactttcttgaaaaaacatcat  
gggttttaattgtaattggcaagaataatagataaagaagtgaaacatc  
tactggcctaataacagcctaactaactccctctttaaagctcattcatcat  
tagtaaatttagaagaaaattcacaagttactcaagtagctatctctctaaa  
aatggatgaaatcgtctgttataaaataaacatccgtaatggcatatca  
aaaagca

SEQ ID NO: 4802  
STRAIN 090

AATAGTACTGAGACAAGTGCTTCAGTAGTTCCTACTACAA  
ATACTATCGTTCAAACTAATGACAGTAATCCTACCGCAAAATTTGTATCA  
GAATCAGGACAATCTGTAATAGGTCAAGTAAACAGATAATCTGCGGGC  
GCTTACAACAGTTGACACGCTCATCATATTTAGCTCCAGATGCTTTAA  
AAACAACCTCAATCAAGTCTGTCTGTGAGAGTACTTCTACTAAGTTAACT  
GAAGAGACTTACAAACAAAAGATGGTAAAGATTAGCCAACATGGTGAG  
AAGTGGTCAAGTTACTAGTGAGGAACCTGTTAATATGGCATAAGATATTA  
TTGCTAAAGAAAACCCATCTTTAAATGCAAGTCACTACTACTAGACGCCAA  
GAAGCTATTGAAGAGGCTAGAAAACCTTAAAGATAACCAATCAGCGGTTT  
AGGTGTTCCCTTGTGTAGTCAAGGGGTTAGGGCACAGTATTAAAGGTGGTG  
AAACCAATATGGCTTGATCTATGCAGATGGAAAAATTAGCACATTTGAC  
AGTAGCTATGTCAAAAATATAAAGATTAGGATTATTATTATTAGGACA  
AACGAACCTTCCAGATATGGGTGGGTAATATAACAGATTCTAAATAT  
ACGGTCAACGCATAATCCTTGGGATCTTGCTCATAAATGCTGGTGGCTCT  
TCTGTTGGAAGTGCAGCAGCAATGCTAGCGGAATGACGCAATGCTAG  
CGGTAGTGATGCTGGTGGTTCTATCCGTATTTCCATCTTCTTGGACGGGCT  
TGGTAGGTTTAAACCAACAAGAGGATTGGTGAGTAATGAAAAGCCAGAT  
TCGTATAGTACAGCAGTTCAATTTCCATTAACTAAGTCACTAGAGACGC  
AGAAACATTATTAACTTATCTAAAGAAAAGCGATCAAACGCTAGTATCAG  
TTAATGATTAAATCTTTACCAATTGCTTATACCTTTGAATACCAATG  
GGAACAGAAGTTAGTCAAGATGCTAAAAACGCTATTATGGACAACGTCAC  
ATTCTTAAGAAAACAAGGATTCAAAGTAAACAGAGATAGACTTACCAATTG  
ATGGTAGAGCATTAATGCGTGATTATTCAACCTTGGCTATTGGCATGGGA  
GGAGCTTTTCAACAATTGAAAAGACTTAAAAAACATGGTTTACTAA  
AGAAGAGCTTGATCTATTACTTGGGCAGTTCTATGTTATTATCAAAATT  
CAGATAAGGCTGAACCTAAGAAATCTATTATGGAAGCCCAAAACATATG  
GATGATTATCGTAAGGCAATGGAGAAGCTTCAAGCAATTTCTTATTTT  
CTTATCGCCAACGACCGCAAGTTTAGCCCTCTAAATACAGATCCATATG  
TAACAGAGGAAGATAAAGAGCGATTATAATATGGAAGAACTTGAGCCAA  
GAAGAAGAATTGCTCTCTTAAATCGCCAGTGGGAGCCTATGTTGCGTAG  
AACACCTTTTACACAAATGCTAATATGACAGGACTCCCAGCTATCAGTA  
TCCCGACTTACTTATCTGAGTCTGGTTTACCCATAGGACGATGTTAATG  
GCAGGTGCAAACTATGATATGGTATTAAATTAATTTGCAACTTTCTTTGA  
AAACATCATGGTTTAAATGTTAAATGGCAAGAATAATAGATAAAGAAG  
TGAAACCATCTACTGGCCTAATACAGCCTACTAACTCCCTCTTTAAGCT  
CATTCATCATTAGTAAATTTAGAAGAAAATTCACAAGTTACTCAAGTATC  
TATCTCAAAAATGGATGAAATCGTCTGTTAAAAATAAACCATCCGTAA  
TGGCATATCAAAAAGCA

SEQ ID NO: 4803

Table 48: Comparative Sequences relating to SAG1474

## STRAIN A909

TACTACAAATACTATCGTTCAAACCTAATGACAGTAATCCTACCGCAAAAT  
 TTGTATCAGAATCAGGACAATCTGTAATAGGTCAAGTAAAACAGATAAT  
 TCTGCGGCGCTTACAACAGTTGACACGCTCATCATATTTTCAGCTCCAGA  
 TGCTTTAAAAACAACCTCAATCAAGTCTGTGCTGAGAGTACTTCTACTA  
 AGTTAATCGAAGAGACTTACAAACAAAAGATGGTCAAGATTAGCCAAC  
 ATGGTGAGAAGTGGTCAAGTTACTAGTGAGGAACCTCGTTAATATGGCATA  
 CGATATTATTGCTAAAGAAAACCCATCTTTAAATGCAGTCAITACTACTA  
 GACGCCAAGAAGCTATTGAAGAGGCTAGAAAACCTTAAAGATACCAATCAG  
 CCGTTTTTAGGTGTTCCCTTGTAGTCAAGGGGTTAGGGCACAGTATTAA  
 AGGTGGTGAACCAATAATGGCTTGATCTATGCAGATGGAAAAATTAGCA  
 CATTTGACAGTAGCTATGTCAAAAAATATAAGATTAGGATTATATTATT  
 TTAGGACAAAACGAACTTTCCAGAGTATGGGTGGCGTAATATAACAGATT  
 TAAATTATACGGTCTAAGCATAATCCTTGGGATCTTGCTCATATGCTG  
 GTGGCTCTTCTGGTGAAGTGCAGCAGCCATTGCTAGCGGAATGACGCCA  
 ATTGCTAGCGGTAGTGTATGCTGGTGGTTCTATCGTATTCCTCTTCTTG  
 GACGGGCTTGGTAGGTTTAAAAACCAAGAGGATTTGGTGAGTAATGAAA  
 AGCCAGATTCTGTATAGTACAGCAGTTTCATTTCCATTAACTAAGTCATCT  
 AGAGACGAGAAAACATTATTAACTTATCTAAAGAAAAGCGATCAACGCT  
 AGTATCAGTTAATGATTAAAACTTTACCAATTGCTTATACCTTTGAAAT  
 CACCAATGGGAACAGAAGTTAGTCAAGATGCTAAAAACGCTATTATGGAC  
 AACGTCACATTCTTAAGAAAACAAGGATTCAAAGTAACAGAGATAGACTT  
 ACCAATTGATGGTAGAGCATTAATGCGTGATTATTAACCTTGGCTATTG  
 GCATGGGAGGAGCTTTTCAACAATTGAAAAAGACTTAAAAAACATGGT  
 TTTACTAAGAAAGACGTTGATCCTATTACTTGGGCGATTTCATGTTATTA  
 TCAAAATTCAGATAAGGCTGAACCTTAAGAAATCTATTATGGAAGCCAAA  
 AACATATGGATGATTATCGTAAGGCAATGGAGAAGCTTCACAAGCAATTT  
 CCTATTTTCTTATCGCAACGACGCGCAAGTTTAGCCCCCTCAAAATACAGA  
 TCCATATGTAAACAGAGGAAGATAAAGAGCGATTATAATATGGAAGAACT  
 TGAGCCAAGAAAGAAATGCTCTCTTAATCGCCAGTGGGAGCCCTATG  
 TTGCTAGAAACACCTTTTACACAAATGCTAATATGACAGGACTCCAGC  
 TATCAGTATCCCGACTTACTTATCTGAGTCTGGTTTACCCTATGGGACGA  
 TGTTAATGGCAGGTGCAAACTATGATATGGTATTAAATTAATTTGCAACT  
 TCTTTGAAAAACATCATGGTTTAAATGTTAAATGGCAAGAAATAATAGA  
 TAAAGAAAGTGAACCACTCTACTGGCCTAATACAGCCTACTAACTCCCTCT  
 TTAAAGCTCATTCTATCATAGTAAATTTAGAAGAAAATTCAGAAGTTACT  
 CAAGTATCTATCTCTAAAAAATGGATGAAATCGTCTGTTAAAAATAAAC  
 ATCCGTAATGGCATATCAAAAGCA

SEQ ID NO: 4804

## STRAIN COH1

AATAGTACTGAGACAAGTGCTTCAGTAGCTCCTACTACAAAT  
 ACTATCGTTCAAACCTAATGACAGTAATCCTACCGCAAAATTTGCATCAGA  
 ATCAGGACAATCTGTAATAGGTCAAGTAAAACAGCTAATTTCTGCGGCGC  
 TTACAACAGTTGACACGCTCATATTTTCAGCTCCAGATGCTTTAAAAACA  
 ACTCAATCAAGTCTGTGCTGAGAGTCTTCTACTAAGTTAAGTGAAGA  
 GACATACAAACAAAAGATGGTCAAGATTAGCCAACATGGTGAGAAGTG  
 GTCAAGTTACTAGTGAGGAACCTCGTCAATATGGCATACGATATTATCGCT  
 AAAGAAAACCCATCTTTAAATGACAGTCACTACTAGACGCCAAGAAAGC  
 CATTGAAGAGGCTAGAAAACCTTAAAGATACTAATCAGCGGTTTTAGGTG  
 TTCCCTTGTAGTCAAGGGGTTAGGGCACAGTATTAAAGGTGGTGAACCC  
 AATAATGGCTTGTATCTATGAGATGGAAAAATAGCACATTGACAGTAG  
 CTATGTCAAAAAATATAAGATTAGGATTTATTTATTAGGACAAAACGA  
 ATTTTCCAGAGTATGGGTGGGTAATATAACAGACTCTAATTTATACGGT  
 CCAACGCATAATCCTTGAATCTTGCTCATACGCTGGTGGCTCTTCTGG  
 TGAAGTGCAGCAGCTATTGCTAGCGGAATGACGCCAATTTGCTAGCGCA  
 GTGATGCTGGTGGTTCTATCGTATTCCTATCTTGGACGGGCTTAGTA  
 GGTTTAAACCAACAGAGGATTTGGTGAATGAAAGCCAGATTTCGTA  
 TAGTACAGCAGTTCAITTTCCATTAACTAAGTCATCTAGAGACGAGAAA  
 CATTGTTAACTTACCTAAAGAAAAGCGATCAACGCTAGTATCAGTTAAT  
 GATTTAAATCTTTACCAATGCTTATACTTTGAAATCACCAATGGGAAC  
 AGAAGTTAGTCAAGATGCTAAAAATGCTATTATGGACAACGTCACATTCT  
 TAAGAAAACAAGGATTCAAAGTGAAGAGATAGATTACCAATGATGGT  
 AGAGCATTAATGCGTGATTATTCAACCTTGGCTATTGGCATGGGAGGAGC  
 TTTTTCACAATGAAAAAGACTTAAAAAACATGGTTTTACTAAGAAAG  
 ACGTTGATCCCATTACTTGGGCGATTTCATGTTATTATCAAAATTCAGAT  
 AAGGCTGAACCTAAGAAATCTATTGTGGAAGCCAAAAACATATGGATGA  
 TTATCGTAAGGCAATGGAGAAGCTTCACAAGCAATTTCTATTTTCTTAT  
 CGCCAACGACCGCAAGTTTAGCCCCCTTAAATACAGATCCATATGTAACA  
 GAGAAAGATAAAGAGCGATTATAATATGGAACCTTGAGCCAAGAAAGA  
 AAGAAATGCTCTCTTTAATCGCCAGTGGGAGCCATGTTGCGTAGAACAC  
 CTTTTACACCAATGCTAATAGACAGGACTCCAGCTATCAGTATCCCG  
 ACTTACTTATCTGAGTCTGGTTTACCCATAGGGACGATGTTAATGGCAGG  
 TGCAAACTATGATATGGTATTAAATTAATTTGCAACITTTCTTTGAAAAAC  
 ATCATGTTTTAATGTTAAATGGCAAGAAATAATAGATAAAGAAAGTGAAC  
 CCATCTGCTGACCTAATACAGCCTACTAACTCCCTCTTTAAGGCTCATTC  
 ATCATAGTAAATTTAGAAGAAAATTCAGAAGTTACTCAAGTATCTATCT  
 CTAAAAAATGGATGAAATCGTCTGTTAAAAATAAACCATCGTAAATGGCA  
 TATCAAAAGCA

SEQ ID NO: 4805

## STRAIN M732

TCAGTAGCTCCTACTACAAATACTATCGTTCAAACCTAATGACAGTAATCC

Table 48: Comparative Sequences relating to SAG1474

TACCGCAAAATTGTCATCAGAATCAGGACAATCTGTAATAGGTCAAGTAA  
 AACCCAGCTAATTCTGCGGCGCTTACAACAGTTGACACGCTCATATTTCA  
 GCTCCAGATGCTTTAAAAACAACCTCAATCAAGTCCGTGCTTGAGAGTCC  
 TTCTACTAAGTTAACTGAAGAGACATACAAACAAAAGATGGTCAAGATT  
 TAGCCACATGGTGAGAAAGTGGTCAAGTTACTAGTGAGGAACCTCGTCAAT  
 ATGGCATACGATATTATCGCTAAGAAAAACCCATCTTTAAATGCAGTCAT  
 TACTACTAGACGCCAAGAAGCCATTGAAGAGGCTAGAAAACCTTAAAGATA  
 CTAATCAGCCGTTTCTAGGTGTTCCCTTGTTAGTCAAGGGGTTAGGGCAC  
 AGTATTAAGGTGGTGAAACCAATAATGGCTTGATCTATGCAGATGGAAA  
 AATTAGCACATTGACAGTAGCTATGTCAAAAAATATAAAGATTAGGAT  
 TTATTTATTTAGGACAAAAGAAATTTTCAGAGTATGGGTGGCGTAATATA  
 ACAGACTCTAAATTATACGGTCAACGCATAATCCTTGGGATCTTGCTCA  
 TAACGCTGGTGGCTCTTCTGGTGAAGTGACAGCTATTTGTAGCGGAA  
 TGACGCCAATTGCTAGCGGCAGTGATGCTGGTGGTCTTATCCGTATTTCCA  
 TCTTCTTGGACGGGCTTAGTAGGTTTAAAAACCAACAGAGGATTGGTGAG  
 TAATGAAAGCCAGATTCTGTATAGTACAGCAGTTCAATTTTCCATTAACTA  
 AGTCATCTAGAGACGCAGAAACATTTGTTAACTTACCTAAGAAAAAGCGAT  
 CAAACGCTAGTATCAGTTAATGATTAAAAATCTTTACCAATTGCTTATAC  
 TTTGAAATCACCATTGGGAACAGAACTTAGTCAAGATGCTAAAAATGCTA  
 TTATGGACAAACGTCACATTCTTAAGAAAAACAGGATTCAAAGTGACAGAG  
 ATAGATTATACCAATTGATGGTAGAGCATTATGCGGTGATTATTCAACCTT  
 GGCTATTGGCATGGGAGGAGCTTTTCAACCAATTGAAAAAGACTTAAAAA  
 AACATGGTTTTACTAAGAAAGACGTTGATCCCACTTACTGGGCAGTTTCA  
 GTTATTTATCAAAATTCAGATAAGGCTGAACCTTAAGAAATCTATTGTGGA  
 AGCCCAAAACATATGGATGATTATCGTAAGGCAATGGAGAAAGCTTCACA  
 AGCAATTTCTTATTTCTTATCGCCCAACGACCGCAAGTTTAGCCCCCTTA  
 AATACAGATCCATATGTTACAGAGAAAGATAAAAGAGCGATTATATAATAT  
 GGAAACTTGAGCCAAGAAAGAAAGAAATGCTCTCTTAAATCGCCAGTGGG  
 AGCCTATGTTGCGTAGAACCTTTTACCAACCAATTGCTAATATGACAGGA  
 CTCCCAGCTATCAGTATCCCGACTTACTTATCTGAGTCTGGTTTACCCTAT  
 AGGGACGATGTTAATGGCAGGTGCAAACTATGATATGGTATTAAATTAAT  
 TTGCAACTTTCTTTGAAAAACATCATGGTTTAAATGTTAAATGGCAAGA  
 ATAATAGATAAAGAAAGTGAACCACTCTGCTGACCTAATACAGCTTACTAA  
 CTCCTCTTTAAAGCTCAATTCATCATTAGTAAATTTAGAAGAAATTCAC  
 AAGTTACTCAAGTATCTATCTCTAAAAAATGGATGAAATCGTCTGTTAAA  
 AATAACCATCCGTAATGGCATATCAAAAAGCA

SEQ ID NO: 4806

STRAIN 18RS21

AATAGTACTGAGACAAGTGCTTCAGTAGTTCTCTACTACAAATACTATCGT  
 TCAAACATATGACAGTAATCTTACCGCAAAATTTGTATCAGAATCAGGAC  
 AATCTGTAATAGGTCAAGTAAAACAGATAAATCTGCGGCGCTTACAACA  
 GTTGACACGCTCATCATATTTAGCTCCAGATGCTTTAAAAACAACCTCA  
 ATCAAGTCTGTGCTTGAGAGTACTTCTACTAAGTTAACTGAAGAGACTT  
 ACAACAAAAAGATGGTCAAGATTAGCCAACATGGTGAGAAAGTGGTCAA  
 GTTACTAGTGAGGAACCTCGTTAATATGGCATACGATATTATTGCTAAAGA  
 AAACCCATCTTTAAATGCAGTCATTACTACTAGACGCCAAGAAGCTATTG  
 AAGAGGCTAGAAAACTTAAAGATACCAATCAGCCGTTTTTAGGTGTTCCC  
 TTGTTAGTCAAGGGGTTAGGGCACAGTATTAAAGGTGGTGAACCAATAA  
 TGGCTTGATCTATGCAGATGGAAAAATTAGCACATTGACAGTAGCTATG  
 TCAAAAAATATAAAGATTTAGGATTTATTTATTTTAGGACAAACGAACTTT  
 CCAGAGTATGGGTGGCGTAATATAACAGATTCTAAATTATACGGTCTAAC  
 GCATAATCCTTGGGATCTTGCTCATAATGCTGGTGGCTCTTCTGGTGAA  
 GTGCAGCAGCCATTGCTAGCGGAATGACGCCAATTGCTAGCGGTAGTGAT  
 GCTGGTGGTTCTATCGTATTTCCATCTTCTTGGACGGGCTTGGTAGGTTT  
 AAAACCAACAGAGGATTTGGTGAATGAAAGCCAGATTCTGTATAGTA  
 CAGCAGTTCATTTTCCATTAACTAAGTCATCTAGAGACGCAGAAACATTA  
 TTAACCTATCTAAGAAAGCGATCAACGCTAGTATCAGTTAATGATTT  
 AAAATCTTTACCAATTGCTTATACTTTGAAATCACCAATGGGAACAGAAG  
 TTAGTCAAGATGCTAAAAACGCTATTTAGGACAAACGTCACATTCTTAAGA  
 AAACAAGGATTCAAAGTAACAGAGATAGACTTACCAATTGATGGTAGAGC  
 ATTAATGCGTGATTATCAACCTTGGCTATTGGCATGGGAGGAGCTTTTT  
 CAACAATTGAAAAAGACTTAAAAAACATGGTTTTTACTAAGAAAGACGTT  
 GATCTTATTTACTTGGGCAGTTTCATGTTATTTATCAAAATTCAGATAAGGC  
 TGAACCTAAGAAATCTATTATGGAAGCCCAAAACATATGGATGATTATC  
 GTAAGGCAATGGAGAGGCTTCAACAGCAATTTCTATTTCTTATCGCCA  
 ACGACGCAAGTTTAGCCCTCTAAATACAGATCCATATGTAACAGAGGA  
 AGATAAAAGAGCGATTATATAATATGAAAACTTGAGCCAAGAAAGAAAGAA  
 TTGCTCTCTTTAATCGCCAGTGGGAGCCTATGTTGCTAGAACACCTTTT  
 ACACAAATTTGCTAATATGACAGGACTCCAGCTATCAGTATCCCGACTTA  
 CTATCTGAGTCTGGTTTACCCATAGGGAAGATGTTAATGGCAGGTGCAA  
 ACTATGATGGTATTAAATTAATTTGCAACTTTCTTTGAAAAACATCAT  
 GGTTTTAAATGTTAAATGGCAAGAAATAATAGATAAAGAAAGTGAACCATC  
 TACTGGCCTAATACAGCTACTAATCTCTCTTTAAAGCTCATTATCAT  
 TAGTAAATTTAGAAGAAAAATTCACAAGTTACTCAAGTATCTATCTCTAAA  
 AATGGATGAAATCGTCTGTTAAAAATAAACCATCCGTAATGGCATATCA  
 AAAAGCA

SEQ ID NO: 4807

STRAIN M781

TGCTTCAGTAGCTCCTACTACAAATACTATCGTTCAAACATATGACAGTA  
 ATCTTACCGCAAAATTTGTCATCAGAATCAGGACAATCTGTAATAGGTCAA  
 GTAAACCCAGCTAATCTGCGGCGCTTACAACAGTTGACACGCTCATAT

Table 48: Comparative Sequences relating to SAG1474

TTCAGCTCCAGATGCTTTAAAAACAACCTCAATCAAGTCCTGTCGTTGAGA  
 GTCCTTCTACTAAGTTAACTGAAGAGACATACAAACAAAAGATGGTCAA  
 GATTAGCCAAATGGTGAGAAAGTGGTCAAGTTACTAGTGAGGAATCGT  
 CAATATGGCATACGATATTATCGCTAAAGAAAACCCATCTTTAAATGCAG  
 TCATTACTACTAGACGCCAAGAAGCCATTGAAGAGGCTAGAAAACTTAAA  
 GATACTAATCAGCCGTTTTTAGGTGTTCCCTTGTTAGTCAAGGGGTTAGG  
 GCACAGTATLAAAGGTGGTGAACCAATAATGGCTTGATCTATGCAGATG  
 GAAAAATTAGCACATTTGACAGTAGCTATGTCAAAAAATATAAAGATTTA  
 GGATTATATTATTTAGGACAAACGaaTTTCCAGAGTATGGGTGGCGTAA  
 TATAACAGACTCTAAATTATACGGTCCAAACGCATAATCCTTGGaaTCTTG  
 CTCATAACGCTGGTGGCTCTTCTGGTGGAAAGTGCAGCAGCTATTGTAGC  
 GGAATGACGCCAATTGCTAGCGGCACTGATGCTGGTGGTTCTATCGGTAT  
 TCCATCTTCTTGGACGGGCTTAGTAGGTTTAAACCAACAAGAGGATGG  
 TGAGTAATGAAAAGCCAGATTTCGTATAGTACAGCAGTTCATTTTCCATT  
 CTAAAGTCATCTAGAGACGCAGAAACATTGTAACTTACCTAAAGAAAAG  
 CGATCAACGCTAGTATCAGTTAATGATTTAAAaTCTTTACCAATTGCTT  
 ATACTTTGAAATCACCATGGGAACAGAAgTTAGTCAAGATGCTAAAAAT  
 GCTATTATGGACAACGTCACATTCTTAAGAGAACAGGATTCAAAGTGAC  
 AGAGATAGATTTACCAATTGATGGTAGAGCATTAATGCGTGATTATTCAA  
 CCTTGGCTATTGGCATGGGAGGAGCTTTTCAACAAATGAAAAAGACTTA  
 AAAAAACATGGTTTTACTAAAGAAGACGTTGATCCCATTTACTTGGGCACT  
 TCATGTTTATTTATCAAAATTCAGATAAGGCTGAACCTTAAGAAATCTATTG  
 TGAAGCCCCAAAACATATGGATGATTATCGTAAGGCAATGGAGAGGCTT  
 CACAAGCAATTTCTATTCTTCTATCGCAACGACGCAAGTTTAGCCCC  
 TCTAAATACAGATCCATATGTAACAGaGaaAGATAAAAGAGCGATTATA  
 ATATGGAACAACTTAGGCCAAGAAGAAAGAAATGCTCTCTTTAATCGCCAG  
 TGGGAGCCTATGTTGCGTAGAACACCTTTTACACCAATTGCTAATAGAC  
 AGGACTCCAGCTATCAGTATCCCGACTTACTTATCTGAGTCTGGTTTAC  
 CCATAGGGACGATGTTAATGGCAGGTGCAAACTATGATATGGTATTAAAT  
 AAATTGCAACTTTCTTTGAAAAACATCATGGTTTAAATGTTAAATGGCA  
 AAGAATAATAGATAAAGAAGTGAACCATCTGCTGACCTAATACAGCCTA  
 CTAACCTCCCTCTTTAAAGCTCATTATCATTTAGTAAATTTAGAAGAAAAT  
 TCACAAAGTTACTCAAGTATCTATCTCTAAAAAATGGATGAAATCGTCTGT  
 TAAAAATAAACCATCCGTAATGGCATATCAAAAAGCA

SEQ ID NO: 4810

STRAIN CJB110

TAGTTCCCTACTACAAATACTATCGTTCAAACCTAATGACAGTAATCCTACC  
 GCAAAATTTGTATCAGAATCAGGCAATCTGTAATAGGTCAAGTAAAAACC  
 AGATAATTCTGCGCGCTTACAACAGTTGACACGCCCTCATATTTTCCAG  
 CTCCAGATGCTTTAAAAACAACCTCAATCAAGTCCTGTCGTTGAGAGTACT  
 TCTACTAAGTTAACTGAAGAGACTTACAAACAAAAGATGGTAAAGATTT  
 AGCCAAACATGGTGAGAAAGTGGTCAAGTTACTAGTGAGGAACTCGTTAATA  
 TGGCATACGATATATTGCTAAAGAAAACCCATCTTTAAATGCAGTCATT  
 ACTACTAGACGCCAAGAAGCTATTGAAGAGGCTAGAAAACTTAAAGATAC  
 CAATCAGCCGTTTTTAGGTGTTCCCTTGTTAGTCAAGGGGTTAGGGCACA  
 GTATTAAAGGTGGTGAACCAATAATGGCTTGATCTATGCAGATGGAAAA  
 ATTAGCACATTTGACAGTAGCTATGTCAAAAAATATAAGATTTAGGATT  
 TATTATTTTAGGACAAACGAACTTTCCAGAGTATGGGTGGCGTAATATAA  
 CAGATTCTAAATTATACGGTCTAACGCATAATCCTTGGGATCTTGCTCAT  
 AATGCTGGTGGCTCTTCTGGTGAAGTGCAGCAGCCATTGCTAGCGGAAT  
 GACGCCAATTGCTAGCGGTAGTGAATGCTGGTGGTTCTATCGTATTCCAT  
 CTCTCTGGACGGGCTTGGTAGGTTTAAAAACCAACAAGAGGATTTGGTGAAT  
 CATGAAAAGCCAGATTTCGTATAGTACAGCAGTTCATTTTCCATTAACTAA  
 GTCATCTAGAGACGCAGAAACATTATTAACCTTATCTAAAGAAAAGCGATC  
 AAACGCTAGTATCAGTTAATGATTTAAAACTTTTACCAATTGCTTATACT  
 TTGAAATCACCAATGGGAACAGAAAGTTAGTCAAGATGCTAAAAACGCTAT  
 TAGGACAAACGTCACATTCTTAAGAAAACAAGGATTCAAAGTAAACAGAGA  
 TAGACTTACCAATTGATGGTAGAGCATTAATGCGTGATTATTCAACCTTG  
 GCTATTGGCATGGGagGAGCTTTTTCAACaATTGAAAAAGaCTTAaAAAA  
 AcATGGTTTTACTAAAGAAGACGTTGATCCTATTACTTGGGCAGTTTCATG  
 TTATTTATCAAAATTCAGATAAGGCTGAACCTTAAGAAATCTATTATGGAA  
 GCCCAAAAACATATGGATGATATCGTAAGGCAATGGAGAAGCTTCACAA  
 GCAATTTCTTATTTCTTATCGCCAACGACCGCAAGTTTAGCCOCTCTAA  
 ATACAGATCCATATGTAACAGAGGAAGATAAAGAGCGATTTATAATATG  
 GAAAACTTGAGCCAAGAAGAAAGAAATGCTCTCTTTAATCGCCAGTGGGA  
 GCCTATGTTGGTAGAACACCTTTTACACAAATGCTAATATGACAGGAC  
 TCCAGCTATCAGTATCCCGACTTACTTATCTGAGTCTGGTTTACCCATA  
 gGGAcaATGTTAATGGCAGGTGCAAACTATGATATGGTATTAAATAAAT  
 TGCAACTTTCTTTGAAAAACATCATGGTTTAAATGTTAAATGGCAAGAA  
 TAATAGATAAAGAAGTGAACCATCTACTGGCCATAATACAGCCTACTAAC  
 TCCCTCTTTAAAGCTCATTATCATTTAGTAAATTTAGAAGAAAATTCACA  
 AGTTACTCAAGTATCTATCTCTAAAAAATGGATGAAATCGTCTGTTAAAA  
 ATAAACCATCCGTAATGGCATATCAAAAAGCA

SEQ ID NO: 4811

STRAIN 1169NT

AATAGTACTGAGACAAGTGCTTCAGTAGCTCCTACTACAAATACTATCGT  
 TCAAACTAATGACAGTAATCCTACCGCAAAATTTGCATCAGAATCAGGAC  
 AATCTGTAATATGTCAGTAAACCCAGATAATTCTGCGGCGCTTACACA  
 GTTGACACGCCCTCATTTTCACTCCAGATGATTTAAAAACAACCTCAATC  
 AAGTCTGTGCTTGAGAGTACTTCTACTAAGTTAACTGAAGAGACATACA  
 AACAAAAGATGGTCAAGATTTAGCCAACATGGTGAGAGTGGTCAAGTT



Table 48: Comparative Sequences relating to SAG1474

ACTAGTGAGGAACTCGTCAATATGGCATACGATATTATTGCTAAAGAAAA  
 CCCCTCTTTAAATGCAGTCATTACTACTAGACGCCAAGAGCCATTGAAAG  
 AGGCTAGAAAACCTTAAAGATACTAATCAGCCATTTTATAGGTGTTCCCTTG  
 TTAGTCAAGGGGTTAGGGCACAGTATTAAAGGTGGTGAAACCAATAATGG  
 CTTGATCTATGCAGATGGAAAAATCAGCACATTTGACAGTAGCTATGTCA  
 AAAAAATATAAGATTAGGATTTATTATTTTAGGACAAACGAACTTTCCA  
 GAGTATGGGTGGCGTAAATATAACAGATTCTAAATTATACGGTCCACGCA  
 TAACCTCGGAATCTTGCTCATAATGCTGGTGGCTCTTCTGGTGGAAGTG  
 CAGCAGCCATTGCTAGCGGATGACGCCAATTGCTAGCGGTAGTGATGCT  
 GGTGGTTCTATCCGLATTCCATCTCTGGACGGGCTTGGTAGGTTTAAA  
 ACCAACAGAGGATTGGTGAGTAATGAAAAGCCAGATTGCTATAGTACAG  
 CAGTTCAATTTCCATTAACTAAGTCATCTAGAGACGCAGAAACATTATTA  
 ACTTATCTAAAGAAAAGCGATCAAAACGCTAGTATCAGTTAATGATTTAAA  
 ATCTTTACCAATTGCTTATATCTTTGAAATCACCATGGGAACAGAAGTTA  
 GTCAAGATGCTAAAAACGCTATTATGGCAACCGTCACTTCTTAAGAAAA  
 CAAGGATTCAAAGTAACAGAGATAGACTTCAATTTGATGGTAGAGCATT  
 AATGGGTGATTATTCAACCTTGGCTATTGGCATGGGAGGAGCTTTTTCAA  
 CAATTGAAAAAGACTTAAAAAACATGGTTTTACTAAAGAGAGCTTGAT  
 CCTATTACTTGGGCGATTCTAGTTATTTTATCAAAATTCAGATAAGGCTGA  
 ACTTAAGAAATCTATTATGGAAGCCCAAAACATATGGATGATTATCGTA  
 AGGCAATGGAGAAGCTTCAACAAGCAATTTCTATTCTTATCGCCAAAG  
 ACCGCAAGTTTAGCCCTCTAAATACAGATCCATATGTAACAGAGGAAGA  
 TAAAAGAGCGATTATAATATGGAAGAACTTGAGCCAGAAGAAAGAAATG  
 CTCCTTTAATCGCCAGTGGGAGCCTATGTTGGTAGAACACCTTTTACA  
 CAAATTTGCTAATATGACAGGACTCCAGCTATCAGTATCCCGACTTACTT  
 ATCTGAGTCTGGTTTACCCATAGGGACGATGTTAATGGCAGGTGCAAACT  
 ATGATATGGTATTAAATTAATTTGCACTTTCTTTGAAAAACATCATGGT  
 TTTAATGTTAAATGGCAAAGAAATAATAGATAAAGAGTGAAACCATCTAC  
 TGGCCTAATACAGCCTACTAATCCTCTTTAAAGCTCATTCACTATTAG  
 TAAATTTAGAAGAAAATTCACAAGTTACTCAAGTATCTATCTCTAAAAAA  
 TGGATGAAATCGTCTGTTAAAAATAAACCATCCGTAATGGCATATCAAAA  
 AGCA

SEQ ID NO: 4812

STRAIN JM9130013

TTCAAGTAGCTCCTACTACAAATACTATCGTTCAAACCTAATGACAGTAATC  
 CTACCGCAAAATTTTCATCAGAATCAGGCAATCTGTAATAGGTCAAGTA  
 AAACCAAGCTAATTTCTGTGGCGCTTACAACAGTTGACACGCTCATATTTT  
 AGCTCCAGATGCTTTAAAAACAACCTCAATCAAGTCTGTCGTTGAGAGTC  
 CTCTACTAAGTTAACTGAAGAGACATACAAACAAAAGATGGTCAAGAG  
 TTAGCCAACATGGTGAGAAGTGGTCAAGTTACTAGTGAGGAATCGTCAA  
 TATGGCATACGATATTATTGCTAAAGAAAACCCATCTTTAAATGCAGTCA  
 TTACTACTAGACGCCAAGAAGCTATTGAAGAGGCTAGAAAACCTTAAAGAT  
 ACCAATCAGCCGTTTATAGGTGTTCCCTGTTAGTCAAGGGGTTAGGGCA  
 CAGTATTAAAGGTGGTGAAACCAATAATGGCTGATCTATGCAGGTGGAA  
 AATTTAGCACATTTGACAGTAGCTATGTCAAAAAATATAAAGATTAGGA  
 TTTATTATTTTAGGACAAACGAACTTTCCAGAGTATGGATGGCGCAATAT  
 AACAGATTCTAAATATACGGTCCAACGCATAACCTTGGAAATCTTGCTC  
 ATAATGCTGGTGGCTCTTCTGGTGGAAGTGACAGCAGTTATTGCTAGCGGG  
 ATGACGCCAATTTGCTAGCGGTAGTGATGCTGGTGGTTCTATCGTATTCC  
 ATCTTCTTGACCGGCTTGGTAGGTTTAAACCAACAAGAGGATTGGTGA  
 GTAATGAAAAGCCAGATTCTGATAGTACAGCAGTTCTATTTTCCATTAACT  
 AAGTCATCTAGAGACGCAGAAACATTATTAACTTATCTAAAGAAAAGCGA  
 TCAAAACGCTAGTATCAGTTAATGATTAAAACTTTTACCAATTTGCTTATA  
 CTTTGAATCACCATGGGAACAGAACTTAGTCAAGATGCTAAAAATGCT  
 ATTATGGACAACGCTCATATTCTTAAGAAAACAAGGATTCAAAGTGACAGA  
 GATAGACTTACCAATTGATGGTAGAGCATTAAATGCGTATTATTCAACCT  
 TGGCTATTGGTATGGGAGGAGCTTTTCAACAATTGAAAAAGACTTAAAA  
 AAACATGGTTTACTAAAGAAGACGTTGATCCCATTAATTTGGGGAGTTCA  
 TGTTATTATCAAAATTCAGATAAGGCTGAACCTTAAGAAATCTATTATGG  
 AAGCCCAAAAACATATGGATGATTATCGTAAGGCAATGGAGAAGCTTAC  
 AAGCAATTTCTATTTTCTTATCGCCAACGACCGCAAGTTTAGCCCTCT  
 AAATACAGATCCATATGTAACAGAGGAAGATAAAGAGCGATTATATAATA  
 TGGAAAACCTTGAGCCAAGAAGAAAGAAATGCTCTCTTTAATCGCCAGTGG  
 GAGCCTATGTTGCTAGAACACCTTTTACACAAATGCTAATATGACAGG  
 ACTCCAGCTATCAGTATCCGACTTACTTATCTGAGTCTGGTTTACCCA  
 TAGGGACGATGTTAATGGCAGGTGCAAACTATGATATGGTATTAAATAAA  
 TTTGCAACTTTCTTTGAAAAATATCATGGTTTAAATGTTAAATGGCAAAG  
 AATAATAGATAAAGAAGTGAAGAACATCTACTGGCCTAATACAGCCTACTA  
 ACTCCCTCTTTAAAGCTCATTCACTATTAGTAAATTTAGAAGAAAATTC  
 CAAGTTACTCAAGTATCTATCTCTAAAAATGGATGAAATCGTCTGTTAA  
 AAATAAACCATCCGTAATGGCATAT

SEQ ID NO: 4813

STRAIN H36B

CTTCAGTAGTTTCTACTACAAATACTATCGTTCAAACCTAATGACAGTAAT  
 CCTACCGCAAAATTTTCATCAGAATCAGGCAATCTGTAATAGGTCAAGT  
 AAACCAAGCTAATTTCTGTGGCGCTTACAACAGTTGACACGCTCATATTT  
 CAGCTCAGATGCTTTAAAAACAACCTCAATCAAGTCTGTCGTTGAGAGT  
 CCTTCTACTAAGTTAACTGAAGAGACATACAAACAAAAGATGGTCAAGA  
 TTTAGCCAACATGGTGAGAAGTGGTCAAGTTACTAGTGAGGAAGCTGTC  
 ATATGGCATACGATATATTGCTAAAGAAAACCCATCTTTAAATGCAGTC  
 ATTACTACTAGACGCCAAGAAGCTATTGAAGAGGCTAGAAAACCTTAAAGA

Table 48: Comparative Sequences relating to SAG1474

TACCAATCAGCCGTTTITAGGTGTTCCCTTGTAGTCAAGGGGTTAGGGC  
 ACAGTATTAAAGTGGTGAAACCAATAATGGCTTGATCTATGCAGGTGGA  
 AAAATTAGCACATTTGACAGTAGCTATGTCAAAAATATAAAGATTAGG  
 ATTTATTATTTTAGGACAAACGAACCTTCCAGAGTATGGATGGCGCAATA  
 TAACAGATTCTAAATTATACGGTCCACGCATAACCCCTTGGAACTCTTGCT  
 CATAATGCTGGTGGCTCTTCTGGTGGAAAGTGCAGCAGTTATTGCTAGCGG  
 GATGACGCCAATTGCTAGCGGTAGTGATGCTGGTGGTTCTATCCGTATTC  
 CATCTTCTGGACGGGCTTGGTAGGTTTAAAACCAACAAGAGGATTGGTG  
 AGTAATGAAAAGCCAGATTCCGTATAGTACAGCAGTTCAITTTCCATTAAAC  
 TAAGTCATCTAGAGACGCAGAAACATTATTAACCTTATCTAAAGAAAAGCG  
 ATCAAACGCTAGTATCAGTTAATGATTTAAAATCTTTACCAATTGCTTAT  
 ACTTTGAAATCACCAATGGGAACAGAGTTAGTCAAGATGCTAAAAATGC  
 TATTATGGACAACGTATATTTCTTAAGAAAACAAGGATTCAAAGTGACAG  
 AGATAGACTTACCAATTGATGGTAGAGCATTAAATGCGTGATTATTCAACC  
 TTGGCTATTGGTATGGAGGAGCTTTTCAACAATTGAAAAGACTTAAA  
 AAAACATGGTTTTACTAAAGAAGACGTTGATCCCAATTACTTGGCAGTTTC  
 ATGTTATTATTATCAAAATTCAGATAAGGCTGAACCTTAAGAAATCTATTATG  
 GAAGCCCAAAAACATATGGATGATTATCGTAAGGCAATGGAGAAGCTTCA  
 CAAGCAATTTCCCTATTCTTATCGCCCAACGACCGCAAGTTAGCCCTC  
 TAAATACAGATCCATATGTAACAGAGGAAGATAAAGAGCGATTATTAAT  
 ATGGAACCACTTGAGCCAAGAAGAAAGAAATGCTCTCTTTAATCGCCAGTG  
 GGAGCCATGTTGGGTAGAACACCTTTTACACAAATGCTAATATGACAG  
 GACTCCCGCTATCAGTATCCCGACTTACTTATCTGAGTCTGGTTTACCC  
 ATAGGACGATGTTAATGGCAGGTGCAAACTATGATATGGTATTAAATAA  
 ATTTGCACTTTCTTTGAAAATATCATGGTTTAAATGTTAAATGGCAAA  
 GAATAATAGATAAAGAGTGAACCATCTACTGGCCTAATACAGCCTACT  
 AACTCCCTCTTTAAAGCTCATTCATCATTAGTAAATTTAGAAGAAAATTC  
 ACAAGTTACTCAAGTATCTATCTCTAAAAATGGATGAAATCGTCTGTTA  
 AAAATAAA

PRETTY of: /biotmp/msa71927.2{\*} January 22, 2003 07:23 ..

msa71927.2{173_18RS21}	1	aatagtactg	agacaagtgc	ttcagtagtt	ccTACTACAA	ATACTATCGT	50
msa71927.2{173_2603}		aatagtactg	agacaagtgc	ttcagtagtt	ccTACTACAA	ATACTATCGT	
msa71927.2{173_A909}		-----	-----	-----	--TACTACAA	ATACTATCGT	
msa71927.2{173_090}		aatagtactg	agacaagtgc	ttcagtagtt	ccTACTACAA	ATACTATCGT	
msa71927.2{173_CJB110}		-----	-----	-----tagtt	ccTACTACAA	ATACTATCGT	
msa71927.2{173_COH1}		aatagtactg	agacaagtgc	ttcagtagct	ccTACTACAA	ATACTATCGT	
msa71927.2{173_M781}		-----	-----tgc	ttcagtagct	ccTACTACAA	ATACTATCGT	
msa71927.2{173_M732}		-----	-----	-tcagtagct	ccTACTACAA	ATACTATCGT	
msa71927.2{173_H36B}		-----	-----c	ttcagtagtt	ccTACTACAA	ATACTATCGT	
msa71927.2{173_JM9130013}		-----	-----	ttcagtagct	ccTACTACAA	ATACTATCGT	
msa71927.2{173_1169NT}		aatagtactg	agacaagtgc	ttcagtagct	ccTACTACAA	ATACTATCGT	
Consensus		-----	-----	-----	--*****	*****	

  

msa71927.2{173_18RS21}	51	TCAAACCTAAT	GACAGTAATC	CTACCGCAA	ATTTgtATCA	GAATCAGGAC	100
msa71927.2{173_2603}		TCAAACCTAAT	GACAGTAATC	CTACCGCAA	ATTTgtATCA	GAATCAGGAC	
msa71927.2{173_A909}		TCAAACCTAAT	GACAGTAATC	CTACCGCAA	ATTTgtATCA	GAATCAGGAC	
msa71927.2{173_090}		TCAAACCTAAT	GACAGTAATC	CTACCGCAA	ATTTgtATCA	GAATCAGGAC	
msa71927.2{173_CJB110}		TCAAACCTAAT	GACAGTAATC	CTACCGCAA	ATTTgtATCA	GAATCAGGAC	
msa71927.2{173_COH1}		TCAAACCTAAT	GACAGTAATC	CTACCGCAA	ATTTgcATCA	GAATCAGGAC	
msa71927.2{173_M781}		TCAAACCTAAT	GACAGTAATC	CTACCGCAA	ATTTgcATCA	GAATCAGGAC	
msa71927.2{173_M732}		TCAAACCTAAT	GACAGTAATC	CTACCGCAA	ATTTgcATCA	GAATCAGGAC	
msa71927.2{173_H36B}		TCAAACCTAAT	GACAGTAATC	CTACCGCAA	ATTTtcATCA	GAATCAGGAC	
msa71927.2{173_JM9130013}		TCAAACCTAAT	GACAGTAATC	CTACCGCAA	ATTTtcATCA	GAATCAGGAC	
msa71927.2{173_1169NT}		TCAAACCTAAT	GACAGTAATC	CTACCGCAA	ATTTgcATCA	GAATCAGGAC	
Consensus		*****	*****	*****	*****-*****	*****	

  

msa71927.2{173_18RS21}	101	AATCTGTAAT	AgGTCAAGTA	AAACCAGATa	ATTCTGcGGC	GCTTACAACA	150
msa71927.2{173_2603}		AATCTGTAAT	AgGTCAAGTA	AAACCAGATa	ATTCTGcGGC	GCTTACAACA	
msa71927.2{173_A909}		AATCTGTAAT	AgGTCAAGTA	AAACCAGATa	ATTCTGcGGC	GCTTACAACA	
msa71927.2{173_090}		AATCTGTAAT	AgGTCAAGTA	AAACCAGATa	ATTCTGcGGC	GCTTACAACA	
msa71927.2{173_CJB110}		AATCTGTAAT	AgGTCAAGTA	AAACCAGATa	ATTCTGcGGC	GCTTACAACA	
msa71927.2{173_COH1}		AATCTGTAAT	AgGTCAAGTA	AAACCAGATa	ATTCTGcGGC	GCTTACAACA	
msa71927.2{173_M781}		AATCTGTAAT	AgGTCAAGTA	AAACCAGATa	ATTCTGcGGC	GCTTACAACA	
msa71927.2{173_M732}		AATCTGTAAT	AgGTCAAGTA	AAACCAGATa	ATTCTGcGGC	GCTTACAACA	
msa71927.2{173_H36B}		AATCTGTAAT	AgGTCAAGTA	AAACCAGATa	ATTCTGcGGC	GCTTACAACA	
msa71927.2{173_JM9130013}		AATCTGTAAT	AgGTCAAGTA	AAACCAGATa	ATTCTGcGGC	GCTTACAACA	
msa71927.2{173_1169NT}		AATCTGTAAT	AgGTCAAGTA	AAACCAGATa	ATTCTGcGGC	GCTTACAACA	
Consensus		*****	*****	*****-***	*****-***	*****	

  

msa71927.2{173_18RS21}	151	GTTGACACGC	CtcaTCATAT	TTcAGCTCCA	GATGcTTTAA	AAACAACCTCA	200
msa71927.2{173_2603}		GTTGACACGC	CtcaTCATAT	TTcAGCTCCA	GATGcTTTAA	AAACAACCTCA	
msa71927.2{173_A909}		GTTGACACGC	CtcaTCATAT	TTcAGCTCCA	GATGcTTTAA	AAACAACCTCA	
msa71927.2{173_090}		GTTGACACGC	CtcaTCATAT	TTcAGCTCCA	GATGcTTTAA	AAACAACCTCA	
msa71927.2{173_CJB110}		GTTGACACGC	CtcaTCATAT	TTcAGCTCCA	GATGcTTTAA	AAACAACCTCA	
msa71927.2{173_COH1}		GTTGACACGC	C...TCATAT	TTcAGCTCCA	GATGcTTTAA	AAACAACCTCA	
msa71927.2{173_M781}		GTTGACACGC	C...TCATAT	TTcAGCTCCA	GATGcTTTAA	AAACAACCTCA	
msa71927.2{173_M732}		GTTGACACGC	C...TCATAT	TTcAGCTCCA	GATGcTTTAA	AAACAACCTCA	

Table 48: Comparative Sequences relating to SAG1474

msa71927.2{173_H36B}	GTTGACACGC	C...TCATAT	TTCAGCTCCA	GATGcTTTAA	AAACAACTCA
msa71927.2{173_JM9130013}	GTTGACACGC	C...TCATAT	TTCAGCTCCA	GATGcTTTAA	AAACAACTCA
msa71927.2{173_1169NT}	GTTGACACGC	C...TCATAT	TTCAGCTCCA	GATGaTTTAA	AAACAACTCA
Consensus	*****	-----	*****	****-*****	*****
msa71927.2{173_18RS21}	ATCAAGTCCT	GTCGTTGAGA	GTaCTTCTAC	TAAGTTAACT	GAAGAGACtT
msa71927.2{173_2603}	ATCAAGTCCT	GTCGTTGAGA	GTaCTTCTAC	TAAGTTAACT	GAAGAGACtT
msa71927.2{173_A909}	ATCAAGTCCT	GTCGTTGAGA	GTaCTTCTAC	TAAGTTAACT	GAAGAGACtT
msa71927.2{173_090}	ATCAAGTCCT	GTCGTTGAGA	GTaCTTCTAC	TAAGTTAACT	GAAGAGACtT
msa71927.2{173_CJB110}	ATCAAGTCCT	GTCGTTGAGA	GTaCTTCTAC	TAAGTTAACT	GAAGAGACtT
msa71927.2{173_COH1}	ATCAAGTCCT	GTCGTTGAGA	GTcCTTCTAC	TAAGTTAACT	GAAGAGACaT
msa71927.2{173_M781}	ATCAAGTCCT	GTCGTTGAGA	GTcCTTCTAC	TAAGTTAACT	GAAGAGACaT
msa71927.2{173_M732}	ATCAAGTCCT	GTCGTTGAGA	GTcCTTCTAC	TAAGTTAACT	GAAGAGACaT
msa71927.2{173_H36B}	ATCAAGTCCT	GTCGTTGAGA	GTcCTTCTAC	TAAGTTAACT	GAAGAGACaT
msa71927.2{173_JM9130013}	ATCAAGTCCT	GTCGTTGAGA	GTcCTTCTAC	TAAGTTAACT	GAAGAGACaT
msa71927.2{173_1169NT}	ATCAAGTCCT	GTCGTTGAGA	GTaCTTCTAC	TAAGTTAACT	GAAGAGACaT
Consensus	*****	*****	***-*****	*****	*****-*
msa71927.2{173_18RS21}	ACAAACAAAA	AGATGGTcAA	GAcTTAGCCA	ACATGGTGAG	AAGTGGTCAA
msa71927.2{173_2603}	ACAAACAAAA	AGATGGTcAA	GAcTTAGCCA	ACATGGTGAG	AAGTGGTCAA
msa71927.2{173_A909}	ACAAACAAAA	AGATGGTcAA	GAcTTAGCCA	ACATGGTGAG	AAGTGGTCAA
msa71927.2{173_090}	ACAAACAAAA	AGATGGTcAA	GAcTTAGCCA	ACATGGTGAG	AAGTGGTCAA
msa71927.2{173_CJB110}	ACAAACAAAA	AGATGGTcAA	GAcTTAGCCA	ACATGGTGAG	AAGTGGTCAA
msa71927.2{173_COH1}	ACAAACAAAA	AGATGGTcAA	GAcTTAGCCA	ACATGGTGAG	AAGTGGTCAA
msa71927.2{173_M781}	ACAAACAAAA	AGATGGTcAA	GAcTTAGCCA	ACATGGTGAG	AAGTGGTCAA
msa71927.2{173_M732}	ACAAACAAAA	AGATGGTcAA	GAcTTAGCCA	ACATGGTGAG	AAGTGGTCAA
msa71927.2{173_H36B}	ACAAACAAAA	AGATGGTcAA	GAcTTAGCCA	ACATGGTGAG	AAGTGGTCAA
msa71927.2{173_JM9130013}	ACAAACAAAA	AGATGGTcAA	GAcTTAGCCA	ACATGGTGAG	AAGTGGTCAA
msa71927.2{173_1169NT}	ACAAACAAAA	AGATGGTcAA	GAcTTAGCCA	ACATGGTGAG	AAGTGGTCAA
Consensus	*****	*****-__	***-*****	*****	*****
msa71927.2{173_18RS21}	GTTACTAGTG	AGGAACTCGT	CAATATGGCA	TACGATATTA	TtGCTAAAGA
msa71927.2{173_2603}	GTTACTAGTG	AGGAACTCGT	CAATATGGCA	TACGATATTA	TtGCTAAAGA
msa71927.2{173_A909}	GTTACTAGTG	AGGAACTCGT	CAATATGGCA	TACGATATTA	TtGCTAAAGA
msa71927.2{173_090}	GTTACTAGTG	AGGAACTCGT	CAATATGGCA	TACGATATTA	TtGCTAAAGA
msa71927.2{173_CJB110}	GTTACTAGTG	AGGAACTCGT	CAATATGGCA	TACGATATTA	TtGCTAAAGA
msa71927.2{173_COH1}	GTTACTAGTG	AGGAACTCGT	CAATATGGCA	TACGATATTA	TtGCTAAAGA
msa71927.2{173_M781}	GTTACTAGTG	AGGAACTCGT	CAATATGGCA	TACGATATTA	TtGCTAAAGA
msa71927.2{173_M732}	GTTACTAGTG	AGGAACTCGT	CAATATGGCA	TACGATATTA	TtGCTAAAGA
msa71927.2{173_H36B}	GTTACTAGTG	AGGAACTCGT	CAATATGGCA	TACGATATTA	TtGCTAAAGA
msa71927.2{173_JM9130013}	GTTACTAGTG	AGGAACTCGT	CAATATGGCA	TACGATATTA	TtGCTAAAGA
msa71927.2{173_1169NT}	GTTACTAGTG	AGGAACTCGT	CAATATGGCA	TACGATATTA	TtGCTAAAGA
Consensus	*****	*****	-*****	*****	*-*****
msa71927.2{173_18RS21}	AAACCCaTCT	TAAATGCAG	TCATTACTAC	TAGACGCCAA	GAAGCcaATTG
msa71927.2{173_2603}	AAACCCaTCT	TAAATGCAG	TCATTACTAC	TAGACGCCAA	GAAGCcaATTG
msa71927.2{173_A909}	AAACCCaTCT	TAAATGCAG	TCATTACTAC	TAGACGCCAA	GAAGCcaATTG
msa71927.2{173_090}	AAACCCaTCT	TAAATGCAG	TCATTACTAC	TAGACGCCAA	GAAGCcaATTG
msa71927.2{173_CJB110}	AAACCCaTCT	TAAATGCAG	TCATTACTAC	TAGACGCCAA	GAAGCcaATTG
msa71927.2{173_COH1}	AAACCCaTCT	TAAATGCAG	TCATTACTAC	TAGACGCCAA	GAAGCcaATTG
msa71927.2{173_M781}	AAACCCaTCT	TAAATGCAG	TCATTACTAC	TAGACGCCAA	GAAGCcaATTG
msa71927.2{173_M732}	AAACCCaTCT	TAAATGCAG	TCATTACTAC	TAGACGCCAA	GAAGCcaATTG
msa71927.2{173_H36B}	AAACCCaTCT	TAAATGCAG	TCATTACTAC	TAGACGCCAA	GAAGCcaATTG
msa71927.2{173_JM9130013}	AAACCCaTCT	TAAATGCAG	TCATTACTAC	TAGACGCCAA	GAAGCcaATTG
msa71927.2{173_1169NT}	AAACCCcTCT	TAAATGCAG	TCATTACTAC	TAGACGCCAA	GAAGCcaATTG
Consensus	*****-***	*****	*****	*****	*****-****
msa71927.2{173_18RS21}	AAGAGGCTAG	AAAACCTTAA	GATACcAATC	AGCCgTTTTT	AGGTGTTCCC
msa71927.2{173_2603}	AAGAGGCTAG	AAAACCTTAA	GATACcAATC	AGCCgTTTTT	AGGTGTTCCC
msa71927.2{173_A909}	AAGAGGCTAG	AAAACCTTAA	GATACcAATC	AGCCgTTTTT	AGGTGTTCCC
msa71927.2{173_090}	AAGAGGCTAG	AAAACCTTAA	GATACcAATC	AGCCgTTTTT	AGGTGTTCCC
msa71927.2{173_CJB110}	AAGAGGCTAG	AAAACCTTAA	GATACcAATC	AGCCgTTTTT	AGGTGTTCCC
msa71927.2{173_COH1}	AAGAGGCTAG	AAAACCTTAA	GATACcAATC	AGCCgTTTTT	AGGTGTTCCC
msa71927.2{173_M781}	AAGAGGCTAG	AAAACCTTAA	GATACcAATC	AGCCgTTTTT	AGGTGTTCCC
msa71927.2{173_M732}	AAGAGGCTAG	AAAACCTTAA	GATACcAATC	AGCCgTTTTT	AGGTGTTCCC
msa71927.2{173_H36B}	AAGAGGCTAG	AAAACCTTAA	GATACcAATC	AGCCgTTTTT	AGGTGTTCCC
msa71927.2{173_JM9130013}	AAGAGGCTAG	AAAACCTTAA	GATACcAATC	AGCCgTTTTT	AGGTGTTCCC
msa71927.2{173_1169NT}	AAGAGGCTAG	AAAACCTTAA	GATACcAATC	AGCCaTTTTT	AGGTGTTCCC
Consensus	*****	*****	*****-****	****-*****	*****
msa71927.2{173_18RS21}	TTGTTAGTCA	AGGGGTTAGG	GCACAGTATT	AAAGGTGGTG	AAACCAATAA
msa71927.2{173_2603}	TTGTTAGTCA	AGGGGTTAGG	GCACAGTATT	AAAGGTGGTG	AAACCAATAA
msa71927.2{173_A909}	TTGTTAGTCA	AGGGGTTAGG	GCACAGTATT	AAAGGTGGTG	AAACCAATAA
msa71927.2{173_090}	TTGTTAGTCA	AGGGGTTAGG	GCACAGTATT	AAAGGTGGTG	AAACCAATAA
msa71927.2{173_CJB110}	TTGTTAGTCA	AGGGGTTAGG	GCACAGTATT	AAAGGTGGTG	AAACCAATAA
msa71927.2{173_COH1}	TTGTTAGTCA	AGGGGTTAGG	GCACAGTATT	AAAGGTGGTG	AAACCAATAA
msa71927.2{173_M781}	TTGTTAGTCA	AGGGGTTAGG	GCACAGTATT	AAAGGTGGTG	AAACCAATAA
msa71927.2{173_H36B}	TTGTTAGTCA	AGGGGTTAGG	GCACAGTATT	AAAGGTGGTG	AAACCAATAA
msa71927.2{173_JM9130013}	TTGTTAGTCA	AGGGGTTAGG	GCACAGTATT	AAAGGTGGTG	AAACCAATAA
msa71927.2{173_1169NT}	TTGTTAGTCA	AGGGGTTAGG	GCACAGTATT	AAAGGTGGTG	AAACCAATAA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****

Table 48: Comparative Sequences relating to SAG1474

msa71927.2{173_M732}	TTGTTAGTCA	AGGGGTTAGG	GCACAGTATT	AAAGGTGGTG	AAACCAATAA
msa71927.2{173_H36B}	TTGTTAGTCA	AGGGGTTAGG	GCACAGTATT	AAAGGTGGTG	AAACCAATAA
msa71927.2{173_JM9130013}	TTGTTAGTCA	AGGGGTTAGG	GCACAGTATT	AAAGGTGGTG	AAACCAATAA
msa71927.2{173_1169NT}	TTGTTAGTCA	AGGGGTTAGG	GCACAGTATT	AAAGGTGGTG	AAACCAATAA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa71927.2{173_18RS21}	TGGCTTGATC	TATGCAGaTG	GAAAAATTAG	CACATTTGAC	AGTAGCTATG
msa71927.2{173_2603}	TGGCTTGATC	TATGCAGaTG	GAAAAATTAG	CACATTTGAC	AGTAGCTATG
msa71927.2{173_A909}	TGGCTTGATC	TATGCAGaTG	GAAAAATTAG	CACATTTGAC	AGTAGCTATG
msa71927.2{173_090}	TGGCTTGATC	TATGCAGaTG	GAAAAATTAG	CACATTTGAC	AGTAGCTATG
msa71927.2{173_CJB110}	TGGCTTGATC	TATGCAGaTG	GAAAAATTAG	CACATTTGAC	AGTAGCTATG
msa71927.2{173_COH1}	TGGCTTGATC	TATGCAGaTG	GAAAAATTAG	CACATTTGAC	AGTAGCTATG
msa71927.2{173_M781}	TGGCTTGATC	TATGCAGaTG	GAAAAATTAG	CACATTTGAC	AGTAGCTATG
msa71927.2{173_M732}	TGGCTTGATC	TATGCAGaTG	GAAAAATTAG	CACATTTGAC	AGTAGCTATG
msa71927.2{173_H36B}	TGGCTTGATC	TATGCAGaTG	GAAAAATTAG	CACATTTGAC	AGTAGCTATG
msa71927.2{173_JM9130013}	TGGCTTGATC	TATGCAGaTG	GAAAAATTAG	CACATTTGAC	AGTAGCTATG
msa71927.2{173_1169NT}	TGGCTTGATC	TATGCAGaTG	GAAAAATTAG	CACATTTGAC	AGTAGCTATG
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa71927.2{173_18RS21}	TCAAAAAATA	TAAAGATTTA	GGATTATTAT	TTTTAGGACA	AACGAACTTT
msa71927.2{173_2603}	TCAAAAAATA	TAAAGATTTA	GGATTATTAT	TTTTAGGACA	AACGAACTTT
msa71927.2{173_A909}	TCAAAAAATA	TAAAGATTTA	GGATTATTAT	TTTTAGGACA	AACGAACTTT
msa71927.2{173_090}	TCAAAAAATA	TAAAGATTTA	GGATTATTAT	TTTTAGGACA	AACGAACTTT
msa71927.2{173_CJB110}	TCAAAAAATA	TAAAGATTTA	GGATTATTAT	TTTTAGGACA	AACGAACTTT
msa71927.2{173_COH1}	TCAAAAAATA	TAAAGATTTA	GGATTATTAT	TTTTAGGACA	AACGAACTTT
msa71927.2{173_M781}	TCAAAAAATA	TAAAGATTTA	GGATTATTAT	TTTTAGGACA	AACGAACTTT
msa71927.2{173_M732}	TCAAAAAATA	TAAAGATTTA	GGATTATTAT	TTTTAGGACA	AACGAACTTT
msa71927.2{173_H36B}	TCAAAAAATA	TAAAGATTTA	GGATTATTAT	TTTTAGGACA	AACGAACTTT
msa71927.2{173_JM9130013}	TCAAAAAATA	TAAAGATTTA	GGATTATTAT	TTTTAGGACA	AACGAACTTT
msa71927.2{173_1169NT}	TCAAAAAATA	TAAAGATTTA	GGATTATTAT	TTTTAGGACA	AACGAACTTT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa71927.2{173_18RS21}	CCAGAGTATG	GgTGGCGtAA	TATAACAGAT	TCTAAATTAT	ACGGTCTAAC
msa71927.2{173_2603}	CCAGAGTATG	GgTGGCGtAA	TATAACAGAT	TCTAAATTAT	ACGGTCTAAC
msa71927.2{173_A909}	CCAGAGTATG	GgTGGCGtAA	TATAACAGAT	TCTAAATTAT	ACGGTCTAAC
msa71927.2{173_090}	CCAGAGTATG	GgTGGCGtAA	TATAACAGAT	TCTAAATTAT	ACGGTCTAAC
msa71927.2{173_CJB110}	CCAGAGTATG	GgTGGCGtAA	TATAACAGAT	TCTAAATTAT	ACGGTCTAAC
msa71927.2{173_COH1}	CCAGAGTATG	GgTGGCGtAA	TATAACAGAT	TCTAAATTAT	ACGGTCTAAC
msa71927.2{173_M781}	CCAGAGTATG	GgTGGCGtAA	TATAACAGAT	TCTAAATTAT	ACGGTCTAAC
msa71927.2{173_M732}	CCAGAGTATG	GgTGGCGtAA	TATAACAGAT	TCTAAATTAT	ACGGTCTAAC
msa71927.2{173_H36B}	CCAGAGTATG	GgTGGCGtAA	TATAACAGAT	TCTAAATTAT	ACGGTCTAAC
msa71927.2{173_JM9130013}	CCAGAGTATG	GgTGGCGtAA	TATAACAGAT	TCTAAATTAT	ACGGTCTAAC
msa71927.2{173_1169NT}	CCAGAGTATG	GgTGGCGtAA	TATAACAGAT	TCTAAATTAT	ACGGTCTAAC
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa71927.2{173_18RS21}	GCATAATCCT	tGGgATCTTG	CTCATAATGC	TGGTGGCTCT	TCTGGTGGAA
msa71927.2{173_2603}	GCATAATCCT	tGGgATCTTG	CTCATAATGC	TGGTGGCTCT	TCTGGTGGAA
msa71927.2{173_A909}	GCATAATCCT	tGGgATCTTG	CTCATAATGC	TGGTGGCTCT	TCTGGTGGAA
msa71927.2{173_090}	GCATAATCCT	tGGgATCTTG	CTCATAATGC	TGGTGGCTCT	TCTGGTGGAA
msa71927.2{173_CJB110}	GCATAATCCT	tGGgATCTTG	CTCATAATGC	TGGTGGCTCT	TCTGGTGGAA
msa71927.2{173_COH1}	GCATAATCCT	tGGgATCTTG	CTCATAATGC	TGGTGGCTCT	TCTGGTGGAA
msa71927.2{173_M781}	GCATAATCCT	tGGgATCTTG	CTCATAATGC	TGGTGGCTCT	TCTGGTGGAA
msa71927.2{173_M732}	GCATAATCCT	tGGgATCTTG	CTCATAATGC	TGGTGGCTCT	TCTGGTGGAA
msa71927.2{173_H36B}	GCATAATCCT	tGGgATCTTG	CTCATAATGC	TGGTGGCTCT	TCTGGTGGAA
msa71927.2{173_JM9130013}	GCATAATCCT	tGGgATCTTG	CTCATAATGC	TGGTGGCTCT	TCTGGTGGAA
msa71927.2{173_1169NT}	GCATAATCCT	tGGgATCTTG	CTCATAATGC	TGGTGGCTCT	TCTGGTGGAA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa71927.2{173_18RS21}	GTGCAGCAGc	cATTGCTAGC	GGaATGACGC	CAATTGCTAG	CGGtAGTGAT
msa71927.2{173_2603}	GTGCAGCAGc	cATTGCTAGC	GGaATGACGC	CAATTGCTAG	CGGtAGTGAT
msa71927.2{173_A909}	GTGCAGCAGc	cATTGCTAGC	GGaATGACGC	CAATTGCTAG	CGGtAGTGAT
msa71927.2{173_090}	GTGCAGCAGc	cATTGCTAGC	GGaATGACGC	CAATTGCTAG	CGGtAGTGAT
msa71927.2{173_CJB110}	GTGCAGCAGc	cATTGCTAGC	GGaATGACGC	CAATTGCTAG	CGGtAGTGAT
msa71927.2{173_COH1}	GTGCAGCAGc	cATTGCTAGC	GGaATGACGC	CAATTGCTAG	CGGtAGTGAT
msa71927.2{173_M781}	GTGCAGCAGc	cATTGCTAGC	GGaATGACGC	CAATTGCTAG	CGGtAGTGAT
msa71927.2{173_M732}	GTGCAGCAGc	cATTGCTAGC	GGaATGACGC	CAATTGCTAG	CGGtAGTGAT
msa71927.2{173_H36B}	GTGCAGCAGc	cATTGCTAGC	GGaATGACGC	CAATTGCTAG	CGGtAGTGAT
msa71927.2{173_JM9130013}	GTGCAGCAGc	cATTGCTAGC	GGaATGACGC	CAATTGCTAG	CGGtAGTGAT
msa71927.2{173_1169NT}	GTGCAGCAGc	cATTGCTAGC	GGaATGACGC	CAATTGCTAG	CGGtAGTGAT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa71927.2{173_18RS21}	GCTGGTGGTT	CTATCCGTAT	TCCATCTTCT	TGGACGGGCT	TgGTAGGTTT
msa71927.2{173_2603}	GCTGGTGGTT	CTATCCGTAT	TCCATCTTCT	TGGACGGGCT	TgGTAGGTTT
msa71927.2{173_A909}	GCTGGTGGTT	CTATCCGTAT	TCCATCTTCT	TGGACGGGCT	TgGTAGGTTT
msa71927.2{173_090}	GCTGGTGGTT	CTATCCGTAT	TCCATCTTCT	TGGACGGGCT	TgGTAGGTTT
msa71927.2{173_CJB110}	GCTGGTGGTT	CTATCCGTAT	TCCATCTTCT	TGGACGGGCT	TgGTAGGTTT
msa71927.2{173_COH1}	GCTGGTGGTT	CTATCCGTAT	TCCATCTTCT	TGGACGGGCT	TgGTAGGTTT

Table 48: Comparative Sequences relating to SAG1474

msa71927.2{173_M781}	GCTGGTGGTT	CTATCCGTAT	TCCATCTTCT	TGGACGGGCT	TaGTAGGTTT
msa71927.2{173_M732}	GCTGGTGGTT	CTATCCGTAT	TCCATCTTCT	TGGACGGGCT	TaGTAGGTTT
msa71927.2{173_H36B}	GCTGGTGGTT	CTATCCGTAT	TCCATCTTCT	TGGACGGGCT	TgGTAGGTTT
msa71927.2{173_JM9130013}	GCTGGTGGTT	CTATCCGTAT	TCCATCTTCT	TGGACGGGCT	TgGTAGGTTT
msa71927.2{173_1169NT}	GCTGGTGGTT	CTATCCGTAT	TCCATCTTCT	TGGACGGGCT	TgGTAGGTTT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
801					
msa71927.2{173_18RS21}	AAAACCAACA	AGAGGATTGG	TGAGTaATGA	AAAGCCAGAT	TCGTATAGTA
msa71927.2{173_2603}	AAAACCAACA	AGAGGATTGG	TGAGTaATGA	AAAGCCAGAT	TCGTATAGTA
msa71927.2{173_A909}	AAAACCAACA	AGAGGATTGG	TGAGTaATGA	AAAGCCAGAT	TCGTATAGTA
msa71927.2{173_090}	AAAACCAACA	AGAGGATTGG	TGAGTaATGA	AAAGCCAGAT	TCGTATAGTA
msa71927.2{173_CJB110}	AAAACCAACA	AGAGGATTGG	TGAGTaATGA	AAAGCCAGAT	TCGTATAGTA
msa71927.2{173_COH1}	AAAACCAACA	AGAGGATTGG	TGAGTaATGA	AAAGCCAGAT	TCGTATAGTA
msa71927.2{173_M781}	AAAACCAACA	AGAGGATTGG	TGAGTaATGA	AAAGCCAGAT	TCGTATAGTA
msa71927.2{173_M732}	AAAACCAACA	AGAGGATTGG	TGAGTaATGA	AAAGCCAGAT	TCGTATAGTA
msa71927.2{173_H36B}	AAAACCAACA	AGAGGATTGG	TGAGTaATGA	AAAGCCAGAT	TCGTATAGTA
msa71927.2{173_JM9130013}	AAAACCAACA	AGAGGATTGG	TGAGTaATGA	AAAGCCAGAT	TCGTATAGTA
msa71927.2{173_1169NT}	AAAACCAACA	AGAGGATTGG	TGAGTaATGA	AAAGCCAGAT	TCGTATAGTA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
851					
msa71927.2{173_18RS21}	CAGCAGTTCA	TTTTCCATTA	ACTAAGTCAT	CTAGAGACGC	AGAAACATTa
msa71927.2{173_2603}	CAGCAGTTCA	TTTTCCATTA	ACTAAGTCAT	CTAGAGACGC	AGAAACATTa
msa71927.2{173_A909}	CAGCAGTTCA	TTTTCCATTA	ACTAAGTCAT	CTAGAGACGC	AGAAACATTa
msa71927.2{173_090}	CAGCAGTTCA	TTTTCCATTA	ACTAAGTCAT	CTAGAGACGC	AGAAACATTa
msa71927.2{173_CJB110}	CAGCAGTTCA	TTTTCCATTA	ACTAAGTCAT	CTAGAGACGC	AGAAACATTa
msa71927.2{173_COH1}	CAGCAGTTCA	TTTTCCATTA	ACTAAGTCAT	CTAGAGACGC	AGAAACATTg
msa71927.2{173_M781}	CAGCAGTTCA	TTTTCCATTA	ACTAAGTCAT	CTAGAGACGC	AGAAACATTg
msa71927.2{173_M732}	CAGCAGTTCA	TTTTCCATTA	ACTAAGTCAT	CTAGAGACGC	AGAAACATTg
msa71927.2{173_H36B}	CAGCAGTTCA	TTTTCCATTA	ACTAAGTCAT	CTAGAGACGC	AGAAACATTa
msa71927.2{173_JM9130013}	CAGCAGTTCA	TTTTCCATTA	ACTAAGTCAT	CTAGAGACGC	AGAAACATTa
msa71927.2{173_1169NT}	CAGCAGTTCA	TTTTCCATTA	ACTAAGTCAT	CTAGAGACGC	AGAAACATTa
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
901					
msa71927.2{173_18RS21}	TAACTTATc	TAAAGAAAAG	CGATCAAACG	CTAGTATCAG	TAAATGATTt
msa71927.2{173_2603}	TAACTTATc	TAAAGAAAAG	CGATCAAACG	CTAGTATCAG	TAAATGATTt
msa71927.2{173_A909}	TAACTTATc	TAAAGAAAAG	CGATCAAACG	CTAGTATCAG	TAAATGATTt
msa71927.2{173_090}	TAACTTATc	TAAAGAAAAG	CGATCAAACG	CTAGTATCAG	TAAATGATTt
msa71927.2{173_CJB110}	TAACTTATc	TAAAGAAAAG	CGATCAAACG	CTAGTATCAG	TAAATGATTt
msa71927.2{173_COH1}	TAACTTATc	TAAAGAAAAG	CGATCAAACG	CTAGTATCAG	TAAATGATTt
msa71927.2{173_M781}	TAACTTATc	TAAAGAAAAG	CGATCAAACG	CTAGTATCAG	TAAATGATTt
msa71927.2{173_M732}	TAACTTATc	TAAAGAAAAG	CGATCAAACG	CTAGTATCAG	TAAATGATTt
msa71927.2{173_H36B}	TAACTTATc	TAAAGAAAAG	CGATCAAACG	CTAGTATCAG	TAAATGATTt
msa71927.2{173_JM9130013}	TAACTTATc	TAAAGAAAAG	CGATCAAACG	CTAGTATCAG	TAAATGATTt
msa71927.2{173_1169NT}	TAACTTATc	TAAAGAAAAG	CGATCAAACG	CTAGTATCAG	TAAATGATTt
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
951					
msa71927.2{173_18RS21}	AAAATCTTTA	CCAATTGCTT	ATACTTTGAA	ATCACCATG	GGAACAGAAG
msa71927.2{173_2603}	AAAATCTTTA	CCAATTGCTT	ATACTTTGAA	ATCACCATG	GGAACAGAAG
msa71927.2{173_A909}	AAAATCTTTA	CCAATTGCTT	ATACTTTGAA	ATCACCATG	GGAACAGAAG
msa71927.2{173_090}	AAAATCTTTA	CCAATTGCTT	ATACTTTGAA	ATCACCATG	GGAACAGAAG
msa71927.2{173_CJB110}	AAAATCTTTA	CCAATTGCTT	ATACTTTGAA	ATCACCATG	GGAACAGAAG
msa71927.2{173_COH1}	AAAATCTTTA	CCAATTGCTT	ATACTTTGAA	ATCACCATG	GGAACAGAAG
msa71927.2{173_M781}	AAAATCTTTA	CCAATTGCTT	ATACTTTGAA	ATCACCATG	GGAACAGAAG
msa71927.2{173_M732}	AAAATCTTTA	CCAATTGCTT	ATACTTTGAA	ATCACCATG	GGAACAGAAG
msa71927.2{173_H36B}	AAAATCTTTA	CCAATTGCTT	ATACTTTGAA	ATCACCATG	GGAACAGAAG
msa71927.2{173_JM9130013}	AAAATCTTTA	CCAATTGCTT	ATACTTTGAA	ATCACCATG	GGAACAGAAG
msa71927.2{173_1169NT}	AAAATCTTTA	CCAATTGCTT	ATACTTTGAA	ATCACCATG	GGAACAGAAG
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
1001					
msa71927.2{173_18RS21}	TTAGTCAAGA	TGCTAAAAAc	GCTATTATGG	ACAACGTCac	ATTCTTAAGA
msa71927.2{173_2603}	TTAGTCAAGA	TGCTAAAAAc	GCTATTATGG	ACAACGTCac	ATTCTTAAGA
msa71927.2{173_A909}	TTAGTCAAGA	TGCTAAAAAc	GCTATTATGG	ACAACGTCac	ATTCTTAAGA
msa71927.2{173_090}	TTAGTCAAGA	TGCTAAAAAc	GCTATTATGG	ACAACGTCac	ATTCTTAAGA
msa71927.2{173_CJB110}	TTAGTCAAGA	TGCTAAAAAc	GCTATTATGG	ACAACGTCac	ATTCTTAAGA
msa71927.2{173_COH1}	TTAGTCAAGA	TGCTAAAAAc	GCTATTATGG	ACAACGTCac	ATTCTTAAGA
msa71927.2{173_M781}	TTAGTCAAGA	TGCTAAAAAc	GCTATTATGG	ACAACGTCac	ATTCTTAAGA
msa71927.2{173_M732}	TTAGTCAAGA	TGCTAAAAAc	GCTATTATGG	ACAACGTCac	ATTCTTAAGA
msa71927.2{173_H36B}	TTAGTCAAGA	TGCTAAAAAc	GCTATTATGG	ACAACGTCac	ATTCTTAAGA
msa71927.2{173_JM9130013}	TTAGTCAAGA	TGCTAAAAAc	GCTATTATGG	ACAACGTCac	ATTCTTAAGA
msa71927.2{173_1169NT}	TTAGTCAAGA	TGCTAAAAAc	GCTATTATGG	ACAACGTCac	ATTCTTAAGA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
1051					
msa71927.2{173_18RS21}	aAACAAGGAT	TCAAAGTaAc	AGAGATAGAc	TTACCAATTG	ATGGTAGAGC
msa71927.2{173_2603}	aAACAAGGAT	TCAAAGTaAc	AGAGATAGAc	TTACCAATTG	ATGGTAGAGC
msa71927.2{173_A909}	aAACAAGGAT	TCAAAGTaAc	AGAGATAGAc	TTACCAATTG	ATGGTAGAGC
msa71927.2{173_090}	aAACAAGGAT	TCAAAGTaAc	AGAGATAGAc	TTACCAATTG	ATGGTAGAGC
msa71927.2{173_CJB110}	aAACAAGGAT	TCAAAGTaAc	AGAGATAGAc	TTACCAATTG	ATGGTAGAGC

Table 48: Comparative Sequences relating to SAG1474

msa71927.2{173_COH1}	aAACAAGGAT	TCAAAGTgAC	AGAGATAGat	TTACCAATTG	ATGGTAGAGC
msa71927.2{173_M781}	gAACAAGGAT	TCAAAGTgAC	AGAGATAGat	TTACCAATTG	ATGGTAGAGC
msa71927.2{173_M732}	aAACAAGGAT	TCAAAGTgAC	AGAGATAGat	TTACCAATTG	ATGGTAGAGC
msa71927.2{173_H36B}	aAACAAGGAT	TCAAAGTgAC	AGAGATAGat	TTACCAATTG	ATGGTAGAGC
msa71927.2{173_JM9130013}	aAACAAGGAT	TCAAAGTgAC	AGAGATAGat	TTACCAATTG	ATGGTAGAGC
msa71927.2{173_1169NT}	aAACAAGGAT	TCAAAGTgAC	AGAGATAGat	TTACCAATTG	ATGGTAGAGC
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa71927.2{173_18RS21}	ATTAATGCGT	GATTATTCAA	CCTTGGCTAT	TGGcATGGGA	GGAGCTTTTT
msa71927.2{173_2603}	ATTAATGCGT	GATTATTCAA	CCTTGGCTAT	TGGcATGGGA	GGAGCTTTTT
msa71927.2{173_A909}	ATTAATGCGT	GATTATTCAA	CCTTGGCTAT	TGGcATGGGA	GGAGCTTTTT
msa71927.2{173_090}	ATTAATGCGT	GATTATTCAA	CCTTGGCTAT	TGGcATGGGA	GGAGCTTTTT
msa71927.2{173_CJB110}	ATTAATGCGT	GATTATTCAA	CCTTGGCTAT	TGGcATGGGA	GGAGCTTTTT
msa71927.2{173_COH1}	ATTAATGCGT	GATTATTCAA	CCTTGGCTAT	TGGcATGGGA	GGAGCTTTTT
msa71927.2{173_M781}	ATTAATGCGT	GATTATTCAA	CCTTGGCTAT	TGGcATGGGA	GGAGCTTTTT
msa71927.2{173_M732}	ATTAATGCGT	GATTATTCAA	CCTTGGCTAT	TGGcATGGGA	GGAGCTTTTT
msa71927.2{173_H36B}	ATTAATGCGT	GATTATTCAA	CCTTGGCTAT	TGGcATGGGA	GGAGCTTTTT
msa71927.2{173_JM9130013}	ATTAATGCGT	GATTATTCAA	CCTTGGCTAT	TGGcATGGGA	GGAGCTTTTT
msa71927.2{173_1169NT}	ATTAATGCGT	GATTATTCAA	CCTTGGCTAT	TGGcATGGGA	GGAGCTTTTT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa71927.2{173_18RS21}	CAACAATTGA	AAAAGACTTA	AAAAAACATG	GTTTTACTAA	AGAAGACGTT
msa71927.2{173_2603}	CAACAATTGA	AAAAGACTTA	AAAAAACATG	GTTTTACTAA	AGAAGACGTT
msa71927.2{173_A909}	CAACAATTGA	AAAAGACTTA	AAAAAACATG	GTTTTACTAA	AGAAGACGTT
msa71927.2{173_090}	CAACAATTGA	AAAAGACTTA	AAAAAACATG	GTTTTACTAA	AGAAGACGTT
msa71927.2{173_CJB110}	CAACAATTGA	AAAAGACTTA	AAAAAACATG	GTTTTACTAA	AGAAGACGTT
msa71927.2{173_COH1}	CAACAATTGA	AAAAGACTTA	AAAAAACATG	GTTTTACTAA	AGAAGACGTT
msa71927.2{173_M781}	CAACAATTGA	AAAAGACTTA	AAAAAACATG	GTTTTACTAA	AGAAGACGTT
msa71927.2{173_M732}	CAACAATTGA	AAAAGACTTA	AAAAAACATG	GTTTTACTAA	AGAAGACGTT
msa71927.2{173_H36B}	CAACAATTGA	AAAAGACTTA	AAAAAACATG	GTTTTACTAA	AGAAGACGTT
msa71927.2{173_JM9130013}	CAACAATTGA	AAAAGACTTA	AAAAAACATG	GTTTTACTAA	AGAAGACGTT
msa71927.2{173_1169NT}	CAACAATTGA	AAAAGACTTA	AAAAAACATG	GTTTTACTAA	AGAAGACGTT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa71927.2{173_18RS21}	GATCCtATTA	CTTGGGcAGT	TCATGTTATT	TATCAAAATT	CAGATAAGGC
msa71927.2{173_2603}	GATCCtATTA	CTTGGGcAGT	TCATGTTATT	TATCAAAATT	CAGATAAGGC
msa71927.2{173_A909}	GATCCtATTA	CTTGGGcAGT	TCATGTTATT	TATCAAAATT	CAGATAAGGC
msa71927.2{173_090}	GATCCtATTA	CTTGGGcAGT	TCATGTTATT	TATCAAAATT	CAGATAAGGC
msa71927.2{173_CJB110}	GATCCtATTA	CTTGGGcAGT	TCATGTTATT	TATCAAAATT	CAGATAAGGC
msa71927.2{173_COH1}	GATCCcATTA	CTTGGGcAGT	TCATGTTATT	TATCAAAATT	CAGATAAGGC
msa71927.2{173_M781}	GATCCcATTA	CTTGGGcAGT	TCATGTTATT	TATCAAAATT	CAGATAAGGC
msa71927.2{173_M732}	GATCCcATTA	CTTGGGcAGT	TCATGTTATT	TATCAAAATT	CAGATAAGGC
msa71927.2{173_H36B}	GATCCcATTA	CTTGGGcAGT	TCATGTTATT	TATCAAAATT	CAGATAAGGC
msa71927.2{173_JM9130013}	GATCCcATTA	CTTGGGcAGT	TCATGTTATT	TATCAAAATT	CAGATAAGGC
msa71927.2{173_1169NT}	GATCCtATTA	CTTGGGcAGT	TCATGTTATT	TATCAAAATT	CAGATAAGGC
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa71927.2{173_18RS21}	TGAACCTTAAG	AAATCTATTa	TGGAAGCCCA	AAAACATATG	GATGATTATC
msa71927.2{173_2603}	TGAACCTTAAG	AAATCTATTa	TGGAAGCCCA	AAAACATATG	GATGATTATC
msa71927.2{173_A909}	TGAACCTTAAG	AAATCTATTa	TGGAAGCCCA	AAAACATATG	GATGATTATC
msa71927.2{173_090}	TGAACCTTAAG	AAATCTATTa	TGGAAGCCCA	AAAACATATG	GATGATTATC
msa71927.2{173_CJB110}	TGAACCTTAAG	AAATCTATTa	TGGAAGCCCA	AAAACATATG	GATGATTATC
msa71927.2{173_COH1}	TGAACCTTAAG	AAATCTATTg	TGGAAGCCCA	AAAACATATG	GATGATTATC
msa71927.2{173_M781}	TGAACCTTAAG	AAATCTATTg	TGGAAGCCCA	AAAACATATG	GATGATTATC
msa71927.2{173_M732}	TGAACCTTAAG	AAATCTATTg	TGGAAGCCCA	AAAACATATG	GATGATTATC
msa71927.2{173_H36B}	TGAACCTTAAG	AAATCTATTa	TGGAAGCCCA	AAAACATATG	GATGATTATC
msa71927.2{173_JM9130013}	TGAACCTTAAG	AAATCTATTa	TGGAAGCCCA	AAAACATATG	GATGATTATC
msa71927.2{173_1169NT}	TGAACCTTAAG	AAATCTATTa	TGGAAGCCCA	AAAACATATG	GATGATTATC
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa71927.2{173_18RS21}	GTAAGGCAAT	GGAGAAGCCT	CACAAGCAAT	TTCTATTITT	CTTATCGCCA
msa71927.2{173_2603}	GTAAGGCAAT	GGAGAAGCCT	CACAAGCAAT	TTCTATTITT	CTTATCGCCA
msa71927.2{173_A909}	GTAAGGCAAT	GGAGAAGCCT	CACAAGCAAT	TTCTATTITT	CTTATCGCCA
msa71927.2{173_090}	GTAAGGCAAT	GGAGAAGCCT	CACAAGCAAT	TTCTATTITT	CTTATCGCCA
msa71927.2{173_CJB110}	GTAAGGCAAT	GGAGAAGCCT	CACAAGCAAT	TTCTATTITT	CTTATCGCCA
msa71927.2{173_COH1}	GTAAGGCAAT	GGAGAAGCCT	CACAAGCAAT	TTCTATTITT	CTTATCGCCA
msa71927.2{173_M781}	GTAAGGCAAT	GGAGAAGCCT	CACAAGCAAT	TTCTATTITT	CTTATCGCCA
msa71927.2{173_M732}	GTAAGGCAAT	GGAGAAGCCT	CACAAGCAAT	TTCTATTITT	CTTATCGCCA
msa71927.2{173_H36B}	GTAAGGCAAT	GGAGAAGCCT	CACAAGCAAT	TTCTATTITT	CTTATCGCCA
msa71927.2{173_JM9130013}	GTAAGGCAAT	GGAGAAGCCT	CACAAGCAAT	TTCTATTITT	CTTATCGCCA
msa71927.2{173_1169NT}	GTAAGGCAAT	GGAGAAGCCT	CACAAGCAAT	TTCTATTITT	CTTATCGCCA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa71927.2{173_18RS21}	ACGACCGCAA	GTTTAGCCCC	TCTAAATACA	GATCCATATG	TaACAGAGGA
msa71927.2{173_2603}	ACGACCGCAA	GTTTAGCCCC	TCTAAATACA	GATCCATATG	TaACAGAGGA
msa71927.2{173_A909}	ACGACCGCAA	GTTTAGCCCC	TCTAAATACA	GATCCATATG	TaACAGAGGA
msa71927.2{173_090}	ACGACCGCAA	GTTTAGCCCC	TCTAAATACA	GATCCATATG	TaACAGAGGA

Table 48: Comparative Sequences relating to SAG1474

msa71927.2{173_CJB110}	ACGACCGCAA	GTTTAGCCCC	TCTAAATACA	GATCCATATG	TaACAGAGGA
msa71927.2{173_COH1}	ACGACCGCAA	GTTTAGCCCC	TCTAAATACA	GATCCATATG	TaACAGAGGA
msa71927.2{173_M781}	ACGACCGCAA	GTTTAGCCCC	TCTAAATACA	GATCCATATG	TaACAGAGGA
msa71927.2{173_M732}	ACGACCGCAA	GTTTAGCCCC	TCTAAATACA	GATCCATATG	TaACAGAGGA
msa71927.2{173_H36B}	ACGACCGCAA	GTTTAGCCCC	TCTAAATACA	GATCCATATG	TaACAGAGGA
msa71927.2{173_JM9130013}	ACGACCGCAA	GTTTAGCCCC	TCTAAATACA	GATCCATATG	TaACAGAGGA
msa71927.2{173_1169NT}	ACGACCGCAA	GTTTAGCCCC	TCTAAATACA	GATCCATATG	TaACAGAGGA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
1401					
msa71927.2{173_18RS21}	AGATAAAAGA	GCGATTTATA	ATATGGAAAA	CTTGAGCCAA	GAAGAAAGAA
msa71927.2{173_2603}	AGATAAAAGA	GCGATTTATA	ATATGGAAAA	CTTGAGCCAA	GAAGAAAGAA
msa71927.2{173_A909}	AGATAAAAGA	GCGATTTATA	ATATGGAAAA	CTTGAGCCAA	GAAGAAAGAA
msa71927.2{173_090}	AGATAAAAGA	GCGATTTATA	ATATGGAAAA	CTTGAGCCAA	GAAGAAAGAA
msa71927.2{173_CJB110}	AGATAAAAGA	GCGATTTATA	ATATGGAAAA	CTTGAGCCAA	GAAGAAAGAA
msa71927.2{173_COH1}	AGATAAAAGA	GCGATTTATA	ATATGGAAAA	CTTGAGCCAA	GAAGAAAGAA
msa71927.2{173_M781}	AGATAAAAGA	GCGATTTATA	ATATGGAAAA	CTTGAGCCAA	GAAGAAAGAA
msa71927.2{173_M732}	AGATAAAAGA	GCGATTTATA	ATATGGAAAA	CTTGAGCCAA	GAAGAAAGAA
msa71927.2{173_H36B}	AGATAAAAGA	GCGATTTATA	ATATGGAAAA	CTTGAGCCAA	GAAGAAAGAA
msa71927.2{173_JM9130013}	AGATAAAAGA	GCGATTTATA	ATATGGAAAA	CTTGAGCCAA	GAAGAAAGAA
msa71927.2{173_1169NT}	AGATAAAAGA	GCGATTTATA	ATATGGAAAA	CTTGAGCCAA	GAAGAAAGAA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
1451					
msa71927.2{173_18RS21}	TTGCTCTCTT	TAATCGCCAG	TGGGAGCCTA	TGTTGCGTAG	AACACCTTTT
msa71927.2{173_2603}	TTGCTCTCTT	TAATCGCCAG	TGGGAGCCTA	TGTTGCGTAG	AACACCTTTT
msa71927.2{173_A909}	TTGCTCTCTT	TAATCGCCAG	TGGGAGCCTA	TGTTGCGTAG	AACACCTTTT
msa71927.2{173_090}	TTGCTCTCTT	TAATCGCCAG	TGGGAGCCTA	TGTTGCGTAG	AACACCTTTT
msa71927.2{173_CJB110}	TTGCTCTCTT	TAATCGCCAG	TGGGAGCCTA	TGTTGCGTAG	AACACCTTTT
msa71927.2{173_COH1}	TTGCTCTCTT	TAATCGCCAG	TGGGAGCCTA	TGTTGCGTAG	AACACCTTTT
msa71927.2{173_M781}	TTGCTCTCTT	TAATCGCCAG	TGGGAGCCTA	TGTTGCGTAG	AACACCTTTT
msa71927.2{173_M732}	TTGCTCTCTT	TAATCGCCAG	TGGGAGCCTA	TGTTGCGTAG	AACACCTTTT
msa71927.2{173_H36B}	TTGCTCTCTT	TAATCGCCAG	TGGGAGCCTA	TGTTGCGTAG	AACACCTTTT
msa71927.2{173_JM9130013}	TTGCTCTCTT	TAATCGCCAG	TGGGAGCCTA	TGTTGCGTAG	AACACCTTTT
msa71927.2{173_1169NT}	TTGCTCTCTT	TAATCGCCAG	TGGGAGCCTA	TGTTGCGTAG	AACACCTTTT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
1501					
msa71927.2{173_18RS21}	ACACaAATTG	CTAATATGAC	AGGACTCCCA	GCTATCAGTA	TCCCGACTTA
msa71927.2{173_2603}	ACACaAATTG	CTAATATGAC	AGGACTCCCA	GCTATCAGTA	TCCCGACTTA
msa71927.2{173_A909}	ACACaAATTG	CTAATATGAC	AGGACTCCCA	GCTATCAGTA	TCCCGACTTA
msa71927.2{173_090}	ACACaAATTG	CTAATATGAC	AGGACTCCCA	GCTATCAGTA	TCCCGACTTA
msa71927.2{173_CJB110}	ACACaAATTG	CTAATATGAC	AGGACTCCCA	GCTATCAGTA	TCCCGACTTA
msa71927.2{173_COH1}	ACACaAATTG	CTAATATGAC	AGGACTCCCA	GCTATCAGTA	TCCCGACTTA
msa71927.2{173_M781}	ACACaAATTG	CTAATATGAC	AGGACTCCCA	GCTATCAGTA	TCCCGACTTA
msa71927.2{173_M732}	ACACaAATTG	CTAATATGAC	AGGACTCCCA	GCTATCAGTA	TCCCGACTTA
msa71927.2{173_H36B}	ACACaAATTG	CTAATATGAC	AGGACTCCCA	GCTATCAGTA	TCCCGACTTA
msa71927.2{173_JM9130013}	ACACaAATTG	CTAATATGAC	AGGACTCCCA	GCTATCAGTA	TCCCGACTTA
msa71927.2{173_1169NT}	ACACaAATTG	CTAATATGAC	AGGACTCCCA	GCTATCAGTA	TCCCGACTTA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
1551					
msa71927.2{173_18RS21}	CITATCTGAG	TCTGGTTTAC	CCATAGGGAC	GATGTTAATG	GCAGGTGCAA
msa71927.2{173_2603}	CITATCTGAG	TCTGGTTTAC	CCATAGGGAC	GATGTTAATG	GCAGGTGCAA
msa71927.2{173_A909}	CITATCTGAG	TCTGGTTTAC	CCATAGGGAC	GATGTTAATG	GCAGGTGCAA
msa71927.2{173_090}	CITATCTGAG	TCTGGTTTAC	CCATAGGGAC	GATGTTAATG	GCAGGTGCAA
msa71927.2{173_CJB110}	CITATCTGAG	TCTGGTTTAC	CCATAGGGAC	GATGTTAATG	GCAGGTGCAA
msa71927.2{173_COH1}	CITATCTGAG	TCTGGTTTAC	CCATAGGGAC	GATGTTAATG	GCAGGTGCAA
msa71927.2{173_M781}	CITATCTGAG	TCTGGTTTAC	CCATAGGGAC	GATGTTAATG	GCAGGTGCAA
msa71927.2{173_M732}	CITATCTGAG	TCTGGTTTAC	CCATAGGGAC	GATGTTAATG	GCAGGTGCAA
msa71927.2{173_H36B}	CITATCTGAG	TCTGGTTTAC	CCATAGGGAC	GATGTTAATG	GCAGGTGCAA
msa71927.2{173_JM9130013}	CITATCTGAG	TCTGGTTTAC	CCATAGGGAC	GATGTTAATG	GCAGGTGCAA
msa71927.2{173_1169NT}	CITATCTGAG	TCTGGTTTAC	CCATAGGGAC	GATGTTAATG	GCAGGTGCAA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
1601					
msa71927.2{173_18RS21}	ACTATGATAT	GGTATTAATT	AAATTTGCAA	CTTTCCTTGA	AAAACATCAT
msa71927.2{173_2603}	ACTATGATAT	GGTATTAATT	AAATTTGCAA	CTTTCCTTGA	AAAACATCAT
msa71927.2{173_A909}	ACTATGATAT	GGTATTAATT	AAATTTGCAA	CTTTCCTTGA	AAAACATCAT
msa71927.2{173_090}	ACTATGATAT	GGTATTAATT	AAATTTGCAA	CTTTCCTTGA	AAAACATCAT
msa71927.2{173_CJB110}	ACTATGATAT	GGTATTAATT	AAATTTGCAA	CTTTCCTTGA	AAAACATCAT
msa71927.2{173_COH1}	ACTATGATAT	GGTATTAATT	AAATTTGCAA	CTTTCCTTGA	AAAACATCAT
msa71927.2{173_M781}	ACTATGATAT	GGTATTAATT	AAATTTGCAA	CTTTCCTTGA	AAAACATCAT
msa71927.2{173_M732}	ACTATGATAT	GGTATTAATT	AAATTTGCAA	CTTTCCTTGA	AAAACATCAT
msa71927.2{173_H36B}	ACTATGATAT	GGTATTAATT	AAATTTGCAA	CTTTCCTTGA	AAAACATCAT
msa71927.2{173_JM9130013}	ACTATGATAT	GGTATTAATT	AAATTTGCAA	CTTTCCTTGA	AAAACATCAT
msa71927.2{173_1169NT}	ACTATGATAT	GGTATTAATT	AAATTTGCAA	CTTTCCTTGA	AAAACATCAT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
1651					
msa71927.2{173_18RS21}	GGTTTTAATG	TTAAATGGCA	AAGAATAATA	GATAAAGAAG	TGAAACCATC
msa71927.2{173_2603}	GGTTTTAATG	TTAAATGGCA	AAGAATAATA	GATAAAGAAG	TGAAACCATC
msa71927.2{173_A909}	GGTTTTAATG	TTAAATGGCA	AAGAATAATA	GATAAAGAAG	TGAAACCATC

Table 48: Comparative Sequences relating to SAG1474

msa71927.2{173_090}	GGTTTTAATG	TTAAATGGCA	AAGAATAATA	GATAAAGAAG	TGAAACCATC
msa71927.2{173_CJB110}	GGTTTTAATG	TTAAATGGCA	AAGAATAATA	GATAAAGAAG	TGAAACCATC
msa71927.2{173_COH1}	GGTTTTAATG	TTAAATGGCA	AAGAATAATA	GATAAAGAAG	TGAAACCATC
msa71927.2{173_M781}	GGTTTTAATG	TTAAATGGCA	AAGAATAATA	GATAAAGAAG	TGAAACCATC
msa71927.2{173_M732}	GGTTTTAATG	TTAAATGGCA	AAGAATAATA	GATAAAGAAG	TGAAACCATC
msa71927.2{173_H36B}	GGTTTTAATG	TTAAATGGCA	AAGAATAATA	GATAAAGAAG	TGAAACCATC
msa71927.2{173_JM9130013}	GGTTTTAATG	TTAAATGGCA	AAGAATAATA	GATAAAGAAG	TGAAACCATC
msa71927.2{173_1169NT}	GGTTTTAATG	TTAAATGGCA	AAGAATAATA	GATAAAGAAG	TGAAACCATC
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa71927.2{173_18RS21}	TaCTGgCCTA	ATACAGCCTA	CTAACTCCCT	CTTTAAAGCT	CATTTCATCAT
msa71927.2{173_2603}	TaCTGgCCTA	ATACAGCCTA	CTAACTCCCT	CTTTAAAGCT	CATTTCATCAT
msa71927.2{173_A909}	TaCTGgCCTA	ATACAGCCTA	CTAACTCCCT	CTTTAAAGCT	CATTTCATCAT
msa71927.2{173_090}	TaCTGgCCTA	ATACAGCCTA	CTAACTCCCT	CTTTAAAGCT	CATTTCATCAT
msa71927.2{173_CJB110}	TaCTGgCCTA	ATACAGCCTA	CTAACTCCCT	CTTTAAAGCT	CATTTCATCAT
msa71927.2{173_COH1}	TgCTGaCCTA	ATACAGCCTA	CTAACTCCCT	CTTTAAAGCT	CATTTCATCAT
msa71927.2{173_M781}	TgCTGaCCTA	ATACAGCCTA	CTAACTCCCT	CTTTAAAGCT	CATTTCATCAT
msa71927.2{173_M732}	TgCTGaCCTA	ATACAGCCTA	CTAACTCCCT	CTTTAAAGCT	CATTTCATCAT
msa71927.2{173_H36B}	TaCTGgCCTA	ATACAGCCTA	CTAACTCCCT	CTTTAAAGCT	CATTTCATCAT
msa71927.2{173_JM9130013}	TaCTGgCCTA	ATACAGCCTA	CTAACTCCCT	CTTTAAAGCT	CATTTCATCAT
msa71927.2{173_1169NT}	TaCTGgCCTA	ATACAGCCTA	CTAACTCCCT	CTTTAAAGCT	CATTTCATCAT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa71927.2{173_18RS21}	TAGTAAATTT	AGAAGAAAAT	TCACAAGTTA	CTCAAGTATC	TATCTCTAAA
msa71927.2{173_2603}	TAGTAAATTT	AGAAGAAAAT	TCACAAGTTA	CTCAAGTATC	TATCTCTAAA
msa71927.2{173_A909}	TAGTAAATTT	AGAAGAAAAT	TCACAAGTTA	CTCAAGTATC	TATCTCTAAA
msa71927.2{173_090}	TAGTAAATTT	AGAAGAAAAT	TCACAAGTTA	CTCAAGTATC	TATCTCTAAA
msa71927.2{173_CJB110}	TAGTAAATTT	AGAAGAAAAT	TCACAAGTTA	CTCAAGTATC	TATCTCTAAA
msa71927.2{173_COH1}	TAGTAAATTT	AGAAGAAAAT	TCACAAGTTA	CTCAAGTATC	TATCTCTAAA
msa71927.2{173_M781}	TAGTAAATTT	AGAAGAAAAT	TCACAAGTTA	CTCAAGTATC	TATCTCTAAA
msa71927.2{173_M732}	TAGTAAATTT	AGAAGAAAAT	TCACAAGTTA	CTCAAGTATC	TATCTCTAAA
msa71927.2{173_H36B}	TAGTAAATTT	AGAAGAAAAT	TCACAAGTTA	CTCAAGTATC	TATCTCTAAA
msa71927.2{173_JM9130013}	TAGTAAATTT	AGAAGAAAAT	TCACAAGTTA	CTCAAGTATC	TATCTCTAAA
msa71927.2{173_1169NT}	TAGTAAATTT	AGAAGAAAAT	TCACAAGTTA	CTCAAGTATC	TATCTCTAAA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa71927.2{173_18RS21}	AAATGGATGA	AATCGTCTGT	TAAAAATAAA	ccatccgtaa	tggcatatca
msa71927.2{173_2603}	AAATGGATGA	AATCGTCTGT	TAAAAATAAA	ccatccgtaa	tggcatatca
msa71927.2{173_A909}	AAATGGATGA	AATCGTCTGT	TAAAAATAAA	ccatccgtaa	tggcatatca
msa71927.2{173_090}	AAATGGATGA	AATCGTCTGT	TAAAAATAAA	ccatccgtaa	tggcatatca
msa71927.2{173_CJB110}	AAATGGATGA	AATCGTCTGT	TAAAAATAAA	ccatccgtaa	tggcatatca
msa71927.2{173_COH1}	AAATGGATGA	AATCGTCTGT	TAAAAATAAA	ccatccgtaa	tggcatatca
msa71927.2{173_M781}	AAATGGATGA	AATCGTCTGT	TAAAAATAAA	ccatccgtaa	tggcatatca
msa71927.2{173_M732}	AAATGGATGA	AATCGTCTGT	TAAAAATAAA	ccatccgtaa	tggcatatca
msa71927.2{173_H36B}	AAATGGATGA	AATCGTCTGT	TAAAAATAAA	ccatccgtaa	tggcatatca
msa71927.2{173_JM9130013}	AAATGGATGA	AATCGTCTGT	TAAAAATAAA	ccatccgtaa	tggcatatca
msa71927.2{173_1169NT}	AAATGGATGA	AATCGTCTGT	TAAAAATAAA	ccatccgtaa	tggcatatca
Consensus	*****	*****	*****	-----	-----
msa71927.2{173_18RS21}	aaaagca				
msa71927.2{173_2603}	aaaagca				
msa71927.2{173_A909}	aaaagca				
msa71927.2{173_090}	aaaagca				
msa71927.2{173_CJB110}	aaaagca				
msa71927.2{173_COH1}	aaaagca				
msa71927.2{173_M781}	aaaagca				
msa71927.2{173_M732}	aaaagca				
msa71927.2{173_H36B}	-----				
msa71927.2{173_JM9130013}	-----				
msa71927.2{173_1169NT}	aaaagca				
Consensus	-----				

SEQ ID NO: 4814

STRAIN 2603 frame: 1

NSTETASVVPPTNTIVQTNDNSNPTAKFVSESGQSVIGQVKPDNSAALTTVDTPHHISAP  
 DALKTTQSSPVVESTSTKLTRETYKQKQDLANMVRSGQVTSBELVNMAYDIIAKENPS  
 LNAVITTRRQEAIEBARKLKDTNQPFLLVGLGHSIKQGETNNGLIYADGKISTFD  
 SSVYKKYKDLGFIILGQTNFPYEGWRNITDSKLYGLTHNPWDLAHNAGSGSSGSAAIAS  
 GMTPIASGSDAGGSIRLPSSWTGLVGLKPTRGLVSNKPKPSYSTAVHFPLTKSSRDAETL  
 LTYLKKSDQTLVSVNDLKSLLPIAYTLKSPMGTEVSQDAKNAIMDNVTFLRQGGFKVTEID  
 LPIDGRALMRDYSTLAIMGMGAFSTIEKDLKKHGFTEKEDVDPIWVHVIVQNSDKAELK  
 KSIMBAQKHMDDYRKAMEKLHKQFPFIPLSPPTTASLAPLNTDPYVTEEDKRAIYNMENLSQ  
 EERIALFNRRQWPEMLRRTPFTQIANMTGLPAISIPYLSBSGLPIGIMLMAGANYDMVLI  
 KPATFFEKHHGFNVKQWRIIDKEVKPSTGLIQPTNSLFKAHSSLVNLEENSQVTQVSIK  
 KMKSSVKNKPSVMAYQKA

SEQ ID NO: 4815

STRAIN 090 frame: 1

NSTETASVVPPTNTIVQTNDNSNPTAKFVSESGQSVIGQVKPDNSAALTTVDTPHHISAP



Table 48: Comparative Sequences relating to SAG1474

DALKTTQSSPVVESTSTKLTEETYKQKDGQDLANMVRSGQVTSBELVNMAVDIIAKENPS  
LNAVITTRRQEAIEEARKLKDTNQPFLLVGLVPLLVKGLGHSIKGGETNNGLIYADGKISTFD  
SSYVKKYKDLGFIILGQTNFPEYGWRNITDSKLYGLTHNPWDLAHNAGSSGGSSAAAIAS  
GMTPIASGSDAGGSIRIPSSWTGLVGLKPTRGLVSNKPDYSYSTAVHFFPLTKSSRDAETL  
LTYLKKSDQTLVSVNDLKSPLIAYTLKSPMGTEVSQDAKNAIMDNVTFRLKQGFVKTEID  
LPIDGRALMRDYSTLAIGMGGAFFSTIEKDLKKHGFTKEDVDPITWAVHVIYQNSDKAELK  
KSIMEAQKHMDYRKAMEKLHKQFPFIPLSPTTASLAPLNTDPYVTEEDKRAIYNMENLSQ  
EERIALFNROQWEPMLRRTFPTQIANMTGLPAISIPTYLSESGPLIGTMLMAGANYDMVLI  
KFATFFEKHHGFNVKQRIIDKEVKPSTGLIQPTNSLFAHSSLVNLEENSQVTSISK  
KMKSSVKNKPSVMAYQKA

SEQ ID NO: 4816

STRAIN A909 frame: 2

TTNTIVQTNDSNPTAKFVSESGQSVIGQVKPDNSAALTVDTPHHISAPDALKTTQSSPV  
VESTSTKLTEETYKQKDGQDLANMVRSGQVTSBELVNMAVDIIAKENPSLNAVITTRRQ  
AIEEARKLKDTNQPFLLVGLVPLLVKGLGHSIKGGETNNGLIYADGKISTFSSYVKKYKDLG  
FIILGQTNFPEYGWRNITDSKLYGLTHNPWDLAHNAGSSGGSSAAAIASGMTPIASGSDA  
GGSIRIPSSWTGLVGLKPTRGLVSNKPDYSYSTAVHFFPLTKSSRDAETLLTYLKKSDQTL  
VSVNDLKSPLIAYTLKSPMGTEVSQDAKNAIMDNVTFRLKQGFVKTEIDLPIDGRALMRD  
YSTLAIGMGGAFFSTIEKDLKKHGFTKEDVDPITWAVHVIYQNSDKAELKKSIMEAQKHMD  
DYRKAMEKLHKQFPFIPLSPTTASLAPLNTDPYVTEEDKRAIYNMENLSQEEERIALFNROQ  
WEPMLRRTFPTQIANMTGLPAISIPTYLSESGPLIGTMLMAGANYDMVLIKFATFFEKHHG  
FNVKQRIIDKEVKPSTGLIQPTNSLFAHSSLVNLEENSQVTSISKMKSSVKNKPSVMAYQKA

SEQ ID NO: 4817

STRAIN COH1 frame: 1

NSTETSASVAPTNTIVQTNDSNPTAKFSESGQSVIGQVKPANSAAALTVDTPHHISAPD  
ALKTTQSSPVVESTSTKLTEETYKQKDGQDLANMVRSGQVTSBELVNMAVDIIAKENPSL  
NAVITTRRQEAIEEARKLKDTNQPFLLVGLVPLLVKGLGHSIKGGETNNGLIYADGKISTFDS  
SYVKKYKDLGFIILGQTNFPEYGWRNITDSKLYGPTHNPWDLAHNAGSSGGSSAAAIASG  
MTPIASGSDAGGSIRIPSSWTGLVGLKPTRGLVSNKPDYSYSTAVHFFPLTKSSRDAETLL  
TYLKKSDQTLVSVNDLKSPLIAYTLKSPMGTEVSQDAKNAIMDNVTFRLKQGFVKTEIDLP  
IDGRALMRDYSTLAIGMGGAFFSTIEKDLKKHGFTKEDVDPITWAVHVIYQNSDKAELKKS  
SIVEAQKHMDYRKAMEKLHKQFPFIPLSPTTASLAPLNTDPYVTEEDKRAIYNMENLSQ  
EERIALFNROQWEPMLRRTFPTQIANMTGLPAISIPTYLSESGPLIGTMLMAGANYDMVLI  
KFATFFEKHHGFNVKQRIIDKEVKPSADLIQPTNSLFAHSSLVNLEENSQVTSISK  
KMKSSVKNKPSVMAYQKA

SEQ ID NO: 4818

STRAIN M732 frame: 1

SVAPTNTIVQTNDSNPTAKFSESGQSVIGQVKPANSAAALTVDTPHHISAPDALKTTQ  
SPVVESTSTKLTEETYKQKDGQDLANMVRSGQVTSBELVNMAVDIIAKENPSLNAVITTR  
RQEAIEEARKLKDTNQPFLLVGLVPLLVKGLGHSIKGGETNNGLIYADGKISTFSSYVKKYK  
DLGFIILGQTNFPEYGWRNITDSKLYGPTHNPWDLAHNAGSSGGSSAAAIASGMTPIASG  
SDAGGSIRIPSSWTGLVGLKPTRGLVSNKPDYSYSTAVHFFPLTKSSRDAETLLTYLKKSD  
QTLVSVNDLKSPLIAYTLKSPMGTEVSQDAKNAIMDNVTFRLKQGFVKTEIDLPIDGRAL  
MRDYSTLAIGMGGAFFSTIEKDLKKHGFTKEDVDPITWAVHVIYQNSDKAELKKSIVEAQ  
KHMDYRKAMEKLHKQFPFIPLSPTTASLAPLNTDPYVTEEDKRAIYNMENLSQEEERIALFN  
ROQWEPMLRRTFPTQIANMTGLPAISIPTYLSESGPLIGTMLMAGANYDMVLIKFATFFEK  
HHGFNVKQRIIDKEVKPSADLIQPTNSLFAHSSLVNLEENSQVTSISKMKSSVKNKPSVMAYQKA

SEQ ID NO: 4819

STRAIN 18RS21 frame: 1

NSTETSASVAPTNTIVQTNDSNPTAKFVSESGQSVIGQVKPDNSAALTVDTPHHISAP  
DALKTTQSSPVVESTSTKLTEETYKQKDGQDLANMVRSGQVTSBELVNMAVDIIAKENPS  
LNAVITTRRQEAIEEARKLKDTNQPFLLVGLVPLLVKGLGHSIKGGETNNGLIYADGKISTFD  
SSYVKKYKDLGFIILGQTNFPEYGWRNITDSKLYGLTHNPWDLAHNAGSSGGSSAAAIAS  
GMTPIASGSDAGGSIRIPSSWTGLVGLKPTRGLVSNKPDYSYSTAVHFFPLTKSSRDAETL  
LTYLKKSDQTLVSVNDLKSPLIAYTLKSPMGTEVSQDAKNAIMDNVTFRLKQGFVKTEID  
LPIDGRALMRDYSTLAIGMGGAFFSTIEKDLKKHGFTKEDVDPITWAVHVIYQNSDKAELK  
KSIMEAQKHMDYRKAMEKLHKQFPFIPLSPTTASLAPLNTDPYVTEEDKRAIYNMENLSQ  
EERIALFNROQWEPMLRRTFPTQIANMTGLPAISIPTYLSESGPLIGTMLMAGANYDMVLI  
KFATFFEKHHGFNVKQRIIDKEVKPSTGLIQPTNSLFAHSSLVNLEENSQVTSISK  
KMKSSVKNKPSVMAYQKA

SEQ ID NO: 4820

STRAIN M781 frame: 2

ASVAPTNTIVQTNDSNPTAKFSESGQSVIGQVKPANSAAALTVDTPHHISAPDALKTTQ  
SSPVVESTSTKLTEETYKQKDGQDLANMVRSGQVTSBELVNMAVDIIAKENPSLNAVITTR  
RQEAIEEARKLKDTNQPFLLVGLVPLLVKGLGHSIKGGETNNGLIYADGKISTFSSYVKKYK  
KDLGFIILGQTNFPEYGWRNITDSKLYGPTHNPWDLAHNAGSSGGSSAAAIASGMTPIAS  
GSDAGGSIRIPSSWTGLVGLKPTRGLVSNKPDYSYSTAVHFFPLTKSSRDAETLLTYLKKSD  
QTLVSVNDLKSPLIAYTLKSPMGTEVSQDAKNAIMDNVTFRLKQGFVKTEIDLPIDGRA  
LMRDYSTLAIGMGGAFFSTIEKDLKKHGFTKEDVDPITWAVHVIYQNSDKAELKKSIVEAQ  
KHMDYRKAMEKLHKQFPFIPLSPTTASLAPLNTDPYVTEEDKRAIYNMENLSQEEERIALF  
NRQWEPMLRRTFPTQIANMTGLPAISIPTYLSESGPLIGTMLMAGANYDMVLIKFATFFEK  
HHGFNVKQRIIDKEVKPSADLIQPTNSLFAHSSLVNLEENSQVTSISKMKSSVKNKPSVMAYQKA

SEQ ID NO: 4821

STRAIN CJB110 frame: 3

Table 48: Comparative Sequences relating to SAG1474

VPTTNTIVQTNDSNPTAKFVSESGQSVIGQVKPDNSAALTTVDTPHHISAPDALKTTQSS  
 PVVSTSTKLTEETYKQKDGQDLANMVRSGQVTSEELVNMAIDI IAKENPSLNAVITTR  
 QRAIEBARKLKDNTQNPFLGVPLLVKGLGHSIKGGETNNGLIYADGKI STFDSSYVKKYK  
 LGFIILGQTNFPEYGWRNITDSKLYGLTHNPNWDLAHNAGGSSGSAASGMPPIASGS  
 DAGGSIRIPSSWTGLVGLKPTRGLVSHKPDSTAVHFPPLTKSSRDAETLLTYLKKSDQ  
 TLVSVNDLKSPLIAYTLKSPMGTEVSQDAKNAIMDNVTFLRKQGFVKTEIDLPIDGRAL  
 RDYSTLAIGMGAFSTIEKDLKKGFTKEDVDPITWAVHVIYQNSDKAELKKSIMEAQK  
 MDDYRKAMEKLHKQFPFIPLSPPTASLAPLNTDPYVTEEDKRAIYNMENLSQEBRIALFN  
 QWEPMLRRTPTFTQIANMTGLPAISIPTYLSESGLPITGMLMAGANYDMVLIKFATFFEKH  
 HGFPNVKQRIIDKEVKPSTGLIQPTNSLFAHSSLVNLEENSQVTQVSIKKWMKSSSVK  
 KPSVMAYQKA

SEQ ID NO: 4822

STRAIN 1169NT frame: 1

NSTETASVAPTNTIVQTNDSNPTAKFSESGQSVIGQVKPDNSAALTTVDTPHHISAPD  
 DLKTTQSSPVVSTSTKLTEETYKQKDGQDLANMVRSGQVTSEELVNMAIDI IAKENPSL  
 NAVITTRQRAIEBARKLKDNTQNPFLGVPLLVKGLGHSIKGGETNNGLIYADGKI STFD  
 SYVKKYKDLGFIILGQTNFPEYGWRNITDSKLYGPTHNPNWDLAHNAGGSSGSAASG  
 MTPPIASGSDAGGSIRIPSSWTGLVGLKPTRGLVSHKPDSTAVHFPPLTKSSRDAETLL  
 TYLKKSDQTLVSVNDLKSPLIAYTLKSPMGTEVSQDAKNAIMDNVTFLRKQGFVKTEIDLP  
 PIDGRALMRDYSTLAIGMGAFSTIEKDLKKGFTKEDVDPITWAVHVIYQNSDKAELKKS  
 SIMEAQKHMDYRKAMEKLHKQFPFIPLSPPTASLAPLNTDPYVTEEDKRAIYNMENLSQEB  
 RIALFNQWEPMLRRTPTFTQIANMTGLPAISIPTYLSESGLPITGMLMAGANYDMVLIK  
 FATFFEKHGHGFPNVKQRIIDKEVKPSTGLIQPTNSLFAHSSLVNLEENSQVTQVSIKK  
 WMKSSSVKNKPSVMAYQKA

SEQ ID NO: 4823

STRAIN JM9130013 frame: 2

SVAPTNTIVQTNDSNPTAKFSESGQSVIGQVKPDNSAALTTVDTPHHISAPDALKTTQSS  
 SPVVESSPTKLTEETYKQKDGQDLANMVRSGQVTSEELVNMAIDI IAKENPSLNAVITTR  
 ROEAIIEBARKLKDNTQNPFLGVPLLVKGLGHSIKGGETNNGLIYAGGKI STFDSSYVKKYK  
 DLGFIILGQTNFPEYGWRNITDSKLYGPTHNPNWDLAHNAGGSSGSAASGMPPIASG  
 SDAGGSIRIPSSWTGLVGLKPTRGLVSHKPDSTAVHFPPLTKSSRDAETLLTYLKKSD  
 QTLVSVNDLKSPLIAYTLKSPMGTEVSQDAKNAIMDNVTFLRKQGFVKTEIDLPIDGRAL  
 MRDYSTLAIGMGAFSTIEKDLKKGFTKEDVDPITWAVHVIYQNSDKAELKKSIMEAQK  
 HMDYRKAMEKLHKQFPFIPLSPPTASLAPLNTDPYVTEEDKRAIYNMENLSQEBRIALFN  
 RQWEPMLRRTPTFTQIANMTGLPAISIPTYLSESGLPITGMLMAGANYDMVLIKFATFFEK  
 YHGFPNVKQRIIDKEVKPSTGLIQPTNSLFAHSSLVNLEENSQVTQVSIKKWMKSSSVK  
 NKPSVMAY

SEQ ID NO: 4824

STRAIN H36B frame: 3

SVVPTNTIVQTNDSNPTAKFSESGQSVIGQVKPDNSAALTTVDTPHHISAPDALKTTQSS  
 SPVVESSPTKLTEETYKQKDGQDLANMVRSGQVTSEELVNMAIDI IAKENPSLNAVITTR  
 ROEAIIEBARKLKDNTQNPFLGVPLLVKGLGHSIKGGETNNGLIYAGGKI STFDSSYVKKYK  
 DLGFIILGQTNFPEYGWRNITDSKLYGPTHNPNWDLAHNAGGSSGSAASGMPPIASG  
 SDAGGSIRIPSSWTGLVGLKPTRGLVSHKPDSTAVHFPPLTKSSRDAETLLTYLKKSD  
 QTLVSVNDLKSPLIAYTLKSPMGTEVSQDAKNAIMDNVTFLRKQGFVKTEIDLPIDGRAL  
 MRDYSTLAIGMGAFSTIEKDLKKGFTKEDVDPITWAVHVIYQNSDKAELKKSIMEAQK  
 HMDYRKAMEKLHKQFPFIPLSPPTASLAPLNTDPYVTEEDKRAIYNMENLSQEBRIALFN  
 RQWEPMLRRTPTFTQIANMTGLPAISIPTYLSESGLPITGMLMAGANYDMVLIKFATFFEK  
 YHGFPNVKQRIIDKEVKPSTGLIQPTNSLFAHSSLVNLEENSQVTQVSIKKWMKSSSVK  
 NK

PRETTY of: /biotmp/msa72034.2{\*} January 22, 2003 07:25 ..

	1		50
msa72034.2{173_090}	nstetsasvv	pTNTTIVQTN DSNPTAKFvS	ESGQSVigQV KpDnSaALTT
msa72034.2{173_18R521}	nstetsasvv	pTNTTIVQTN DSNPTAKFvS	ESGQSVigQV KpDnSaALTT
msa72034.2{173_2603}	nstetsasvv	pTNTTIVQTN DSNPTAKFvS	ESGQSVigQV KpDnSaALTT
msa72034.2{173_A909}	-----	-TNTTIVQTN DSNPTAKFvS	ESGQSVigQV KpDnSaALTT
msa72034.2{173_CJB110}	-----v	pTNTTIVQTN DSNPTAKFvS	ESGQSVigQV KpDnSaALTT
msa72034.2{173_COH1}	nstetsasva	pTNTTIVQTN DSNPTAKFaS	ESGQSVigQV KPaNSaALTT
msa72034.2{173_M732}	-----sva	pTNTTIVQTN DSNPTAKFaS	ESGQSVigQV KPaNSaALTT
msa72034.2{173_M781}	-----asva	pTNTTIVQTN DSNPTAKFaS	ESGQSVigQV KPaNSaALTT
msa72034.2{173_1169NT}	nstetsasva	pTNTTIVQTN DSNPTAKFaS	ESGQSVicQV KpDnSaALTT
msa72034.2{173_H36B}	-----svv	pTNTTIVQTN DSNPTAKFaS	ESGQSVigQV KPaNSaALTT
msa72034.2{173_JM9130013}	-----sva	pTNTTIVQTN DSNPTAKFaS	ESGQSVigQV KPaNSaALTT
	Consensus	-----	*****
	51		100
msa72034.2{173_090}	VDTPHHISAP	DaLkTTQSSP VVEStSTKLt	BETyKQKDGk dLANMVRSGQ
msa72034.2{173_18R521}	VDTPHHISAP	DaLkTTQSSP VVEStSTKLt	BETyKQKDGq dLANMVRSGQ
msa72034.2{173_2603}	VDTPHHISAP	DaLkTTQSSP VVEStSTKLt	BETyKQKDGq dLANMVRSGQ
msa72034.2{173_A909}	VDTPHHISAP	DaLkTTQSSP VVEStSTKLt	BETyKQKDGq dLANMVRSGQ
msa72034.2{173_CJB110}	VDTPHHISAP	DaLkTTQSSP VVEStSTKLt	BETyKQKDGk dLANMVRSGQ
msa72034.2{173_COH1}	VDTPHHISAP	DaLkTTQSSP VVESpSTKLt	BETyKQKDGq dLANMVRSGQ
msa72034.2{173_M732}	VDTPHHISAP	DaLkTTQSSP VVESpSTKLt	BETyKQKDGq dLANMVRSGQ
msa72034.2{173_M781}	VDTPHHISAP	DaLkTTQSSP VVESpSTKLt	BETyKQKDGq dLANMVRSGQ
msa72034.2{173_1169NT}	VDTPHHISAP	DaLkTTQSSP VVEStSTKLt	BETyKQKDGq dLANMVRSGQ
msa72034.2{173_H36B}	VDTPHHISAP	DaLkTTQSSP VVESpSTKLt	BETyKQKDGq dLANMVRSGQ
msa72034.2{173_JM9130013}	VDTPHHISAP	DaLkTTQSSP VVESpSTKLt	BETyKQKDGq dLANMVRSGQ

Table 48: Comparative Sequences relating to SAG1474

Consensus	***-*****	*-*****	****-*****	*****-*	*****-*
msa72034.2{173_090}	101				150
msa72034.2{173_18RS21}	VTSEELVNMA	YDIIAKENPS	LNAVITTRRQ	BAIEEARKLK	DTNQPFLLGVP
msa72034.2{173_2603}	VTSEELVNMA	YDIIAKENPS	LNAVITTRRQ	BAIEEARKLK	DTNQPFLLGVP
msa72034.2{173_A909}	VTSEELVNMA	YDIIAKENPS	LNAVITTRRQ	BAIEEARKLK	DTNQPFLLGVP
msa72034.2{173_CJB110}	VTSEELVNMA	YDIIAKENPS	LNAVITTRRQ	BAIEEARKLK	DTNQPFLLGVP
msa72034.2{173_COH1}	VTSEELVNMA	YDIIAKENPS	LNAVITTRRQ	BAIEEARKLK	DTNQPFLLGVP
msa72034.2{173_M732}	VTSEELVNMA	YDIIAKENPS	LNAVITTRRQ	BAIEEARKLK	DTNQPFLLGVP
msa72034.2{173_M781}	VTSEELVNMA	YDIIAKENPS	LNAVITTRRQ	BAIEEARKLK	DTNQPFLLGVP
msa72034.2{173_1169NT}	VTSEELVNMA	YDIIAKENPS	LNAVITTRRQ	BAIEEARKLK	DTNQPFLLGVP
msa72034.2{173_H36B}	VTSEELVNMA	YDIIAKENPS	LNAVITTRRQ	BAIEEARKLK	DTNQPFLLGVP
msa72034.2{173_JM9130013}	VTSEELVNMA	YDIIAKENPS	LNAVITTRRQ	BAIEEARKLK	DTNQPFLLGVP
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa72034.2{173_090}	151				200
msa72034.2{173_18RS21}	LLVKGLGHSI	KGGETNNGLI	YAGKISTFD	SSYVKKYKDL	GFIILGQTNF
msa72034.2{173_2603}	LLVKGLGHSI	KGGETNNGLI	YAGKISTFD	SSYVKKYKDL	GFIILGQTNF
msa72034.2{173_A909}	LLVKGLGHSI	KGGETNNGLI	YAGKISTFD	SSYVKKYKDL	GFIILGQTNF
msa72034.2{173_CJB110}	LLVKGLGHSI	KGGETNNGLI	YAGKISTFD	SSYVKKYKDL	GFIILGQTNF
msa72034.2{173_COH1}	LLVKGLGHSI	KGGETNNGLI	YAGKISTFD	SSYVKKYKDL	GFIILGQTNF
msa72034.2{173_M732}	LLVKGLGHSI	KGGETNNGLI	YAGKISTFD	SSYVKKYKDL	GFIILGQTNF
msa72034.2{173_M781}	LLVKGLGHSI	KGGETNNGLI	YAGKISTFD	SSYVKKYKDL	GFIILGQTNF
msa72034.2{173_1169NT}	LLVKGLGHSI	KGGETNNGLI	YAGKISTFD	SSYVKKYKDL	GFIILGQTNF
msa72034.2{173_H36B}	LLVKGLGHSI	KGGETNNGLI	YAGKISTFD	SSYVKKYKDL	GFIILGQTNF
msa72034.2{173_JM9130013}	LLVKGLGHSI	KGGETNNGLI	YAGKISTFD	SSYVKKYKDL	GFIILGQTNF
Consensus	*****	*****	***-*****	*****	*****
msa72034.2{173_090}	201				250
msa72034.2{173_18RS21}	PEYGWRNITD	SKLYGLTHNP	wdLAHNAGGS	SGGSAAaIAS	GMTPIASGSD
msa72034.2{173_2603}	PEYGWRNITD	SKLYGLTHNP	wdLAHNAGGS	SGGSAAaIAS	GMTPIASGSD
msa72034.2{173_A909}	PEYGWRNITD	SKLYGLTHNP	wdLAHNAGGS	SGGSAAaIAS	GMTPIASGSD
msa72034.2{173_CJB110}	PEYGWRNITD	SKLYGLTHNP	wdLAHNAGGS	SGGSAAaIAS	GMTPIASGSD
msa72034.2{173_COH1}	PEYGWRNITD	SKLYGpTHNP	wnLAHNAGGS	SGGSAAaIAS	GMTPIASGSD
msa72034.2{173_M732}	PEYGWRNITD	SKLYGxTHNP	wdLAHNAGGS	SGGSAAaIAS	GMTPIASGSD
msa72034.2{173_M781}	PEYGWRNITD	SKLYGpTHNP	wnLAHNAGGS	SGGSAAaIAS	GMTPIASGSD
msa72034.2{173_1169NT}	PEYGWRNITD	SKLYGpTHNP	rnLAHNAGGS	SGGSAAaIAS	GMTPIASGSD
msa72034.2{173_H36B}	PEYGWRNITD	SKLYGpTHNP	wnLAHNAGGS	SGGSAAaIAS	GMTPIASGSD
msa72034.2{173_JM9130013}	PEYGWRNITD	SKLYGpTHNP	wnLAHNAGGS	SGGSAAaIAS	GMTPIASGSD
Consensus	*****	*****-****	--*****	*****-***	*****
msa72034.2{173_090}	251				300
msa72034.2{173_18RS21}	AGGSIRIPSS	WTGLVGLKPT	RGLVSnEKPd	SYSTAVHFPL	TKSSRDAETL
msa72034.2{173_2603}	AGGSIRIPSS	WTGLVGLKPT	RGLVSnEKPd	SYSTAVHFPL	TKSSRDAETL
msa72034.2{173_A909}	AGGSIRIPSS	WTGLVGLKPT	RGLVSnEKPd	SYSTAVHFPL	TKSSRDAETL
msa72034.2{173_CJB110}	AGGSIRIPSS	WTGLVGLKPT	RGLVShEKPd	SYSTAVHFPL	TKSSRDAETL
msa72034.2{173_COH1}	AGGSIRIPSS	WTGLVGLKPT	RGLVSnEKPd	SYSTAVHFPL	TKSSRDAETL
msa72034.2{173_M732}	AGGSIRIPSS	WTGLVGLKPT	RGLVSnEKPd	SYSTAVHFPL	TKSSRDAETL
msa72034.2{173_M781}	AGGSIRIPSS	WTGLVGLKPT	RGLVSnEKPd	SYSTAVHFPL	TKSSRDAETL
msa72034.2{173_1169NT}	AGGSIRIPSS	WTGLVGLKPT	RGLVSnEKPd	SYSTAVHFPL	TKSSRDAETL
msa72034.2{173_H36B}	AGGSIRIPSS	WTGLVGLKPT	RGLVSnEKPd	SYSTAVHFPL	TKSSRDAETL
msa72034.2{173_JM9130013}	AGGSIRIPSS	WTGLVGLKPT	RGLVSnEKPd	SYSTAVHFPL	TKSSRDAETL
Consensus	*****	*****	*****-****	*****	*****
msa72034.2{173_090}	301				350
msa72034.2{173_18RS21}	LTYLKKSQDT	LVSVDLKSLS	PIAYTLKSPM	GTEVSQDAKN	AIMDNVtFLR
msa72034.2{173_2603}	LTYLKKSQDT	LVSVDLKSLS	PIAYTLKSPM	GTEVSQDAKN	AIMDNVtFLR
msa72034.2{173_A909}	LTYLKKSQDT	LVSVDLKSLS	PIAYTLKSPM	GTEVSQDAKN	AIMDNVtFLR
msa72034.2{173_CJB110}	LTYLKKSQDT	LVSVDLKSLS	PIAYTLKSPM	GTEVSQDAKN	AIMDNVtFLR
msa72034.2{173_COH1}	LTYLKKSQDT	LVSVDLKSLS	PIAYTLKSPM	GTEVSQDAKN	AIMDNVtFLR
msa72034.2{173_M732}	LTYLKKSQDT	LVSVDLKSLS	PIAYTLKSPM	GTEVSQDAKN	AIMDNVtFLR
msa72034.2{173_M781}	LTYLKKSQDT	LVSVDLKSLS	PIAYTLKSPM	GTEVSQDAKN	AIMDNVtFLR
msa72034.2{173_1169NT}	LTYLKKSQDT	LVSVDLKSLS	PIAYTLKSPM	GTEVSQDAKN	AIMDNVtFLR
msa72034.2{173_H36B}	LTYLKKSQDT	LVSVDLKSLS	PIAYTLKSPM	GTEVSQDAKN	AIMDNVtFLR
msa72034.2{173_JM9130013}	LTYLKKSQDT	LVSVDLKSLS	PIAYTLKSPM	GTEVSQDAKN	AIMDNVtFLR
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa72034.2{173_090}	351				400
msa72034.2{173_18RS21}	kQGFKVTEID	LPIDGRALMR	DYSTLAIGMG	GAFSTIEKDL	KKHGFTKEDV
msa72034.2{173_2603}	kQGFKVTEID	LPIDGRALMR	DYSTLAIGMG	GAFSTIEKDL	KKHGFTKEDV
msa72034.2{173_A909}	kQGFKVTEID	LPIDGRALMR	DYSTLAIGMG	GAFSTIEKDL	KKHGFTKEDV
msa72034.2{173_CJB110}	kQGFKVTEID	LPIDGRALMR	DYSTLAIGMG	GAFSTIEKDL	KKHGFTKEDV
msa72034.2{173_COH1}	kQGFKVTEID	LPIDGRALMR	DYSTLAIGMG	GAFSTIEKDL	KKHGFTKEDV
msa72034.2{173_M732}	kQGFKVTEID	LPIDGRALMR	DYSTLAIGMG	GAFSTIEKDL	KKHGFTKEDV
msa72034.2{173_M781}	eQGFKVTEID	LPIDGRALMR	DYSTLAIGMG	GAFSTIEKDL	KKHGFTKEDV
msa72034.2{173_1169NT}	kQGFKVTEID	LPIDGRALMR	DYSTLAIGMG	GAFSTIEKDL	KKHGFTKEDV
msa72034.2{173_H36B}	kQGFKVTEID	LPIDGRALMR	DYSTLAIGMG	GAFSTIEKDL	KKHGFTKEDV

Table 48: Comparative Sequences relating to SAG1474

msa72034.2{173_JM9130013}	kQGFKVTEID	LPIDGRAIMR	DYSTLAIGMG	GAFSTIEKDL	KKHGFTKEDV
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
	401				450
msa72034.2{173_090}	DPITWavHVI	YQNSDKAELK	KSImEAQKHM	DDYRKAMEKL	HKQFPPIFLSP
msa72034.2{173_18RS21}	DPITWavHVI	YQNSDKAELK	KSImEAQKHM	DDYRKAMEKL	HKQFPPIFLSP
msa72034.2{173_2603}	DPITWavHVI	YQNSDKAELK	KSImEAQKHM	DDYRKAMEKL	HKQFPPIFLSP
msa72034.2{173_A909}	DPITWavHVI	YQNSDKAELK	KSImEAQKHM	DDYRKAMEKL	HKQFPPIFLSP
msa72034.2{173_CJB110}	DPITWavHVI	YQNSDKAELK	KSImEAQKHM	DDYRKAMEKL	HKQFPPIFLSP
msa72034.2{173_COH1}	DPITWavHVI	YQNSDKAELK	KSImEAQKHM	DDYRKAMEKL	HKQFPPIFLSP
msa72034.2{173_M732}	DPITWavHVI	YQNSDKAELK	KSImEAQKHM	DDYRKAMEKL	HKQFPPIFLSP
msa72034.2{173_M781}	DPITWavHVI	YQNSDKAELK	KSImEAQKHM	DDYRKAMEKL	HKQFPPIFLSP
msa72034.2{173_1169NT}	DPITWavHVI	YQNSDKAELK	KSImEAQKHM	DDYRKAMEKL	HKQFPPIFLSP
msa72034.2{173_H36B}	DPITWavHVI	YQNSDKAELK	KSImEAQKHM	DDYRKAMEKL	HKQFPPIFLSP
msa72034.2{173_JM9130013}	DPITWgVHVI	YQNSDKAELK	KSImEAQKHM	DDYRKAMEKL	HKQFPPIFLSP
Consensus	*****	*****	***_*****	*****	*****
	451				500
msa72034.2{173_090}	TTASLAPLNT	DPYVTEeDKR	AIYNMENLSQ	EEIALFNRRQ	WEPMLRRTPF
msa72034.2{173_18RS21}	TTASLAPLNT	DPYVTEeDKR	AIYNMENLSQ	EEIALFNRRQ	WEPMLRRTPF
msa72034.2{173_2603}	TTASLAPLNT	DPYVTEeDKR	AIYNMENLSQ	EEIALFNRRQ	WEPMLRRTPF
msa72034.2{173_A909}	TTASLAPLNT	DPYVTEeDKR	AIYNMENLSQ	EEIALFNRRQ	WEPMLRRTPF
msa72034.2{173_CJB110}	TTASLAPLNT	DPYVTEeDKR	AIYNMENLSQ	EEIALFNRRQ	WEPMLRRTPF
msa72034.2{173_COH1}	TTASLAPLNT	DPYVTEeDKR	AIYNMENLSQ	EEIALFNRRQ	WEPMLRRTPF
msa72034.2{173_M732}	TTASLAPLNT	DPYVTEeDKR	AIYNMENLSQ	EEIALFNRRQ	WEPMLRRTPF
msa72034.2{173_M781}	TTASLAPLNT	DPYVTEeDKR	AIYNMENLSQ	EEIALFNRRQ	WEPMLRRTPF
msa72034.2{173_1169NT}	TTASLAPLNT	DPYVTEeDKR	AIYNMENLSQ	EEIALFNRRQ	WEPMLRRTPF
msa72034.2{173_H36B}	TTASLAPLNT	DPYVTEeDKR	AIYNMENLSQ	EEIALFNRRQ	WEPMLRRTPF
msa72034.2{173_JM9130013}	TTASLAPLNT	DPYVTEeDKR	AIYNMENLSQ	EEIALFNRRQ	WEPMLRRTPF
Consensus	*****	*****_***	*****	*****	*****
	501				550
msa72034.2{173_090}	TqIANMTGLP	AISIPTYLSE	SGLPIGTMLM	AGANYDMVLI	KFATFFFEKhH
msa72034.2{173_18RS21}	TqIANMTGLP	AISIPTYLSE	SGLPIGTMLM	AGANYDMVLI	KFATFFFEKhH
msa72034.2{173_2603}	TqIANMTGLP	AISIPTYLSE	SGLPIGTMLM	AGANYDMVLI	KFATFFFEKhH
msa72034.2{173_A909}	TqIANMTGLP	AISIPTYLSE	SGLPIGTMLM	AGANYDMVLI	KFATFFFEKhH
msa72034.2{173_CJB110}	TqIANMTGLP	AISIPTYLSE	SGLPIGTMLM	AGANYDMVLI	KFATFFFEKhH
msa72034.2{173_COH1}	TpIANMTGLP	AISIPTYLSE	SGLPIGTMLM	AGANYDMVLI	KFATFFFEKhH
msa72034.2{173_M732}	TpIANMTGLP	AISIPTYLSE	SGLPIGTMLM	AGANYDMVLI	KFATFFFEKhH
msa72034.2{173_M781}	TpIANMTGLP	AISIPTYLSE	SGLPIGTMLM	AGANYDMVLI	KFATFFFEKhH
msa72034.2{173_1169NT}	TqIANMTGLP	AISIPTYLSE	SGLPIGTMLM	AGANYDMVLI	KFATFFFEKhH
msa72034.2{173_H36B}	TqIANMTGLP	AISIPTYLSE	SGLPIGTMLM	AGANYDMVLI	KFATFFFEKyH
msa72034.2{173_JM9130013}	TqIANMTGLP	AISIPTYLSE	SGLPIGTMLM	AGANYDMVLI	KFATFFFEKyH
Consensus	*_*****	*****	*****	*****	*****_*
	551				600
msa72034.2{173_090}	GFNVKQRII	DKEVKPstgL	IQPTNSLFKA	HSSLVNLEEN	SQVTQVSISK
msa72034.2{173_18RS21}	GFNVKQRII	DKEVKPstgL	IQPTNSLFKA	HSSLVNLEEN	SQVTQVSISK
msa72034.2{173_2603}	GFNVKQRII	DKEVKPstgL	IQPTNSLFKA	HSSLVNLEEN	SQVTQVSISK
msa72034.2{173_A909}	GFNVKQRII	DKEVKPstgL	IQPTNSLFKA	HSSLVNLEEN	SQVTQVSISK
msa72034.2{173_CJB110}	GFNVKQRII	DKEVKPstgL	IQPTNSLFKA	HSSLVNLEEN	SQVTQVSISK
msa72034.2{173_COH1}	GFNVKQRII	DKEVKPSadL	IQPTNSLFKA	HSSLVNLEEN	SQVTQVSISK
msa72034.2{173_M732}	GFNVKQRII	DKEVKPSadL	IQPTNSLFKA	HSSLVNLEEN	SQVTQVSISK
msa72034.2{173_M781}	GFNVKQRII	DKEVKPSadL	IQPTNSLFKA	HSSLVNLEEN	SQVTQVSISK
msa72034.2{173_1169NT}	GFNVKQRII	DKEVKPstgL	IQPTNSLFKA	HSSLVNLEEN	SQVTQVSISK
msa72034.2{173_H36B}	GFNVKQRII	DKEVKPstgL	IQPTNSLFKA	HSSLVNLEEN	SQVTQVSISK
msa72034.2{173_JM9130013}	GFNVKQRII	DKEVKPstgL	IQPTNSLFKA	HSSLVNLEEN	SQVTQVSISK
Consensus	*****	*****_*	*****	*****	*****
	601				619
msa72034.2{173_090}	KWMKSSVKNK	psvmayqka			
msa72034.2{173_18RS21}	KWMKSSVKNK	psvmayqka			
msa72034.2{173_2603}	KWMKSSVKNK	psvmayqka			
msa72034.2{173_A909}	KWMKSSVKNK	psvmayqka			
msa72034.2{173_CJB110}	KWMKSSVKNK	psvmayqka			
msa72034.2{173_COH1}	KWMKSSVKNK	psvmayqka			
msa72034.2{173_M732}	KWMKSSVKNK	psvmayqka			
msa72034.2{173_M781}	KWMKSSVKNK	psvmayqka			
msa72034.2{173_1169NT}	KWMKSSVKNK	psvmayqka			
msa72034.2{173_H36B}	KWMKSSVKNK	-----			
msa72034.2{173_JM9130013}	KWMKSSVKNK	psvmay---			
Consensus	*****	-----			

Table 49: Comparative Sequences related to SAG1502

SEQ ID NO: 4901

STRAIN 2603

aaacatccgatacttaatgatcaaaaatccttagcaattgttgaacagat  
 agaataatgatgttttgataaattcgataattcagaagcttctttttatgcaa  
 cattagctagawttcgcggttatggatagagaaaatcaaaaaatttataga  
 gaaaatccaaatagtc aaatcctttcaattgggttggtgacttgatacaag  
 gtttgaagagtcgataatggacaaatagggtggtataaccttgatttgc  
 cagaggttatggagataagaaaattatttttgaagagcatgaaagagtt  
 actaatatagcaaaaatcagccctagatgaaacttggacacgggaggtaaa  
 tccccaaaatgcccttttctaatcgtgtcagaaggtgttttaattgttctc  
 taaaagaagatgacgtagagacttttctcatatcctgacaaattcattt  
 agccaatttatggcacaatttgatttgtgtcataaggaaatgattaataa  
 aggaaagcaacatgatacagtaagatataggatcacagaatttcagtttg  
 gtatcacagatgggtcatgagattgtggatttagaccctaaattaaagcaa  
 ataaatctgatttaactttacagatgagatgagcaaatttgagtttaggcac  
 acttcgctcttacttccaacaattcgtaaatttaataattgttttaggtg  
 tgtacgaatataaagcatc

SEQ ID NO: 4902

STRAIN 090

TAATGATCAAAAATCCTTAGCAATTGTTGAACAGATAGAATATGATTTTG  
 ATAAATTGCGATAATTGAGAAGCTTCTTTTATGCAACATTAGCTAGAATT  
 CGCGTTATGGATAGAGAAATCAAAAATTTATTAGAGAAAATCCAATAG  
 TCAAATCCTTTCAATTGGTTGTGGACTTGATACAAGGTTTGAAAGAGTCG  
 ATAATGGACAAATTAGGTGGTATAACCTTGATTGGCCAGAGGTTATGGAG  
 ATAAGAAAATTATTTTGAAGAGCATGAAAGAGTTACTAATATAGCAAA  
 ATCAGCCATAGATGAACTTGGACACGGGAGGTAAATCCCCAAAATGCC  
 CTTTCTAATCGTGTGAGAAGGTGTTTAAATGTTCTAAAAGAAAGATGAC  
 GTAGAGACTTTTCTCATATCCTGACAAATTCATTAGCCAATTTATGGC  
 ACAATTTGATTGTGTGATAGGAAATGATTAAATAAGGAAAGCAACATG  
 ATACAGTAAAGTATATGGATACAGAAATTCAGTTTGGTATCAGATGGT  
 CATGAGATTGTGGATTTAGACCCCTAAATTAAGCAAAATAAATCTGATTAA  
 CTTTACAGATGAGATGAGCAAAATTTGAGTTAGGCACACTTCGCTCTTAC  
 TTCCAACAATTCGTAAATTAATAAATGTTTAGGTGTGTACGAATATAAA  
 GCATC

SEQ ID NO: 4903

STRAIN A909

AAACATCCGATACCTTAATGA  
 TCAAAAATCCTTAGCAATTGTTGAACAGATAGAATATGATTTTGATAAAT  
 TCGATAATTGAGAAGCTTCTTTTATGCAACATTAGCTAGAATTCGCGTT  
 ATGGATAGAGAAATCAAAAATTTATTAGAGAAAATCCAATAGTCAAAAT  
 CcTTTCaATTGGTTGTGGACTTGATACAAGGTTTGAAAGAGTCGATAATG  
 GACAAATTAGGTGGTATAACCTTGATTGCGAGGTTATGGAGATAAGA  
 AAATTAATTTTGAAGAGCATGAAAGAGTTACTAATATAGCAAAATCAGC  
 CCTAGATGAACTTGGACACGGGAGGTAAATCCCCAAAATGCCCTTTTC  
 TAATCGTGTGAGAAGGTGTTTAAATGTTCTAAAAGAAAGATGACGTAGAG  
 ACTTTTCTCATATCCTGACAAATTCATTAGCCAATTTATGGCACAAT  
 TGATTGTGTGATAGGAAATGATTAAATAAGGAAAGCAACATGATACAG  
 TAAAGTATATGGATACAGAAATTCAGTTTGGTATCAGATGGTCATGAG  
 ATTGTGGATTAGACCCCTAAATTAAGCAAAATAAATCTGATTAACTTTAC  
 AGATGAGATGAGCAAAATTTGAGTTAGGCACACTTCGCTCTTTACTTCCAA  
 CAATTCGTAAATTTAATAATGTTTAGGTGTGTACGAATATAAAGCATC

SEQ ID NO: 4904

STRAIN H36B

AAACATCCGATACCTTAATGATCAAAAATCCTTAGCA  
 ATTGTTGAACAGATAGAATATGATTTTGATAAATTCGATAATTCAGAAGC  
 TTCCTTTTATGCAaCATTAGCTAGAATTCGCGTTATGGATAGAGAAATCA  
 AAAAATTTATTAGAGAAAATCCAATAGTCATATCCTTTCAATTGGCTGT  
 GgACTTGATACAAGGTTTGAAAGAGTCGATAATGGACAAATTAGGTGGTA  
 TAACCTTGATTGCGCAGAGGTATGGAGATAAGAAAATTTATTTTGAAG  
 AGCATGAAAGAGTTACTAATATAGCAAAATCAGCCcTAGATGAACTTGG  
 ACACGGGAGGTAAATCCCCAAAATGCCCTTTTCTAATCGTGTGAGAAGG  
 TGTTTTAAATGTTTCTAAAAGAAGATGACGTAGAGACTTTTCTTCATATCC  
 TGACAAATTCATTAGCCAATTTATGGCACAATTTGATTGTGTGcAGAG  
 GAAATGATTAAATAAGGAAAGCAACATGATACAGTAAAGTATATGGATAC  
 AGAATTTCAAGTGGGTATCAGATGGTCATGAAATTTGTGGATTAGACC  
 CTAATTAAGCAAAATAAATCTGATTAACTTTACAGATGAGATGAGCAAA  
 TTTGAGTTAGGCACACTTCGCTCTTTACTTCCAACAATTCGTAATTTAA  
 TAATTGTTTAGGTGTGTACGAATATAAAGCATC

SEQ ID NO: 4905

STRAIN 18RS21

AACATCCGATACCTTAATGATCAAAAATCCTTAGCAAT  
 TGTGAAACAGATAGAATATGATTTTGATAAATTCGATAATTCAGAAGCTT  
 CTTTTTATGCAACATTAGCTAGAATTCGCGTTATGGATAGAGAAATCAAA  
 AAATTTATTAGAGAAAATCCAATAGTCaAATCCTTTCAATTGGTTGTGG  
 ACTTGATACAAGGTTTGAAAGAGTCGATAATGGACAAATTAGGTGGTATA  
 ACCTTGATTGCGCAGAGGTATGGAGATAAGAAAATTTATTTTGAAGAG  
 CATGAAAGAGTTACTAATATAGCAAAATCAGCCCTAGATGAACTTGGAC  
 ACGGAGGTAAATCCCCAAAATGCCCTTTTCTAATCGTGTGcAGAGGTG  
 TTTTAAATGTTTCTAAAAGAAGATGACGTAGAGACTTTTCTTCATATCCTG

Table 49: Comparative Sequences related to SAG1502

ACAAATTCATTAGCCAAATTTATGGCACAATTTGATTGTGTCTATAAGGA  
AATGATTAAATAAGGAAGCAACATGATACAGTAAAGTATATGGATACAG  
AATTTAGTTTGGTATCACAGATGGTCATGAGATTGTGGATTAGACCCCT  
AAATTAAGCAAATAAATCTGATTAACTTTACAGATGAGATGAGCAAAT  
TGAGTTAGGCACACTTCGCTCTTTACTTCCAACAATTCGTAAATTTAATA  
ATTGTTTAGGTGTGTACGAATATAAAGCATC

SEQ ID NO: 4906

STRAIN M732

AAACATCCGATACCTTAATGATCAAAAATCCTTAGCAATTTGTTGAACA  
GATAGAATATGATTGGATAAATTCGATAAATCAGAAGCTTCTTTTATG  
CAACATTAGCTAGAAATTCGCGTTATGGATAGAGAAATCAAAAAATTTAT  
AGAGAAAATCCAAATAGTCAAATCCTTTCAATTGGTTGTGGACTTGATAC  
AAGGTTTGAAGAGTCGATAATGGACAAATTAGGTGGTATAACCTTGATT  
TGCCAGAGGTTATGGAGATAAGAAAATTTATTTTGAAGAGCATGAAAGA  
GTTACTAATATAGCAAAATCAGCCCTAGATGAAACTTGGACACGGGAGGT  
AAATCCCCCAAATGCCCCCTTTCTAATCGTGTGAGAAGGTGTTTAAATGT  
TTCTAAAAGAGATGACGTAGAGACTTTTCTTCAATCCTGACAAATTC  
TTTAGCCAATTTATGGCAAAATTTGATTGTGTCTATAAGGAATGATTAA  
TAAAGGAAGCAACATGATACAGTAAAGTATATGGATACAGAAATTCAGT  
TTGGTATCACAGATGGTCATGAGATTGTGGATTAGACCCCTAAATTAAG  
CAAATAAATCTGATTAACTTTACAGATGAGATGAGCAAATTTGAGTTAG  
CACACTTCGCTCTTTACTTCCAACAATTCGTAAATTTAATAATTGTTAG  
GtGTGTACGAATATAAAGCATC

SEQ ID NO: 4907

STRAIN COH1

AAACATCCGATACCTTAATGATCAAAAATCCTTAGCAA  
TTGTTGAACAGATAGAATATGATTGGATAAATTCGATAAATCAGAAGCT  
TCTTTTATGCAACATTAGCTAGAAATTCGCGTTATGGATAGAGAAATCAA  
AAAAATTTATAGAGAAAATCCAAATAGTCAAATCCTTTCAATTGGTTGTG  
GACTTTGATACAAAGGTTTGAAGAGTCGATAATGGACAAATTAGGTGGTAT  
AACCTTGATTGTCCAGAGGTTATGGAGATAAGAAAATTTATTTTGAAGA  
GCATGAAGAGTTACTAATATAGCAAAATCAGCCCTAGATGAAACTTGGGA  
CACGGGAGGTAAATCCCCAAAATGCCCCCTTTCTAATCGTGTGAGAAGGT  
GTTTAAATGTTTCTAAAAGAGATGACGTAGAGACTTTTCTTCAATCCT  
GACAAATTCATTAGCCAATTTATGGCACAAATTTGATTGTGTCTATAAGG  
AAATGATTAAATAAGGAAGCAACATGATACAGTAAAGTATATGGATACA  
GAATTCAGTTTGGTATCACAGATGGTCATGAGATTGTGGATTAGACCC  
TAAATTAAGCAAATAAATCTGATTAACTTTACAGATGAGATGAGCAAAT  
TTGAGTTAGGCACACTTCGCTCTTTACTTCCAACAATTCGTAAATTTAAT  
AATTGTTTAGGTGTGTACGAATATAAAGCATC

SEQ ID NO: 4908

STRAIN M781

AAACATCCGATACCTTAATGATCA  
AAAATCCTTAGCAATTTGTTGAACAGATAGAATATGATTGGATAAATTCG  
ATAATTCAGAAGCTTCTTTTATGCAACATTAGCTAGAAATTCGCGTTATG  
GATAGAGAAATCAAAAAATTTATAGAGAAAATCCAAATAGTCAAATCCT  
TTCAATTGGTTGTGGACTTGATACAAGGTTTGAAGAGTCGATAAATGGAC  
AAATTAGGTGGTATAACCTTGATTGGCCAGAGGTTATGGAGATAAGAAAA  
TTATTTTGAAGAGCATGAAGAGGTTACTAATATAGCAAAATCAGCCCT  
AGATGAACCTTGGACACGGGAGGTAAATCCCCAAAATGCCCCCTTTCTAA  
TCGTGTGAGAAGGTGTTTAAATGTTTCTAAAAGAGATGACGTAGAGACT  
TTTCTCATATCCTGACAAATTCATTAGCCAATTTATGGCACAAATTTGA  
TTTGTGTCTATAAGGAATGATTAATAAGGAAGCAACATGATACAGTAA  
AGTATATGGATACAGAAATTCAGTTTGGTATCACAGATGGTCATGAGATT  
GTGGATTAGACCTAAATTAAGCAAATAAATCTGATTAACTTTACAGA  
TGAGATGAGCAAATTTGAGTTAGGCACACTTCGCTCTTTACTTCCAACAA  
TTCGTAAATTTAATAATGTTTAGGTGTGTACGAATATAAAGCATC

SEQ ID NO: 4909

STRAIN CJB110

AAACATCCGATACCTTAATGATCAAAAATCCTTAGCAA  
TTGTTGAACAGATAGAATATGATTGGATAAATTCGATAAATCAGAAGCT  
TCTTTTATGCAACATTAGCTAGAAATTCGCGTTATGGATAGAGAAATCAA  
AAAAATTTATAGAGAAAATCCAAATAGTCAAATCCTTTCAATTGGTTGTG  
GACTTTGATACAAGGTTTGAAGAGTCGATAATGGACAAATTAGGTGGTAT  
AACCTTGATTGGCCAGAGGTTATGGAGATAAGAAAATTTATTTTGAAGA  
GCATGAAGAGTTACTAATATAGCAAAATCAGCCATAGATGAAACTTGGGA  
CACGGGAGGTAAATCCCCAAAATGCCCCCTTTCTAATCGTGTGAGAAGGT  
GTTTAAATGTTTCTAAAAGAGATGACGTAGAGACTTTTCTTCAATCCT  
GACAAATTCATTAGCCAATTTATGGCACAAATTTGATTGTGTCTATAAGG  
AAATGATTAAATAAGGAAGCAACATGATACAGTAAAGTATATGGATACA  
GAATTCAGTTTGGTATCACAGATGGTCATGAGATTGTGGATTAGACCC  
TAAATTAAGCAAATAAATCTGATTAACTTTACAGATGAGATGAGCAAAT  
TTGAGTTAGGCACACTTCGCTCTTTACTTCCAACAATTCGTAAATTTAAT  
AATTGTTTAGGTGTGTACGAATATAAAGCATC

SEQ ID NO: 4910

STRAIN 1169NT

AAACATCCGATACCTTAATGATCAAAAATCCTTAGCAA  
TTGTTGAACAGATAGAATATGATTGGATAAATTCGATAAATCAGAAGCTT

Table 49: Comparative Sequences related to SAG1502

CTTTTATGCAACATTAGCTAGAATTCGCGTTATGGATAGAGAAATCAAA  
 AAATTTATTAGAGAAATCCAAATAGTCATATCCTTTCTATTGGTGTGG  
 ACTTGATACAAGGTTTGAAAGAGTCGATAATGGACAAATTAGGTGGTATA  
 ACCTTGATTTGCCAGAGGTTATGGAGATAAGAAATTTATTTTGAAGAG  
 CATGAAGAGTTACTAATATAGCAAAATCAGCCCTAGATGAACTTGGAC  
 ACAGGAGGTAAATCCCAAAATGCCCTTTTCTGATCGTGTGAGAAGGTG  
 TTTTAAATGTTTCTAAAGAAGATGACGTAGAGACTTTTCTCATATCCCG  
 ACAAAATCATTTAGCCAAATTTATGGCACAATTTGATTGTGTGAGAAGGA  
 AATGATTAAATAAGGAAGCAACATGATACAGTAAAGTATATGGATACAG  
 AATTTCAATTTGGTATCAGATGGTCATGAAATTTGGGATTTAGACCCCT  
 AAATTAAGCAAAATAAATCTGATTAACTTTACAGATGAGATGAGCAAAAT  
 TGAGTTAGGCACACTTCGCTCTTTACTTCCAACAATTCGTAATTTAATA  
 ATTGTTTAGGTGTACGAATATAAGCATC

SEQ ID NO: 4911

STRAIN JM9130013

AGCAATTGTTGAACAGATAGAATATGATT

TTGATAAATTCGATAATTCAGAAGCTTCTTTTATGCAACATTAGCTAGA  
 ATTGCGCTTATGGATAGAGAAATCAAAATTTATTTAGAGAAATCCAAA  
 TAGTCATATCCTTTCAATTGGCTGTGGACTTGATACAAGGTTTGAAGAG  
 TCGATAATGGACAAATTAGGTGGTATAACCTTGATTTGCCAGAGGTTATG  
 GAGATAAGAAAAATTTATTTTGAAGAGCATGAAGAGTTACTAATATAGC  
 AAAATCAGCCCTAGATGAACTTGGACACGGGAGGTAAATCCCAAAATG  
 CCCCTTTTCTAATCGTGTGAGAAGGTGTTTAAATGTTTCTAAAGAAGAT  
 GACGTAGAGACTTTTCTCATATCCTGACAAATTCATTTAGCCAAATTTAT  
 GGCACAATTTGATTGTGTGCAAGAGAAATGATTAAATAAGGAAGCAAC  
 ATGATACAGTAAAGTATATGGATACAGAAATTCAGTTTGGTATCAGAT  
 GGTTCATGAAATTTGGGATTTAGACCCCTAAATTAAGCAAAATAAATCTGAT  
 TAACTTTACAGATGAGATGAGCAAAATTTGAGTTAGGCACACTTCGCTCTT  
 TACTTCCAACAATTCGTAATTTAATAATTTAGGTGTGTACGAATAT  
 AAAGCATC

PRETTY of: /biotmp/msa42193.2(\*) January 21, 2003 05:04 ..

msa42193.2{176_090}	1	-----	-----	taatga	tcaaaaatcc	ttAGCAATTG	TTGAACAGAT	50
msa42193.2{176_CJB110}	AAACATCCGA	TACTtaatga	tcaaaaatcc	ttAGCAATTG	TTGAACAGAT			
msa42193.2{176_18RS21}	-AAACATCCGA	TACTtaatga	tcaaaaatcc	ttAGCAATTG	TTGAACAGAT			
msa42193.2{176_2603}	AAACATCCGA	TACTtaatga	tcaaaaatcc	ttAGCAATTG	TTGAACAGAT			
msa42193.2{176_A909}	AAACATCCGA	TACTtaatga	tcaaaaatcc	ttAGCAATTG	TTGAACAGAT			
msa42193.2{176_COH1}	AAACATCCGA	TACTtaatga	tcaaaaatcc	ttAGCAATTG	TTGAACAGAT			
msa42193.2{176_M732}	AAACATCCGA	TACTtaatga	tcaaaaatcc	ttAGCAATTG	TTGAACAGAT			
msa42193.2{176_M781}	AAACATCCGA	TACTtaatga	tcaaaaatcc	ttAGCAATTG	TTGAACAGAT			
msa42193.2{176_H36B}	AAACATCCGA	TACTtaatga	tcaaaaatcc	ttAGCAATTG	TTGAACAGAT			
msa42193.2{176_JM9130013}	-----	-----	-----	AGCAATTG	TTGAACAGAT			
msa42193.2{176_1169NT}	AAACATCCGA	TACTtaatga	tcaaaaatcc	ttAGCAATTG	TTGAACAGAT			
Consensus	*****	*****	-----	-----	*****	*****	*****	

msa42193.2{176_090}	51	AGAATATGAT	TTtGATAAAT	TCGATAAATTC	AGAAGCTTCT	TTTTATGCAA	100
msa42193.2{176_CJB110}	AGAATATGAT	TTtGATAAAT	TCGATAAATTC	AGAAGCTTCT	TTTTATGCAA		
msa42193.2{176_18RS21}	AGAATATGAT	TTtGATAAAT	TCGATAAATTC	AGAAGCTTCT	TTTTATGCAA		
msa42193.2{176_2603}	AGAATATGAT	TTtGATAAAT	TCGATAAATTC	AGAAGCTTCT	TTTTATGCAA		
msa42193.2{176_A909}	AGAATATGAT	TTtGATAAAT	TCGATAAATTC	AGAAGCTTCT	TTTTATGCAA		
msa42193.2{176_COH1}	AGAATATGAT	TTtGATAAAT	TCGATAAATTC	AGAAGCTTCT	TTTTATGCAA		
msa42193.2{176_M732}	AGAATATGAT	TTtGATAAAT	TCGATAAATTC	AGAAGCTTCT	TTTTATGCAA		
msa42193.2{176_M781}	AGAATATGAT	TTtGATAAAT	TCGATAAATTC	AGAAGCTTCT	TTTTATGCAA		
msa42193.2{176_H36B}	AGAATATGAT	TTtGATAAAT	TCGATAAATTC	AGAAGCTTCT	TTTTATGCAA		
msa42193.2{176_JM9130013}	AGAATATGAT	TTtGATAAAT	TCGATAAATTC	AGAAGCTTCT	TTTTATGCAA		
msa42193.2{176_1169NT}	AGAATATGAT	TTtGATAAAT	TCGATAAATTC	AGAAGCTTCT	TTTTATGCAA		
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****	*****	

msa42193.2{176_090}	101	CATTAGCTAG	AaTTGCGGTT	ATGGATAGAG	AAATCAAAAA	ATTATTAGAG	150
msa42193.2{176_CJB110}	CATTAGCTAG	AaTTGCGGTT	ATGGATAGAG	AAATCAAAAA	ATTATTAGAG		
msa42193.2{176_18RS21}	CATTAGCTAG	AaTTGCGGTT	ATGGATAGAG	AAATCAAAAA	ATTATTAGAG		
msa42193.2{176_2603}	CATTAGCTAG	AaTTGCGGTT	ATGGATAGAG	AAATCAAAAA	ATTATTAGAG		
msa42193.2{176_A909}	CATTAGCTAG	AaTTGCGGTT	ATGGATAGAG	AAATCAAAAA	ATTATTAGAG		
msa42193.2{176_COH1}	CATTAGCTAG	AaTTGCGGTT	ATGGATAGAG	AAATCAAAAA	ATTATTAGAG		
msa42193.2{176_M732}	CATTAGCTAG	AaTTGCGGTT	ATGGATAGAG	AAATCAAAAA	ATTATTAGAG		
msa42193.2{176_M781}	CATTAGCTAG	AaTTGCGGTT	ATGGATAGAG	AAATCAAAAA	ATTATTAGAG		
msa42193.2{176_H36B}	CATTAGCTAG	AaTTGCGGTT	ATGGATAGAG	AAATCAAAAA	ATTATTAGAG		
msa42193.2{176_JM9130013}	CATTAGCTAG	AaTTGCGGTT	ATGGATAGAG	AAATCAAAAA	ATTATTAGAG		
msa42193.2{176_1169NT}	CATTAGCTAG	AaTTGCGGTT	ATGGATAGAG	AAATCAAAAA	ATTATTAGAG		
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****	*****	

msa42193.2{176_090}	151	GAAATCCAA	ATAGTCaaAT	CCTTTCaATT	GGtTGTGGAC	TTGATACAAG	200
msa42193.2{176_CJB110}	GAAATCCAA	ATAGTCaaAT	CCTTTCaATT	GGtTGTGGAC	TTGATACAAG		
msa42193.2{176_18RS21}	GAAATCCAA	ATAGTCaaAT	CCTTTCaATT	GGtTGTGGAC	TTGATACAAG		
msa42193.2{176_2603}	GAAATCCAA	ATAGTCaaAT	CCTTTCaATT	GGtTGTGGAC	TTGATACAAG		
msa42193.2{176_A909}	GAAATCCAA	ATAGTCaaAT	CCTTTCaATT	GGtTGTGGAC	TTGATACAAG		
msa42193.2{176_COH1}	GAAATCCAA	ATAGTCaaAT	CCTTTCaATT	GGtTGTGGAC	TTGATACAAG		

Table 49: Comparative Sequences related to SAG1502

msa42193.2{176_M732}	GAAAAATCCAA	ATAGTCAaAT	CCTTTCaATT	GGcTGTGGAC	TTGATACAAG
msa42193.2{176_M781}	GAAAAATCCAA	ATAGTCAaAT	CCTTTCaATT	GGcTGTGGAC	TTGATACAAG
msa42193.2{176_H36B}	GAAAAATCCAA	ATAGTCAcAT	CCTTTCaATT	GGcTGTGGAC	TTGATACAAG
msa42193.2{176_JM9130013}	GAAAAATCCAA	ATAGTCAcAT	CCTTTCaATT	GGcTGTGGAC	TTGATACAAG
msa42193.2{176_1169NT}	GAAAAATCCAA	ATAGTCAcAT	CCTTTCTaATT	GGcTGTGGAC	TTGATACAAG
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa42193.2{176_090}	GTTTGAAAGA	GTCGATAATG	GACAAATTAG	GTGGTATAAC	CTTGATTTCG
msa42193.2{176_CJB110}	GTTTGAAAGA	GTCGATAATG	GACAAATTAG	GTGGTATAAC	CTTGATTTCG
msa42193.2{176_18RS21}	GTTTGAAAGA	GTCGATAATG	GACAAATTAG	GTGGTATAAC	CTTGATTTCG
msa42193.2{176_2603}	GTTTGAAAGA	GTCGATAATG	GACAAATTAG	GTGGTATAAC	CTTGATTTCG
msa42193.2{176_A909}	GTTTGAAAGA	GTCGATAATG	GACAAATTAG	GTGGTATAAC	CTTGATTTCG
msa42193.2{176_COH1}	GTTTGAAAGA	GTCGATAATG	GACAAATTAG	GTGGTATAAC	CTTGATTTCG
msa42193.2{176_M732}	GTTTGAAAGA	GTCGATAATG	GACAAATTAG	GTGGTATAAC	CTTGATTTCG
msa42193.2{176_M781}	GTTTGAAAGA	GTCGATAATG	GACAAATTAG	GTGGTATAAC	CTTGATTTCG
msa42193.2{176_H36B}	GTTTGAAAGA	GTCGATAATG	GACAAATTAG	GTGGTATAAC	CTTGATTTCG
msa42193.2{176_JM9130013}	GTTTGAAAGA	GTCGATAATG	GACAAATTAG	GTGGTATAAC	CTTGATTTCG
msa42193.2{176_1169NT}	GTTTGAAAGA	GTCGATAATG	GACAAATTAG	GTGGTATAAC	CTTGATTTCG
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa42193.2{176_090}	CAGAGGTTAT	GGAGATAAGA	AAATTATTTT	TTGAAGAGCA	TGAAAGAGTT
msa42193.2{176_CJB110}	CAGAGGTTAT	GGAGATAAGA	AAATTATTTT	TTGAAGAGCA	TGAAAGAGTT
msa42193.2{176_18RS21}	CAGAGGTTAT	GGAGATAAGA	AAATTATTTT	TTGAAGAGCA	TGAAAGAGTT
msa42193.2{176_2603}	CAGAGGTTAT	GGAGATAAGA	AAATTATTTT	TTGAAGAGCA	TGAAAGAGTT
msa42193.2{176_A909}	CAGAGGTTAT	GGAGATAAGA	AAATTATTTT	TTGAAGAGCA	TGAAAGAGTT
msa42193.2{176_COH1}	CAGAGGTTAT	GGAGATAAGA	AAATTATTTT	TTGAAGAGCA	TGAAAGAGTT
msa42193.2{176_M732}	CAGAGGTTAT	GGAGATAAGA	AAATTATTTT	TTGAAGAGCA	TGAAAGAGTT
msa42193.2{176_M781}	CAGAGGTTAT	GGAGATAAGA	AAATTATTTT	TTGAAGAGCA	TGAAAGAGTT
msa42193.2{176_H36B}	CAGAGGTTAT	GGAGATAAGA	AAATTATTTT	TTGAAGAGCA	TGAAAGAGTT
msa42193.2{176_JM9130013}	CAGAGGTTAT	GGAGATAAGA	AAATTATTTT	TTGAAGAGCA	TGAAAGAGTT
msa42193.2{176_1169NT}	CAGAGGTTAT	GGAGATAAGA	AAATTATTTT	TTGAAGAGCA	TGAAAGAGTT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa42193.2{176_090}	ACTAATATAG	CAAAATCAGC	CaTAGATGAA	ACTTGGACAC	gGGAGGTAAA
msa42193.2{176_CJB110}	ACTAATATAG	CAAAATCAGC	CaTAGATGAA	ACTTGGACAC	gGGAGGTAAA
msa42193.2{176_18RS21}	ACTAATATAG	CAAAATCAGC	CcTAGATGAA	ACTTGGACAC	gGGAGGTAAA
msa42193.2{176_2603}	ACTAATATAG	CAAAATCAGC	CcTAGATGAA	ACTTGGACAC	gGGAGGTAAA
msa42193.2{176_A909}	ACTAATATAG	CAAAATCAGC	CcTAGATGAA	ACTTGGACAC	gGGAGGTAAA
msa42193.2{176_COH1}	ACTAATATAG	CAAAATCAGC	CcTAGATGAA	ACTTGGACAC	gGGAGGTAAA
msa42193.2{176_M732}	ACTAATATAG	CAAAATCAGC	CcTAGATGAA	ACTTGGACAC	gGGAGGTAAA
msa42193.2{176_M781}	ACTAATATAG	CAAAATCAGC	CcTAGATGAA	ACTTGGACAC	gGGAGGTAAA
msa42193.2{176_H36B}	ACTAATATAG	CAAAATCAGC	CcTAGATGAA	ACTTGGACAC	gGGAGGTAAA
msa42193.2{176_JM9130013}	ACTAATATAG	CAAAATCAGC	CcTAGATGAA	ACTTGGACAC	gGGAGGTAAA
msa42193.2{176_1169NT}	ACTAATATAG	CAAAATCAGC	CcTAGATGAA	ACTTGGACAC	gGGAGGTAAA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa42193.2{176_090}	TCCCCAAAAT	GCCCCCTTTT	TaATCGTGTC	AGAAGGTGTT	TTAATGTTTC
msa42193.2{176_CJB110}	TCCCCAAAAT	GCCCCCTTTT	TaATCGTGTC	AGAAGGTGTT	TTAATGTTTC
msa42193.2{176_18RS21}	TCCCCAAAAT	GCCCCCTTTT	TaATCGTGTC	AGAAGGTGTT	TTAATGTTTC
msa42193.2{176_2603}	TCCCCAAAAT	GCCCCCTTTT	TaATCGTGTC	AGAAGGTGTT	TTAATGTTTC
msa42193.2{176_A909}	TCCCCAAAAT	GCCCCCTTTT	TaATCGTGTC	AGAAGGTGTT	TTAATGTTTC
msa42193.2{176_COH1}	TCCCCAAAAT	GCCCCCTTTT	TaATCGTGTC	AGAAGGTGTT	TTAATGTTTC
msa42193.2{176_M732}	TCCCCAAAAT	GCCCCCTTTT	TaATCGTGTC	AGAAGGTGTT	TTAATGTTTC
msa42193.2{176_M781}	TCCCCAAAAT	GCCCCCTTTT	TaATCGTGTC	AGAAGGTGTT	TTAATGTTTC
msa42193.2{176_H36B}	TCCCCAAAAT	GCCCCCTTTT	TaATCGTGTC	AGAAGGTGTT	TTAATGTTTC
msa42193.2{176_JM9130013}	TCCCCAAAAT	GCCCCCTTTT	TaATCGTGTC	AGAAGGTGTT	TTAATGTTTC
msa42193.2{176_1169NT}	TCCCCAAAAT	GCCCCCTTTT	TaATCGTGTC	AGAAGGTGTT	TTAATGTTTC
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa42193.2{176_090}	TAAAAGAAGA	TGACGTAGAG	ACTTTTCCTC	ATATCCTGAC	AAATTCATTT
msa42193.2{176_CJB110}	TAAAAGAAGA	TGACGTAGAG	ACTTTTCCTC	ATATCCTGAC	AAATTCATTT
msa42193.2{176_18RS21}	TAAAAGAAGA	TGACGTAGAG	ACTTTTCCTC	ATATCCTGAC	AAATTCATTT
msa42193.2{176_2603}	TAAAAGAAGA	TGACGTAGAG	ACTTTTCCTC	ATATCCTGAC	AAATTCATTT
msa42193.2{176_A909}	TAAAAGAAGA	TGACGTAGAG	ACTTTTCCTC	ATATCCTGAC	AAATTCATTT
msa42193.2{176_COH1}	TAAAAGAAGA	TGACGTAGAG	ACTTTTCCTC	ATATCCTGAC	AAATTCATTT
msa42193.2{176_M732}	TAAAAGAAGA	TGACGTAGAG	ACTTTTCCTC	ATATCCTGAC	AAATTCATTT
msa42193.2{176_M781}	TAAAAGAAGA	TGACGTAGAG	ACTTTTCCTC	ATATCCTGAC	AAATTCATTT
msa42193.2{176_H36B}	TAAAAGAAGA	TGACGTAGAG	ACTTTTCCTC	ATATCCTGAC	AAATTCATTT
msa42193.2{176_JM9130013}	TAAAAGAAGA	TGACGTAGAG	ACTTTTCCTC	ATATCCTGAC	AAATTCATTT
msa42193.2{176_1169NT}	TAAAAGAAGA	TGACGTAGAG	ACTTTTCCTC	ATATCCTGAC	AAATTCATTT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa42193.2{176_090}	AGCCAATTTA	TGGCACAATT	TGATTTGTGT	CaTAAGGAAA	TGATTAATAA
msa42193.2{176_CJB110}	AGCCAATTTA	TGGCACAATT	TGATTTGTGT	CaTAAGGAAA	TGATTAATAA
msa42193.2{176_18RS21}	AGCCAATTTA	TGGCACAATT	TGATTTGTGT	CaTAAGGAAA	TGATTAATAA
msa42193.2{176_2603}	AGCCAATTTA	TGGCACAATT	TGATTTGTGT	CaTAAGGAAA	TGATTAATAA
msa42193.2{176_A909}	AGCCAATTTA	TGGCACAATT	TGATTTGTGT	CaTAAGGAAA	TGATTAATAA



Table 49: Comparative Sequences related to SAG1502

msa42193.2{176_COH1}	AGCCAATT	TGGCACAATT	TGATTTGTGT	CALAAGGAAA	TGATTAATAA
msa42193.2{176_M732}	AGCCAATT	TGGCACAATT	TGATTTGTGT	CALAAGGAAA	TGATTAATAA
msa42193.2{176_M781}	AGCCAATT	TGGCACAATT	TGATTTGTGT	CALAAGGAAA	TGATTAATAA
msa42193.2{176_H36B}	AGCCAATT	TGGCACAATT	TGATTTGTGT	CALAAGGAAA	TGATTAATAA
msa42193.2{176_JM9130013}	AGCCAATT	TGGCACAATT	TGATTTGTGT	CALAAGGAAA	TGATTAATAA
msa42193.2{176_1169NT}	AGCCAATT	TGGCACAATT	TGATTTGTGT	CALAAGGAAA	TGATTAATAA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa42193.2{176_090}	AGGAAAGCAA	CATGATACAG	TAAAGTATAT	GGATACAGAA	TTTCAGTTtG
msa42193.2{176_CJB110}	AGGAAAGCAA	CATGATACAG	TAAAGTATAT	GGATACAGAA	TTTCAGTTtG
msa42193.2{176_18RS21}	AGGAAAGCAA	CATGATACAG	TAAAGTATAT	GGATACAGAA	TTTCAGTTtG
msa42193.2{176_2603}	AGGAAAGCAA	CATGATACAG	TAAAGTATAT	GGATACAGAA	TTTCAGTTtG
msa42193.2{176_A909}	AGGAAAGCAA	CATGATACAG	TAAAGTATAT	GGATACAGAA	TTTCAGTTtG
msa42193.2{176_COH1}	AGGAAAGCAA	CATGATACAG	TAAAGTATAT	GGATACAGAA	TTTCAGTTtG
msa42193.2{176_M732}	AGGAAAGCAA	CATGATACAG	TAAAGTATAT	GGATACAGAA	TTTCAGTTtG
msa42193.2{176_M781}	AGGAAAGCAA	CATGATACAG	TAAAGTATAT	GGATACAGAA	TTTCAGTTtG
msa42193.2{176_H36B}	AGGAAAGCAA	CATGATACAG	TAAAGTATAT	GGATACAGAA	TTTCAGTTtG
msa42193.2{176_JM9130013}	AGGAAAGCAA	CATGATACAG	TAAAGTATAT	GGATACAGAA	TTTCAGTTtG
msa42193.2{176_1169NT}	AGGAAAGCAA	CATGATACAG	TAAAGTATAT	GGATACAGAA	TTTCAGTTtG
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa42193.2{176_090}	GTATCACAGA	TGGTCATGag	ATTGTGGATT	TAGACCCTAA	ATTAAAGCAA
msa42193.2{176_CJB110}	GTATCACAGA	TGGTCATGag	ATTGTGGATT	TAGACCCTAA	ATTAAAGCAA
msa42193.2{176_18RS21}	GTATCACAGA	TGGTCATGag	ATTGTGGATT	TAGACCCTAA	ATTAAAGCAA
msa42193.2{176_2603}	GTATCACAGA	TGGTCATGag	ATTGTGGATT	TAGACCCTAA	ATTAAAGCAA
msa42193.2{176_A909}	GTATCACAGA	TGGTCATGag	ATTGTGGATT	TAGACCCTAA	ATTAAAGCAA
msa42193.2{176_COH1}	GTATCACAGA	TGGTCATGag	ATTGTGGATT	TAGACCCTAA	ATTAAAGCAA
msa42193.2{176_M732}	GTATCACAGA	TGGTCATGag	ATTGTGGATT	TAGACCCTAA	ATTAAAGCAA
msa42193.2{176_M781}	GTATCACAGA	TGGTCATGag	ATTGTGGATT	TAGACCCTAA	ATTAAAGCAA
msa42193.2{176_H36B}	GTATCACAGA	TGGTCATGag	ATTGTGGATT	TAGACCCTAA	ATTAAAGCAA
msa42193.2{176_JM9130013}	GTATCACAGA	TGGTCATGag	ATTGTGGATT	TAGACCCTAA	ATTAAAGCAA
msa42193.2{176_1169NT}	GTATCACAGA	TGGTCATGag	ATTGTGGATT	TAGACCCTAA	ATTAAAGCAA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa42193.2{176_090}	ATAAATCTGA	TTAACTTTAC	AGATGAGATG	AGCAAATTG	AGTTAGGCAC
msa42193.2{176_CJB110}	ATAAATCTGA	TTAACTTTAC	AGATGAGATG	AGCAAATTG	AGTTAGGCAC
msa42193.2{176_18RS21}	ATAAATCTGA	TTAACTTTAC	AGATGAGATG	AGCAAATTG	AGTTAGGCAC
msa42193.2{176_2603}	ATAAATCTGA	TTAACTTTAC	AGATGAGATG	AGCAAATTG	AGTTAGGCAC
msa42193.2{176_A909}	ATAAATCTGA	TTAACTTTAC	AGATGAGATG	AGCAAATTG	AGTTAGGCAC
msa42193.2{176_COH1}	ATAAATCTGA	TTAACTTTAC	AGATGAGATG	AGCAAATTG	AGTTAGGCAC
msa42193.2{176_M732}	ATAAATCTGA	TTAACTTTAC	AGATGAGATG	AGCAAATTG	AGTTAGGCAC
msa42193.2{176_M781}	ATAAATCTGA	TTAACTTTAC	AGATGAGATG	AGCAAATTG	AGTTAGGCAC
msa42193.2{176_H36B}	ATAAATCTGA	TTAACTTTAC	AGATGAGATG	AGCAAATTG	AGTTAGGCAC
msa42193.2{176_JM9130013}	ATAAATCTGA	TTAACTTTAC	AGATGAGATG	AGCAAATTG	AGTTAGGCAC
msa42193.2{176_1169NT}	ATAAATCTGA	TTAACTTTAC	AGATGAGATG	AGCAAATTG	AGTTAGGCAC
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa42193.2{176_090}	ACTTCGCTCT	TTACTTCCAA	CAATTCGTAA	ATTTAATAAT	TGTTTAGGTG
msa42193.2{176_CJB110}	ACTTCGCTCT	TTACTTCCAA	CAATTCGTAA	ATTTAATAAT	TGTTTAGGTG
msa42193.2{176_18RS21}	ACTTCGCTCT	TTACTTCCAA	CAATTCGTAA	ATTTAATAAT	TGTTTAGGTG
msa42193.2{176_2603}	ACTTCGCTCT	TTACTTCCAA	CAATTCGTAA	ATTTAATAAT	TGTTTAGGTG
msa42193.2{176_A909}	ACTTCGCTCT	TTACTTCCAA	CAATTCGTAA	ATTTAATAAT	TGTTTAGGTG
msa42193.2{176_COH1}	ACTTCGCTCT	TTACTTCCAA	CAATTCGTAA	ATTTAATAAT	TGTTTAGGTG
msa42193.2{176_M732}	ACTTCGCTCT	TTACTTCCAA	CAATTCGTAA	ATTTAATAAT	TGTTTAGGTG
msa42193.2{176_M781}	ACTTCGCTCT	TTACTTCCAA	CAATTCGTAA	ATTTAATAAT	TGTTTAGGTG
msa42193.2{176_H36B}	ACTTCGCTCT	TTACTTCCAA	CAATTCGTAA	ATTTAATAAT	TGTTTAGGTG
msa42193.2{176_JM9130013}	ACTTCGCTCT	TTACTTCCAA	CAATTCGTAA	ATTTAATAAT	TGTTTAGGTG
msa42193.2{176_1169NT}	ACTTCGCTCT	TTACTTCCAA	CAATTCGTAA	ATTTAATAAT	TGTTTAGGTG
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa42193.2{176_090}	TGTACGAATA	TAAAGCATC	TGTACGAATA	TAAAGCATC	TGTACGAATA
msa42193.2{176_CJB110}	TGTACGAATA	TAAAGCATC	TGTACGAATA	TAAAGCATC	TGTACGAATA
msa42193.2{176_18RS21}	TGTACGAATA	TAAAGCATC	TGTACGAATA	TAAAGCATC	TGTACGAATA
msa42193.2{176_2603}	TGTACGAATA	TAAAGCATC	TGTACGAATA	TAAAGCATC	TGTACGAATA
msa42193.2{176_A909}	TGTACGAATA	TAAAGCATC	TGTACGAATA	TAAAGCATC	TGTACGAATA
msa42193.2{176_COH1}	TGTACGAATA	TAAAGCATC	TGTACGAATA	TAAAGCATC	TGTACGAATA
msa42193.2{176_M732}	TGTACGAATA	TAAAGCATC	TGTACGAATA	TAAAGCATC	TGTACGAATA
msa42193.2{176_M781}	TGTACGAATA	TAAAGCATC	TGTACGAATA	TAAAGCATC	TGTACGAATA
msa42193.2{176_H36B}	TGTACGAATA	TAAAGCATC	TGTACGAATA	TAAAGCATC	TGTACGAATA
msa42193.2{176_JM9130013}	TGTACGAATA	TAAAGCATC	TGTACGAATA	TAAAGCATC	TGTACGAATA
msa42193.2{176_1169NT}	TGTACGAATA	TAAAGCATC	TGTACGAATA	TAAAGCATC	TGTACGAATA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****

SEQ ID NO: 4912

STRAIN 2603 frame: 1

KHPILNDQKSLAIVBQIEYDFDKFDNSEASFYATLARKVRMDREIKKFIENPNQSILSI  
 GCGLDTRFRVDNGQIRWYNLDLPEVMEIRKLFFEEHVRVNIKASALDETWTREVNPNQ  
 APPLIVSEGVLMFLKEDDVETFLHILTNFSQFMAQFDLCHKEMINKGRQHDIVKQMDTE

Table 49: Comparative Sequences related to SAG1502

FQFGITDGHEIVDLDPKLKQINLINFTEDEMSKFELGTLRSLLPTIRKFNNCLGVYKYA

SEQ ID NO: 4913

STRAIN 090 frame: 2

NDQKSLAIVEQIEYDFDKFDNSEASFYATLARIRVMDREIKKFIRENPNSQILSIGCGLD  
TRFERVDNGQIRWYNLDLPEVMEIRKLFEEHERVTNIAKSALDETWTRVNPQNAPFLI  
VSEGVLMFLKEDDVETFLHILTNFSQFMAQFDLCHEMINKGKHDTVKYMDTEFQFGI  
TDGHEIVDLDPKLKQINLINFTEDEMSKFELGTLRSLLPTIRKFNNCLGVYKYA

SEQ ID NO: 4914

STRAIN A909 frame: 1

KHPILNDQKSLAIVEQIEYDFDKFDNSEASFYATLARIRVMDREIKKFIRENPNSQILSI  
GCGLDTRFERVDNGQIRWYNLDLPEVMEIRKLFEEHERVTNIAKSALDETWTRVNPQN  
APFLIVSEGVLMFLKEDDVETFLHILTNFSQFMAQFDLCHEMINKGKHDTVKYMDTE  
FQFGITDGHEIVDLDPKLKQINLINFTEDEMSKFELGTLRSLLPTIRKFNNCLGVYKYA

SEQ ID NO: 4915

STRAIN H36B frame: 1

KHPILNDQKSLAIVEQIEYDFDKFDNSEASFYATLARIRVMDREIKKFIRENPNSHILSI  
GCGLDTRFERVDNGQIRWYNLDLPEVMEIRKLFEEHERVTNIAKSALDETWTRVNPQN  
APFLIVSEGVLMFLKEDDVETFLHILTNFSQFMAQFDLCHEMINKGKHDTVKYMDTE  
FQFGITDGHEIVDLDPKLKQINLINFTEDEMSKFELGTLRSLLPTIRKFNNCLGVYKYA

SEQ ID NO: 4916

STRAIN 18RS21 frame: 3

HPILNDQKSLAIVEQIEYDFDKFDNSEASFYATLARIRVMDREIKKFIRENPNSQILSIG  
CGLDTRFERVDNGQIRWYNLDLPEVMEIRKLFEEHERVTNIAKSALDETWTRVNPQNA  
PFLIVSEGVLMFLKEDDVETFLHILTNFSQFMAQFDLCHEMINKGKHDTVKYMDTEF  
QFGITDGHEIVDLDPKLKQINLINFTEDEMSKFELGTLRSLLPTIRKFNNCLGVYKYA

SEQ ID NO: 4917

STRAIN M732 frame: 1

KHPILNDQKSLAIVEQIEYDFDKFDNSEASFYATLARIRVMDREIKKFIRENPNSQILSI  
GCGLDTRFERVDNGQIRWYNLDLPEVMEIRKLFEEHERVTNIAKSALDETWTRVNPQN  
APFLIVSEGVLMFLKEDDVETFLHILTNFSQFMAQFDLCHEMINKGKHDTVKYMDTE  
FQFGITDGHEIVDLDPKLKQINLINFTEDEMSKFELGTLRSLLPTIRKFNNCLGVYKYA

SEQ ID NO: 4918

STRAIN COH1 frame: 1

KHPILNDQKSLAIVEQIEYDFDKFDNSEASFYATLARIRVMDREIKKFIRENPNSQILSI  
GCGLDTRFERVDNGQIRWYNLDLPEVMEIRKLFEEHERVTNIAKSALDETWTRVNPQN  
APFLIVSEGVLMFLKEDDVETFLHILTNFSQFMAQFDLCHEMINKGKHDTVKYMDTE  
FQFGITDGHEIVDLDPKLKQINLINFTEDEMSKFELGTLRSLLPTIRKFNNCLGVYKYA

SEQ ID NO: 4919

STRAIN M781 frame: 1

KHPILNDQKSLAIVEQIEYDFDKFDNSEASFYATLARIRVMDREIKKFIRENPNSQILSI  
GCGLDTRFERVDNGQIRWYNLDLPEVMEIRKLFEEHERVTNIAKSALDETWTRVNPQN  
APFLIVSEGVLMFLKEDDVETFLHILTNFSQFMAQFDLCHEMINKGKHDTVKYMDTE  
FQFGITDGHEIVDLDPKLKQINLINFTEDEMSKFELGTLRSLLPTIRKFNNCLGVYKYA

SEQ ID NO: 4920

STRAIN CJB110 frame: 1

KHPILNDQKSLAIVEQIEYDFDKFDNSEASFYATLARIRVMDREIKKFIRENPNSQILSI  
GCGLDTRFERVDNGQIRWYNLDLPEVMEIRKLFEEHERVTNIAKSALDETWTRVNPQN  
APFLIVSEGVLMFLKEDDVETFLHILTNFSQFMAQFDLCHEMINKGKHDTVKYMDTE  
FQFGITDGHEIVDLDPKLKQINLINFTEDEMSKFELGTLRSLLPTIRKFNNCLGVYKYA

SEQ ID NO: 4921

STRAIN 1169NT frame: 1

KHPILNDQKSLAIVEQIEYDFDKFDNSEASFYATLARIRVMDREIKKFIRENPNSHILSI  
GCGLDTRFERVDNGQIRWYNLDLPEVMEIRKLFEEHERVTNIAKSALDETWTRVNPQN  
APFLIVSEGVLMFLKEDDVETFLHILTNFSQFMAQFDLCHEMINKGKHDTVKYMDTE  
FQFGITDGHEIVDLDPKLKQINLINFTEDEMSKFELGTLRSLLPTIRKFNNCLGVYKYA

SEQ ID NO: 4922

STRAIN JM9130013 frame: 2

AIVEQIEYDFDKFDNSEASFYATLARIRVMDREIKKFIRENPNSHILSIGCGLDTRFERV  
DNGQIRWYNLDLPEVMEIRKLFEEHERVTNIAKSALDETWTRVNPQNAPFLIVSEGVLM  
FLKEDDVETFLHILTNFSQFMAQFDLCHEMINKGKHDTVKYMDTEFQFGITDGHEI  
VDLDPKLKQINLINFTEDEMSKFELGTLRSLLPTIRKFNNCLGVYKYA

PRETTY of: /biotmp/msa42204.2{\*} January 21, 2003 05:05 ..

	1		50
msa42204.2{176_H36B}	khpilndqks	LAIVEQIEYD fDKFDNSEAS FYATLARIRV MDREIKKFI	R
msa42204.2{176_JM9130013}	-----	-AIVEQIEYD fDKFDNSEAS FYATLARIRV MDREIKKFI	R
msa42204.2{176_090}	-----ndqks	LAIVEQIEYD fDKFDNSEAS FYATLARIRV MDREIKKFI	R
msa42204.2{176_18RS21}	-hpilndqks	LAIVEQIEYD fDKFDNSEAS FYATLARIRV MDREIKKFI	R
msa42204.2{176_2603}	khpilndqks	LAIVEQIEYD fDKFDNSEAS FYATLARIRV MDREIKKFI	R
msa42204.2{176_A909}	khpilndqks	LAIVEQIEYD fDKFDNSEAS FYATLARIRV MDREIKKFI	R
msa42204.2{176_CJB110}	khpilndqks	LAIVEQIEYD fDKFDNSEAS FYATLARIRV MDREIKKFI	R

Table 49: Comparative Sequences related to SAG1502

msa42204.2{176_COH1}	khpilndqks	LAIVEQIEYD	LDKFDNSEAS	FYATLARIRV	MDREIKKFIR
msa42204.2{176_M732}	khpilndqks	LAIVEQIEYD	LDKFDNSEAS	FYATLARIRV	MDREIKKFIR
msa42204.2{176_M781}	khpilndqks	LAIVEQIEYD	LDKFDNSEAS	FYATLARIRV	MDREIKKFIR
msa42204.2{176_1169NT}	khpilndqks	LAIVEQIEYD	LDKFDNSEAS	FYATLARIRV	MDREIKKFIR
Consensus	-----	*****	*****	*****	*****
msa42204.2{176_H36B}	ENPNShILSI	GCGLDTRFER	VDNGQIRWYN	LDLPEVMEIR	KLFFEEHERV
msa42204.2{176_JM9130013}	ENPNShILSI	GCGLDTRFER	VDNGQIRWYN	LDLPEVMEIR	KLFFEEHERV
msa42204.2{176_090}	ENPNShILSI	GCGLDTRFER	VDNGQIRWYN	LDLPEVMEIR	KLFFEEHERV
msa42204.2{176_18RS21}	ENPNShILSI	GCGLDTRFER	VDNGQIRWYN	LDLPEVMEIR	KLFFEEHERV
msa42204.2{176_2603}	ENPNShILSI	GCGLDTRFER	VDNGQIRWYN	LDLPEVMEIR	KLFFEEHERV
msa42204.2{176_A909}	ENPNShILSI	GCGLDTRFER	VDNGQIRWYN	LDLPEVMEIR	KLFFEEHERV
msa42204.2{176_CJB110}	ENPNShILSI	GCGLDTRFER	VDNGQIRWYN	LDLPEVMEIR	KLFFEEHERV
msa42204.2{176_COH1}	ENPNShILSI	GCGLDTRFER	VDNGQIRWYN	LDLPEVMEIR	KLFFEEHERV
msa42204.2{176_M732}	ENPNShILSI	GCGLDTRFER	VDNGQIRWYN	LDLPEVMEIR	KLFFEEHERV
msa42204.2{176_M781}	ENPNShILSI	GCGLDTRFER	VDNGQIRWYN	LDLPEVMEIR	KLFFEEHERV
msa42204.2{176_1169NT}	ENPNShILSI	GCGLDTRFER	VDNGQIRWYN	LDLPEVMEIR	KLFFEEHERV
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa42204.2{176_H36B}	TNIAKSALDE	TWTREVNPNQ	APFLIVSEGV	LMFLKEDDVE	TFLHILTNSF
msa42204.2{176_JM9130013}	TNIAKSALDE	TWTREVNPNQ	APFLIVSEGV	LMFLKEDDVE	TFLHILTNSF
msa42204.2{176_090}	TNIAKSALDE	TWTREVNPNQ	APFLIVSEGV	LMFLKEDDVE	TFLHILTNSF
msa42204.2{176_18RS21}	TNIAKSALDE	TWTREVNPNQ	APFLIVSEGV	LMFLKEDDVE	TFLHILTNSF
msa42204.2{176_2603}	TNIAKSALDE	TWTREVNPNQ	APFLIVSEGV	LMFLKEDDVE	TFLHILTNSF
msa42204.2{176_A909}	TNIAKSALDE	TWTREVNPNQ	APFLIVSEGV	LMFLKEDDVE	TFLHILTNSF
msa42204.2{176_CJB110}	TNIAKSALDE	TWTREVNPNQ	APFLIVSEGV	LMFLKEDDVE	TFLHILTNSF
msa42204.2{176_COH1}	TNIAKSALDE	TWTREVNPNQ	APFLIVSEGV	LMFLKEDDVE	TFLHILTNSF
msa42204.2{176_M732}	TNIAKSALDE	TWTREVNPNQ	APFLIVSEGV	LMFLKEDDVE	TFLHILTNSF
msa42204.2{176_M781}	TNIAKSALDE	TWTREVNPNQ	APFLIVSEGV	LMFLKEDDVE	TFLHILTNSF
msa42204.2{176_1169NT}	TNIAKSALDE	TWTREVNPNQ	APFLIVSEGV	LMFLKEDDVE	TFLHILTNSF
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa42204.2{176_H36B}	SQFMAQFDLC	qKEMINKGKQ	HDTVKYMDTE	FQfGITDGHE	IVDLDPKLLKQ
msa42204.2{176_JM9130013}	SQFMAQFDLC	qKEMINKGKQ	HDTVKYMDTE	FQfGITDGHE	IVDLDPKLLKQ
msa42204.2{176_090}	SQFMAQFDLC	qKEMINKGKQ	HDTVKYMDTE	FQfGITDGHE	IVDLDPKLLKQ
msa42204.2{176_18RS21}	SQFMAQFDLC	qKEMINKGKQ	HDTVKYMDTE	FQfGITDGHE	IVDLDPKLLKQ
msa42204.2{176_2603}	SQFMAQFDLC	qKEMINKGKQ	HDTVKYMDTE	FQfGITDGHE	IVDLDPKLLKQ
msa42204.2{176_A909}	SQFMAQFDLC	qKEMINKGKQ	HDTVKYMDTE	FQfGITDGHE	IVDLDPKLLKQ
msa42204.2{176_CJB110}	SQFMAQFDLC	qKEMINKGKQ	HDTVKYMDTE	FQfGITDGHE	IVDLDPKLLKQ
msa42204.2{176_COH1}	SQFMAQFDLC	qKEMINKGKQ	HDTVKYMDTE	FQfGITDGHE	IVDLDPKLLKQ
msa42204.2{176_M732}	SQFMAQFDLC	qKEMINKGKQ	HDTVKYMDTE	FQfGITDGHE	IVDLDPKLLKQ
msa42204.2{176_M781}	SQFMAQFDLC	qKEMINKGKQ	HDTVKYMDTE	FQfGITDGHE	IVDLDPKLLKQ
msa42204.2{176_1169NT}	SQFMAQFDLC	qKEMINKGKQ	HDTVKYMDTE	FQfGITDGHE	IVDLDPKLLKQ
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa42204.2{176_H36B}	INLINFTDEM	SKFELGTLRS	LLPTIRKFN	CLGVYFYKA	
msa42204.2{176_JM9130013}	INLINFTDEM	SKFELGTLRS	LLPTIRKFN	CLGVYFYKA	
msa42204.2{176_090}	INLINFTDEM	SKFELGTLRS	LLPTIRKFN	CLGVYFYKA	
msa42204.2{176_18RS21}	INLINFTDEM	SKFELGTLRS	LLPTIRKFN	CLGVYFYKA	
msa42204.2{176_2603}	INLINFTDEM	SKFELGTLRS	LLPTIRKFN	CLGVYFYKA	
msa42204.2{176_A909}	INLINFTDEM	SKFELGTLRS	LLPTIRKFN	CLGVYFYKA	
msa42204.2{176_CJB110}	INLINFTDEM	SKFELGTLRS	LLPTIRKFN	CLGVYFYKA	
msa42204.2{176_COH1}	INLINFTDEM	SKFELGTLRS	LLPTIRKFN	CLGVYFYKA	
msa42204.2{176_M732}	INLINFTDEM	SKFELGTLRS	LLPTIRKFN	CLGVYFYKA	
msa42204.2{176_M781}	INLINFTDEM	SKFELGTLRS	LLPTIRKFN	CLGVYFYKA	
msa42204.2{176_1169NT}	INLINFTDEM	SKFELGTLRS	LLPTIRKFN	CLGVYFYKA	
Consensus	*****	*****	*****	*****	

Table 50: Comparative Sequences relating to SAG 1024

## SEQ ID NO. 5001

## STRAIN 2603

ATGAAAAACAAAACTATTACTGCTTATTGGAGGCTTATTAATAATGATAATGATGACA  
 GCATGTAGGATTCAAAAATCCAGAAAAACCGCACAAAGGAAGAGTACCAAGCTGAACAA  
 AATTTTAAACCGTTTTTTGAGTTTTTAGCACAAAAGATAAAGATTGAGCAAAATACAA  
 AAATACTTACTATTAGTATCGGATTGAGGTGATGCAATTAGATTAGAAATATTTCTATAGT  
 ATTCAAGATTTAATAAAAAAATAGGATTTAGGGAAGTTTGAACAGAAAAAGTCAAAATA  
 GAAAAGCCGGGTGGCTATAATGAGTTAGAAAAATAAGAGGTCCTTTGAATATTTTAA  
 AATAATATAGTTTATCCAAAAGGAAACCGAATATTACATTTGATGACTTTATTATCGGA  
 GCAATGGATACTAAGAATTAAAAAGATTAAAAAATTAAAGTAAAAAGTTATTTATTA  
 AAACATCCGGAACCTGAGTTGAAAGATATAACATATGAATTGCCGACACAGTCGAAGCTT  
 ATTAAAAA

## SEQ ID NO. 5002

## STRAIN 090

TAAGGATTCAAAAATCCAGAAAAACCGCACAAAG  
 GAAGAGTACCAAGCTGAACAAAATTTTAACTGTTTTTTGAGTTTTTAGC  
 ACAAATATATAAGATTGAAACAAAATACAAAATACCTACTATTAGTAT  
 CGGATTTCAGGTGATGCAATTAGATTAGAAATATTTCTATAGTATTCAAGAT  
 TTAAAAAATAAAGGATTAGGGAAGTTTGAACAAGAAAAAGTCAAAAT  
 AGAAAAGCCGGGTGGCTATAATGAGTTAGAAAAATAAGAGGTCCTTTTG  
 AATATTTTAAAAAATAATAGTTTATCCAAAAGGAAACCGAATATTACA  
 TTTGATGACTTTATTATCGGAGCAATGGATACTAAGAATTAAAAAATT  
 AAAAGTAAAAAGTTATTTATTAACATCCGGAACCTGAGTTGAAAGATA  
 TAACATATGAATTGCCGACACAGTCGAAGCTTATTAAAAA

## SEQ ID NO. 5003

## STRAIN 18RS21

TAAGGATTCAAAAATCCAGAAAAACCGCACAAAGGAAG  
 AGTACCAAGCTGAACAAAATTTTAAACCGTTTTTTGAGTTTTTAGCACAA  
 AAAGATAAAGATTGAGCAAAATACAAAATACCTACTATTAGTATCGGA  
 TTCAGGTGATGCAATTAGATTAGAAATATTTCTATAGTATTCAAGATTAA  
 AAAAAATAAGGATTAGGGAAGTTTGAACAAGAAAAAGTCAAAATAGAA  
 AAGCCGGGTGGCTATAATGAGTTAGAAAAATAAGAGGTCCTTTGAAATA  
 TTTTAAAAAATAATAGTTTATCCAAAAGGAAACCGAATATTACATTTG  
 ATGACTTTATTATCGGAGCAATGGATACTAAGAATTAAAAAGAAATAAAA  
 GAATTAAAAAATAAAGTAAAAAGTTATTATTAAAAACATCCGGAAC  
 TGAGTTGAAAGATATAACATATGAATTGCCGACACAGTCGAAGCTTATTA  
 AAAAA

PRETTY of: /biotmp/msa212269.2(\*) February 10, 2003 05:07 ..

msa212269.2{184_090}	1	50
msa212269.2{184_2603}	atgaaaaaac aaaaactatt actgcttatt ggaggcttat taataatgat	
msa212269.2{184_18RS21}	*****	
Consensus	*****	
msa212269.2{184_090}	51	100
msa212269.2{184_2603}	-----TAAGG ATTCAAAAAT CCCAGAAAAC CGCACAAGG	
msa212269.2{184_18RS21}	aatgatgaca gcatgTAAGG ATTCAAAAAT CCCAGAAAAC CGCACAAGG	
Consensus	*****	
msa212269.2{184_090}	101	150
msa212269.2{184_2603}	AAGAGTACCA AGCTGAACAA AATTTTAAAC tGTTTTTTGA GTTTTTAGCA	
msa212269.2{184_18RS21}	AAGAGTACCA AGCTGAACAA AATTTTAAAC cGTTTTTTGA GTTTTTAGCA	
Consensus	*****	
msa212269.2{184_090}	151	200
msa212269.2{184_2603}	CAAAAACATA AAGATTTGaa CAAAATACAA AAATACTTAC TATTAGTATC	
msa212269.2{184_18RS21}	CAAAAAGATA AAGATTTGag CAAAATACAA AAATACTTAC TATTAGTATC	
Consensus	*****	
msa212269.2{184_090}	201	250
msa212269.2{184_2603}	GGATTTCAGGT GATGCATTAG ATTTAGAATA TTTCTATAGT ATTCAAGATT	
msa212269.2{184_18RS21}	GGATTTCAGGT GATGCATTAG ATTTAGAATA TTTCTATAGT ATTCAAGATT	
Consensus	*****	
msa212269.2{184_090}	251	300
msa212269.2{184_2603}	TAAAAAATAA TAAGGATTTA GGGAAAGTTT AAACAAGAAA AAGTCAAATA	
msa212269.2{184_18RS21}	TAAAAAATAA TAAGGATTTA GGGAAAGTTT AAACAAGAAA AAGTCAAATA	
Consensus	*****	
msa212269.2{184_090}	301	350
msa212269.2{184_2603}	GAAAAGCCGG GTGGCTATAA TGAGTTAGAA AATAAAGAGG TCCCATTTGA	
msa212269.2{184_18RS21}	GAAAAGCCGG GTGGCTATAA TGAGTTAGAA AATAAAGAGG TCCCATTTGA	
Consensus	*****	

Table 50: Comparative Sequences relating to SAG 1024

```

msa212269.2{184_090} 351 400
msa212269.2{184_2603} ATATTTTAAA AATAATATAG TTTATCCAAA AGGAAAACCG AATATTACAT
msa212269.2{184_18RS21} ATATTTTAAA AATAATATAG TTTATCCAAA AGGAAAACCG AATATTACAT
Consensus *****
msa212269.2{184_090} 401 450
msa212269.2{184_2603} TTGATGACTT TATTATCGGA GCAATGGATA CT.....
msa212269.2{184_18RS21} TTGATGACTT TATTATCGGA GCAATGGATA CT.....aaagaatta
Consensus *****
msa212269.2{184_090} 451 500
msa212269.2{184_2603} AAAGAATTAA AAAAATTAAA AGTAAAAAGT TATTATTAA AACATCCGGA
msa212269.2{184_18RS21} AAAGAATTAA AAAAATTAAA AGTAAAAAGT TATTATTAA AACATCCGGA
Consensus *****
msa212269.2{184_090} 501 550
msa212269.2{184_2603} AACTGAGTTG AAAGATATAA CATATGAATT GCCGACACAG TCGAAGCTTA
msa212269.2{184_18RS21} AACTGAGTTG AAAGATATAA CATATGAATT GCCGACACAG TCGAAGCTTA
Consensus *****
msa212269.2{184_090} 551
msa212269.2{184_2603} TTAAAAAA
msa212269.2{184_18RS21} TTAAAAAA
Consensus *****

```

## SEQ ID NO. 5004

STRAIN 2603 frame: 1  
 MKKQKLLLLIGGLIMMTACKDSKIPENRTKEEYQAEQNFKPFPEFLAQKDKDLSKI  
 KYLLLVSDSGDALDLEYFYSIQDLKKNKDLGKFPETRSQIEKPGGYNELENKEVPFPEYFK  
 NNIVYPKGKPNITFDDFIIGAMDTKELKELKELKVKSYLLKHPETELKDITYELPTQSKL  
 IKK

## SEQ ID NO. 5005

STRAIN 090 frame: 2  
 KDSKIPENRTKEEYQAEQNFKPFPEFLAQKYKDLNKKYKLLLVSDSGDALDLEYFYSIQ  
 DLKKNKDLGKFPETRSQIEKPGGYNELENKEVPFPEYFKNNIVYPKGKPNITFDDFIIGAM  
 DTKELKELKELKVKSYLLKHPETELKDITYELPTQSKLIKK

## SEQ ID NO. 5006

STRAIN 18RS21 frame: 2  
 KDSKIPENRTKEEYQAEQNFKPFPEFLAQKDKDLSKIQKYLLLVSDSGDALDLEYFYSIQ  
 DLKKNKDLGKFPETRSQIEKPGGYNELENKEVPFPEYFKNNIVYPKGKPNITFDDFIIGAM  
 DTKELKELKELKVKSYLLKHPETELKDITYELPAQSKLIKK

PRETTY of: /biotmp/msa212547.2{\*} February 10, 2003 05:11 ..

```

msa212547.2{184_18RS21} 1 50
msa212547.2{184_2603} -----KDSKIPEN RTKEEYQAEQ NFKPFPEFLA
msa212547.2{184_090} mkkqklllll ggllimimmt acKDSKIPEN RTKEEYQAEQ NFKPFPEFLA
Consensus *****
msa212547.2{184_18RS21} 51 100
msa212547.2{184_2603} QKdKDLsKIQ KYLLLVSDSG DALDLEYFYS IQDLKKNKDL GKFETRSQI
msa212547.2{184_090} QKdKDLsKIQ KYLLLVSDSG DALDLEYFYS IQDLKKNKDL GKFETRSQI
Consensus *****
msa212547.2{184_18RS21} 101 150
msa212547.2{184_2603} EKPGGYNELE NKEVPFPEYFK NNIVYPKGKP NITFDDFIIG AMDTkelkel
msa212547.2{184_090} EKPGGYNELE NKEVPFPEYFK NNIVYPKGKP NITFDDFIIG AMDT.....
Consensus *****
msa212547.2{184_18RS21} 151 186
msa212547.2{184_2603} KELKKLVKS YLLKHPETEL KDITYELPaQ SKLIKK
msa212547.2{184_090} KELKKLVKS YLLKHPETEL KDITYELPtQ SKLIKK
Consensus *****

```

Table 51: Comparative Sequences relating to SAG0677

SEQ ID NO. 5101  
STRAIN 2603

ttgaataataaagggtgtcggtggcgatgggtgtccaaatattatcaatacta  
tatcaaatggacaacaataaaccttacttaagtcctcaagataagacta  
ctgtagagaagttagaagatcgctggaaaaaattactttcaaagttcag  
gatactggcattgggtttgaagacggtttatcttcaatctgttaagtagt  
tggtggggcaataataatttagacctatcacacctccaggatttaaaa  
aagaagataaaaaagttgaaaaaccaaattagaccgtccaccaggaatt  
gatttaccagcaccaacttcaatgagaagtttgattattcaacccacc  
gggaactaagccaagcaaacccaaagatagtttatcaactcctccaggtt  
tcccagatttaaacacgcccgcggatgaagcaccaaaggaagtagtaaaaa  
gacgctattgaagataaatcaggagcaattaaatattgctaagttcttca  
acttagctttgttgatggccctattttagctagcaagtaaatggcaaaa  
tattacaagtgaatctgatggcaaattagtcatctcctagaatgcttg  
tcagctaataatcaatttgatgacactagttctaaaaatttatcgtaataata  
tcgcaataaagaaattactatcacacagattattttgcagatacaaaa  
atgtcaatatcacagcggttgactatttgagcaatactacttttgagcaa  
ttagctactgggtgaacagtagattaccatgocattgtattttcaagctt  
tgctgctattaaagacaagggtggtaagatttatgttaacgataaattgc  
aagaaacttctcgtatagcgcttaagataaaatctgttaagattggatt  
gaattaccaaatgatgtcagacatattgatagtttatctgttctcgtgtt  
gaatgaggttaaaactgttgataaatcttgaaaaatgatgaacagaca  
ttaatctcagcaaaacttaccatataaaatacaacccgacaaatcgtcgt  
ctagagtttactattaaataacattaactcaagttcagaatcatgaccac  
tttcaagatggaaagatgccagaattgggtgaacaaaaagatgtttctt  
tggatataaacgatatggacatgagtaagtttaaaactattcgacttga  
cgaaaggattctgaatttaaggagacaacttatgcaaaaactggaacagt  
tgaattagatattgttttcaacaactctcaagaccagcttcaattatta  
aaaaatataccttatcaaaaatgggtgttccaaatgaattgaaaaaattt  
gactctagttttgggttaactgaaagttagatagatggatactatttta  
taaaatgcaattaaaccttaaaatttaaaatcaaccagtggtgcaagttta  
aagttgttttataaaagggaagaagatccatatagtcatcagaagaagat  
atgactaaaaaagggtgaacagctcagttcatcaactcaagccaatgaaaa  
tacagcaaaagtaacctttgctaataattgactgggtcacattatagtaagg  
ttactgtgaatggaaaagaagttgttaagggtagtgagttacctttaact  
aaaggatggacaacatttgtattacataaaacagaaaaattcattaaatgt  
taaaagtttgattatggagacgggttagtgtaagtaagaaagtccaacaac  
ttcctttaagtcctagattatctaaaaataagcatatgagggatagcta  
cttactatgcaaaaagattcagcgtattacgaacaagtgcagcttagt  
ccttcgaatttaactcactgcagatactaaacttaattttaatgctgtta  
aaggagcgagtgctcttactgaaaatattgatgatgagacagtttgagtt  
gctggaccacaagatgatcctgttagtggaacataaaatacccatcagttt  
tctcttaactcctgccttatggaaactgctagtgaggcaactcctaagt  
gtaaggaaatcacagcatctgggtattatcggtcacatcaaggatgggtgat  
aaaagcaagcatgttgaaagtcacaaatgggtgaatgaaaatggagacatgct  
aggaacccctgttatattcaaggtaagacttgactaatcgaacaaaac  
cattaatgagtggaagtagtagtactttatgcggtaaacaaatagtttc  
cgggctaattaccacttagtctgttttaacacttggattaggggtgaagt  
ggtaacagaagcaggagagaagcaagttatgttcgtcgcatgttctttg  
accaatcagttccagagcttaacacagcagtttgtaaacgtgatttgact  
tctgatactgctcttaccacatcgttgccaaagatgactctctaaaaact  
aaaattatatcaagatgattcattactgaaatctgttgataaaaacgggtc  
tttatagttttagaatgggtgtagaaatcactaaagatatgacagtacca  
ctagaatttggagataatattattaagttatctgctgttgacttatcaaa  
ttatcgtcgttaatgagacccttcatatctatagaacccgttttgatgtta  
aagcaagcaaatgacagctgacaaaggagctaaagttaactgtggatag  
ttgatgaagcacttagttgttccagaaatggcaggagcttatacattaac  
aatcgacgaagctccaaacacaaatgaatcagggaatgttaacaaacgcta  
aagtatcgattcatattgtaaatgggtgggttgataaagttgatgttcg  
attaaagtagttgacttagaagctattcgtaaagctgaagaagcagctaa  
agctgaagaagcagctaaagctgaagaagcagctaaagctgaagaggac  
ataaaacccaagaagcacctatagttgaagaaggctacaagggttaataac  
gttcatcaaaactgatactacagtttaagcgtctgatttaccaaagactaa  
gacagtttccgcagttcataatggctagaacagacaataaacagataaact  
cacatcagacacatgttgaaaaacaaattaaaaatacattgccatccact  
ggtagacgcaaacgtgggttatatatcactggaatggctatcgttatgct  
gagtgattatttagtttagctaaaaagtttaaaagcaaatat

SEQ ID NO. 5102  
STRAIN A909

TTGAATAATAAAGGTGTGGTGGCGAT  
GGTGTCCAAATTTATCAATACTATATCAAAATGGACAACAATAAACCTTA  
CTTAAGTCCCAAGATAAGACTACTGTAGAGAAGTTAGAAGATCGCTGGA  
AAAAAATTAATTTCAAAGTTCAGGATCTGGCATTGGTTTGAAGACGTT  
TATCTTCAATCTGTTAAGTATGTTGGTGGTGGCAATAATAATTAGACCT  
TATCACACCTCCAGGATTTAAAAAAGAAGATAAAAAAGTTGAAAAACCAA  
AATTAGACCGTCCACCAGGAATTGATTTACCAACCACTTCAATGAGA  
AGTTTGGATTATTCAACCCACCGGAACTAAGCCAAGCAAAACCAAGA  
TAGTTTATCAACTCTCCAGGTTTCCAGATTATAACACGCGCGCGGATG  
AAGCACTAAAGGATAGTAAAAAAGACGCTATTGAAGATAAATCAGGAGCA  
ATTAAATATGCTAAGTCTCTCAACTTAGCTTGTGTGATGACCTATTTT  
AGCTAGCAAAATGCAAAATGCAAAATATTACAAGTCAATCTGATGGCAAT  
TAGTCATTCTAGAAATGCTTGTGCTAGCTAATCAATTGATGACACTAGT

Table 51: Comparative Sequences relating to SAG0677

CTTAAATTTATCGTAATAATAATCGCAATAAGAAATTAATCTATCACAAC  
 AGATTATTTTGCAGATACAAAATATGTCAATATCACAGCGGTTGACTATT  
 TGAGCAATACACTTTTGAGCAATTAGCTACTGGTGAACAGTAGATTAC  
 CATGCCATTGTATTTTCAAGCTTTGCTGCTATTAAAGACAAGGGTGGTAA  
 GATTTATGTTAACGATAAATTGCAAGAACTTCTCGTATAGCGCTTAAAG  
 ATAAATCTGTTAAGATTGGTATTGAATTACCAATGATGTGAGACATATT  
 GATAGTTTATCTGTTGCTGCTTTGAATGAGGTTAAACTGTTGATAATAT  
 CTTGAAAAATGATGAACAAGACATTAATCTCAGCAAACTTACCAATTAA  
 AATACAACCCGACAAATCGTCGTCTAGAGTTTACTATTAAATACATTAAC  
 TCAAGTTCAGAAATCATGACCCTTTCAAAGATGGAAGATGCCAGAATT  
 GGTGAAaCAAAAGATGTTCTTTGGATATAaCGATATGGACATGAGTA  
 AGTTTAAACTATTTCGACTTGGACGAAAGGATTCTGAATTTAAGGGACAA  
 CTTATTGCAAAACTGGAACAGTTGAATTAGATATGTTTTCAAAACAAT  
 TCAAGACCCAGCTTCAATTATTAATAAATAATACCTTATCCAAATGGTG  
 TTCAAATGAATTGAAAAAATTGACTCTAGTTTGGTTTAACTGAAAGT  
 CAGATAGATGGATCTATATTTATAAAGATGCAATTAACCTTAAATTTAA  
 ATTAAACAGTGGTGCAAGTCTTAAAGTGTGTTATAAAGGGCAAGAAGATC  
 CATATAGTCATCAGAAAGAGATATGACTAAAAAGGTGAACAGCTCAGT  
 CATTCAACTCAAGCCAATGAAAAATACAGCAAAAGTAACCTTTGCTAATAT  
 TGACTGGTCACATTATAGTAAGGTTACTGTGAATGGAAGAGGTTGGTA  
 AAGGTAGTGAGTTACCTTTAACTAAAGGATGGACACATTTGTATTACAT  
 AAAACAGAAAAATTCATTAAATGTTAAAGTTTGAATTATGGAGACGGTAG  
 TGTAAGTAAGAAAGTTCAACCACTTCCTTTAAAGTCTAGATTATCTAAAA  
 ATAAGCATATGAGGGATATGCTACTTACTATGCAAAAGATTGAGCGTAT  
 TACGAaaCAAGTGACAGTCTAGTCTTCAATTAATCTCACTGCAGATAC  
 TAACTTAAATTTTAAATGCTGTTAAAGGAGCGAGTGCTCTTACTGAAAAA  
 TGATGATGAGACAGTTTGCAGTTGCTGGACCAAGATGATCCTGTTAGT  
 GAACATAAATACCCATCAGTATTTCTCTTAACTCCTGCTTATTTGGAAC  
 TGCTAGTGAGGCAACTCTaAATGGTAAGGAAATCACAGCATCTGGTATTA  
 TCGGTACATCAAGGATGGTGATAAAGCAAGCATGTTGAAGTCAAAATG  
 GTGAATGAAAAATGGAGACATGCTAGGAACCCCTGTTATTATTCAAGGTAA  
 AGACTTGACTTAATCGAACAAAAACCATTAATGAGTGGACGTAGAGTACTTT  
 ATGCCGGTAAACAATATGAGTTCCGGGCTAAATTAACCACTTAGTCGTTTT  
 AACACTTGGATTAGGGTTGAAGTGGTAACAGAAGCAGGAGAGAAAGCAAG  
 TATTGTTCTGTCGATGTTCTTTGACCAATCAGTCCAGAGCTTAACACAG  
 CAGTTGCTAAACGTGATTGACTTCTGATACGTCTTATCCACATCGTT  
 GCCAAGATGACTCTCTAAACTAAAAATATATCAAGATGATTCAATTACT  
 TGAATCTGTTGATAAAACCGGCTTTTATAGTTTGAAGAAATGGGTAGAAA  
 TCACTAAAGATATGACAGTACCCTAGAAATTTGGAGATAATATTATTAAG  
 TTATCTGCTGTTGACTTATCAAAATATCGTCTGAATGAGACCCCTTCATAT  
 CTATAGAAAACCGTTTTGATGTTAAAGCAAGCCAAATGACAGCTGACAAAG  
 GAGCTTAAAGTAACTGTTGATATGTTGATGAAGCACTTAGTTGTTCCAGAA  
 ATGGCAGGAGCTTATACATTAAACATCGACGAAGATCCAAACCAAAATGA  
 ATCAGGAATGTTAAACAAACGCTAAAGTATCGATTCTATTGTAATGGTG  
 GTGTTGATAAAGTTGATGTTCCGATTAAAGTAGTTGACTTAGAAGCTATT  
 CGTAAAGCTGAAGAAGCACATAAAGCTGACGAAGCACGTAAAGCTGAAGA  
 AGCAGCTAAAGCTGAAGAAGCACGTAAAGCTGAAGAAGCACGTAAAGCTG  
 AAGAGGGACATaAAACCAAGAGCACCTATAGTTGAAGAAGGCTACAAAG  
 GTTAATAAGCTTATCAAACTGATACACAGTTAAAGCGTCTGATTACC  
 AAAGACTAAGACAGTTTCCGAGTTTATATGGCTAGAACAGACAATAAAC  
 AGATAACTTCACATCAGACACATGTTGAAAAACAAATTAATAATA

SEQ ID NO. 5103

STRAIN H36B

TGGTGTCCAAATTTATCAATACTATATCAAAATGGACAACAATAAACCTT  
 ACTTAAGTCCCAAGATAAGACTACTGTAGAGAAGTTAGaaGATCGCTGG  
 AAAAAAATTTACTTTCAAAGTTTCAAGTACTGGCATTGGTTTGAAGAAGCT  
 TTATCTTCAATCTGTTAAGTATGTTGGTGGTGCAATAAATAATTAGACC  
 TTATCACACCTCCAGGATTTAAaAAGAAAGATAAAAAAGTTGAAAAACCA  
 AAATTAGACCGTCCACCAGGAATTGATTTACCAGCACCAACTTCAATGAG  
 AAGTTTGTATTTCAACCCACCGGGAATTAAGCCAAAGCAAAACCAAG  
 ATAGTTTATCAACTCCTCCAGGTTTCCAGATTAAACACGCGCGCGGAT  
 GAAGCACTAAGGATAGTAAAAAAGACGCTATTGAAGATAAATCAGGAGC  
 AATTAAATATGCTAAGTCTCTTCAACTTAGCTTTGTTGATGACCTTATT  
 TAGCTAGCAAGTAAATGGCAAAATATTCAAGTCTGAATCTGATGGCAAA  
 TTAGTCAATCTAGAAATGCTTTGTCAGCTAATCAATTGATGACACTAG  
 TCTTAAAAATTTATCGTAATAATAATCGCAATAAAGAAATTaCTATCACAA  
 CAGATTATTTGAGATACAAAATATGTCAATATCACAGCGGTTGACTAT  
 TTGAGCAATACTACTTTTGAAGCAATTAGCTACTGGTGAaaCAGTAGATTA  
 CCTAGCCATTGTATTTCAAGCTTTGCTGCTATTAAAGACAGGGTGGTA  
 AGATTATGTCACAGATAAATGCAAGAACTTCTCGTATAGCGCTTAAAG  
 GATAAATCTGTTAAGATTGGTATTGAATTACCAATGATGTGAGACATAT  
 TGATAGTTTATCTGTTGCTGCTTTGAATGAGGTTAAACTGTTGATAATA  
 TCTTGAAAAATGATGAACAAGACATTAATCTCAGCAAACTTACCAATTA  
 AAATACAAACCGACAAATCGTCGTCTAGAGTTTACTATTAAATACATTA  
 CTCAGTTTCAAGAAATCATGACCCTTTCAAAGATGGAAGATGCCAGAAAT  
 TGGTTGAACAAAAAGATGTTTCTTTGGATATAAACGATATGGACATGAGT  
 AAGTTTAAACTATTTCGACTTGGACGAAAGGATTCTGAATTTAAGGGACA  
 ACTTATTGCAAAACTGGAACAGTTGAATTAGATATGTTTTTCAACAAT  
 CTCAGACCCAGCTTCAATTATTAAAAAATAATACCTTATCCAAATGGT  
 GTTCCAAATGAATTGAAAAAATTTGACTCTAGTTTGGTTTAACTGAAAG  
 TCAGATAGATGGATCTATATTTATAAAGATGCAATTAACTTAAATTTA  
 AATTAAACAGTGGTGCAAGTCTTAAAGTTGTTTATAAAGGGCAAGAAGAT

Table 51: Comparative Sequences relating to SAG0677

CCATATAGtCATCAGAAAGAAGATATGACTAAAAAGGTGAACAGCTCAG  
 TCATTCAACTCAAGCCAATGAAAATACAGCAAAAGTAACCTTTGCTAATA  
 TTGACTGGTACATTATAGTAAGGTACTGTGAATGAAAGAAAGTTGGT  
 AAAGGTAGTGAGTTACCTTTAACTAAAGGATGGACAACATTGTATTACA  
 TAAACAGAAAATTCATTAAATGTTAAAGTTTGATTATGGAGACGGGTA  
 GTGTAAGTAAGAAAGTTCAACAACTTCCTTTAAGTCCTAGATTATCTAA  
 AATAAGCATATGAGGGATATGCTACTTACTATGCAAAAAGATTCAGCGTA  
 TTACGAAACAAGTGACAGTCTAGTCCTTGAATTAATCTCACTGCAGATA  
 CTAACCTTAATTTAATGCTGTAAAGGAGCGAGTGTCTTACTGAAAAT  
 ATGATGATGAGACAGTTTGCACTTGTGCGACCACAAGATGATCCTGTTAG  
 TGAACATAAATACCCATCAGTATTTCTCTAACTCCTGCCTTATTGGAAA  
 CTGCTAGTGAGGCAACTCTAAATGGTAAGGAAATCACAGCATCTGGTATT  
 ATCGGTCACATCAAGGATGGTGAATAAAGCAAGCATGTTGAAGTCAAAAT  
 GGTGAATGAAAATGGAGACATGCTAGGAACCCCTGTTATTATTCAAGGTA  
 AAGACTTGACTAATCGAACAAAACCTTAATGAGTGGACGTAGAGTACTT  
 TATGCCGGTAAACAATATGAGTTCGGGGCTAAATTACCACCTTAGTCTGTT  
 TAACAATTGGATTAGGGTTGAAGTGGTAACAGAAGCAGGAGAGAAAGCAA  
 GTATTGTTCGTGCGCATGTTCTTGACCAATCAGTTCAGAGCTTAACACA  
 GCAGTTGCTAAAAGTGAATTTGACTTCTGATACGTCTTATCCACATCGT  
 TGCCAAAGATGACTCTCTAAAACCTAAAATTATATCAAGATGATTCAATTAC  
 TTGAATCTGTTGATAAAACCGGTCCTTATAGTTTATAGAAATGGGTAGAA  
 ATCACTAAAGATATGACAGTACCACTAGAAATTTGGAGATAATATTACTAA  
 GTTATCTGCTGTTGACTTATCAAAATATCGTCGTAATGAGACCCCTCATA  
 TCTATAGAAAACCGTTTGTGATGTTAAAGCAAGCCAAATGACAGCTGACAAA  
 GGAGCTAAAGTAAGTGTGGATATGTTGATGAAGCACTTAGTGTTCAGAA  
 AATGGCAGGAGCTTATACATTAAACAATCGACGAAGCTCCAAACACAAATG  
 AATCAGGAATGTTAAACAAACGCTAAAGTATCGATTCAATTATGTAATGGT  
 GGTGTGATAAAGTtGATGTTCCGATTAAAGTAGTTGACTTAGAAGCTAT  
 TCGTAAAGCTGAAGAACACATAAAGCTGACGAAGCAGTAAGCTGAAG  
 AAGCAGTAAAGCTGACGAAGCACATAAAGCTGAAGAAGTACGTAAAGCT  
 GAAGAAGCACATAAAGTCGAAGAAGCAGTAAAGCTGAAGAGGGACATAA  
 AACCCAAGAGCACCTATAGTTGAAGAAGGCTACAAGGTTAATAACGTTT  
 ATCAAAGTACTACAGTTAAAGCGTCTGATTTACCAAGACTAAGACA  
 GTTTCGCGAGTTCATATGGCTAGAACAGACAATAAACAGATAACTTCACA  
 TCAGACACATG

SEQ ID NO. 5104

STRAIN 18RS21

TTGAATAATAAAGGTGTCGGTGGCGATGGTGTCCAA  
 ATTTATCAATACTATATCAAAATGGACAACAATAAACCTTACTTAAGTCC  
 CAAAGATAAGACTACTGTAGAGAGTTAGAAAGATCGCTGGAAAAAATTA  
 CTTTCAAAGTTCAGGATACCTGGCATTGGTTTGAAAGACGTTTATCTTCAA  
 TCTGTAAAGTATGTTGGTGGTGGCAATAAATTTAGACCTTATCACACC  
 TCCAGGATTTAAAAAGAAGATAAAAAAGTTGAAAAACCAAAATTAGACC  
 GTCCACCGGAATTTGATTTACCAGCACCACTCAATGAGAAGTTTGTAT  
 TATTCACCCACCGGGAACTAAGCCAAAGCAACCCAAAGATAGTTTATC  
 AACTCCTCCAGGTTTCCAGATTAAACACGCGCGGGAAGAAGCACCA  
 AGGATAGTAAAAAGACGCTATTGAAGATAAATCAGGAGCAATTAATAT  
 GCTAAGTCTCTTCAACTTAGCTTTGTTGATGACCCCTATTTAGCTAGCAA  
 AGTAAATGGCAAAATATTCAAGTCGAATCTGATGGCAAAATAGTCATTC  
 CTAGAAATGCTTTGTGAGCTAATCAATTTGATGACACTAGTCTTAAATTT  
 TATCGTAATAATAATCGCAATAAAGAAATTAATATCACACAGATTATTT  
 TGAGATACAAAATATGTCATATCACAGCGGTTGACTATTGAGCAATA  
 CTACTTTGAGCAATTAGCTACTGGTGAACAGTAGATTACCATGCCATT  
 GTATTTTCAAGCTTTGCTGCTATTAAAGACAAGGGTGGTAAGATTATGT  
 TAACGATAAATTGCAAGAACTTCTCGTATAGCGCTTAAAGATAAATCTG  
 TTAAGATGGTATTGAAATACCAATGATGTCAGACATATTGATAGTTTA  
 TCTGTTCGTGCTTTGAATGAGGTTAAACTGTTGATAATATCTTGAAAAA  
 TGATGAACAAGACATTAACTCAGCAAACTTACCAATTAAATACAAACC  
 CGACAAATCGTCGTCTAGAGTTTACTATTAAATTAACCTTAAGTTCA  
 GAAATCATGACCACTTTCAAAGATGGAAGATGCCAGAATTGGTTGAACA  
 AAAAGATGTTTCTTTGGATATAAAGATATGGACATGAGTAAGTTTAAAA  
 CTATTCGACTTGGACGAAGGATTCTGAATTTAAGGGCAACTTATTGCA  
 AAAACTGGAACAGTTGAATTAGATATGTTTTCAAACAATCTCAAGACCC  
 AGCTTCAATTATTAAAAAATATACCTTATCCAAATGGTGTTCCAAATG  
 AATTGAAAAAATTTGACTCTAGTTTGGTTTAACTGAAAGTCAGATAGAT  
 GGATCTATATTATAAAGATGCAATTAACCTTAAATTTAAATTAACCAAG  
 TGGTGCAAGTCTTAAAGTTGTTTATAAAGGGCAAGAGATCCATATAGTC  
 ATCAGAAAGAAGATATGACTAAAAAGGTGAACAGCTCAGTCATTCAACT  
 CAAGCCATGAAAAATACAGCAAAAGTAACCTTTGCTAATATGATGCTGGT  
 ACATTATAGTAAGGTTACTGTGAATGGAAGAAGGTTGTTAAAGGTAGTG  
 AGTTACCTTTAACTAAAGGATGGACAACATTGTTATTACATAAAACAGAA  
 AATTCAATTAATGTTAAAGTTTGATTATGGAGACGGGTAGTGAAGTAA  
 GAAAGTTCAACAACCTTCCTTTAAGTCCTAGATTATCTAAAAATAAGCATA  
 TGAGGGATATGCTACTTACTATGCAAAAAGATTGAGCGTATTACGAAACA  
 AGTGACAGTCTAGTCCTTGAATTAATCTCACTGCAGATACTAACTTAA  
 TTTTAATGCTGTTAAAGGAGCGAGTGTCTTACTGAAAATATGATGATGA  
 GACAGTTTGCACTTGTGCGACCACAAGATGATCCTGTTAGTGAACATAAA  
 TACCCATCAGTATTTCTCTTAACCTCCTGCCTTATTGGAAACTGCTAGTGA  
 GGCAACTCTAAATGGTAAGGAAATCACAGCATCTGGTATTATCGGTCACA  
 TCAAGGATGGTGATAAAGCAAGCATGTTGAAGTCAAAATGGTGAATGAA  
 AATGGAGACATGCTAGGAACCCCTGTTATTATCAAGGTAAGACTTTCAG  
 TAATCGAACAAAACCTTAATGAGTGGACGTAGAGTACTTTATGCGGGTA



Table 51: Comparative Sequences relating to SAG0677

AACAATATGAGTTCGGGCTAAATTACCACCTAGTCGTTTAACTCTGG  
 ATTAGGGTTGAAGTGGTAACAGAACGAGAGAGAAAGCAAGTATTGTTCCG  
 TCGCATGTTCTTTGACCAATCAGTTCAGAGCTTAACACAGCAGTTGCTA  
 AACGTGATTTGACTTCGATACTGCTCTTATCCACATCGTTGCCAAGAT  
 GACTCTCTAAACTAAAATTATATCAAGATGATTATTACTTGAATCTGT  
 TGATAAAACCGGTTCTTATAGTTTGTAGAAATGGTGTAGAAATCACTAAAG  
 ATATGACAGTACCACTAGAAATTGGAGATAATATTATTAAGTTATCTGCT  
 GTTGACTTATCAAATTATCGTCTGTAATGAGACCCCTCATATCTATAGAAA  
 CCGTTTGTATGTTAAAGCAAGCAAAATGACAGCTGACAAAGGAGCTAAAG  
 TAACTGTGGaTATGTTGATGAAGCACTTAGTTGTTCCAGAAATGGCAGGA  
 GCTTATACATTAAACAATCGACGAAGCTCCAAACACAAATGAATCAGGAAT  
 GTTAAACAAACGCTAAAGTATCGATTATTATGTAATGGTGGTGTGATA  
 AAGTTGATGTTCCGATTAAAGTAGTTGACTTAGAAGCTATTTCGTAAAGCT  
 GAAGAAGCACGTAAGCTGAAGAAGCACTAAAGCTGAAGAGGGACATAA  
 AACCCAGAAGCACCTATAGTTGAAGAAGGCTACAAGGTTAATAACGTTT  
 ATCAAACCTGATCTACAGTTAAAGCGTCTGATTACCAAAGACTAAGACA  
 GTTTCGCGAGTTCTATGGCTAGAACAGACAATAAACAGATAAATCTACA  
 TCAGACACATGTTGAA

SEQ ID NO. 5105

STRAIN M732

TTGAATAATAAAGGTGTCGGTGGCGATGGTGTCC  
 AAATTTATCAATACTATATCAAATGACACAAATAAACCTTACTTAAGT  
 CCCAAGATAAGACTACTGTAGAGAAGTTAGAAGATCGCTGGAAAAAAT  
 TACTTTCAAAGTTCAGGATACCTGGCATTTGGTTTGAAGACGTTTATCTTC  
 AATCTGTTAAGTATGTTGGTGGTGGCAATAATAATTAGACCTTATCACA  
 CCTCCAGGATTAAAAAAGAAGATAAAAAAGTTGAAAAACCAAATTAGA  
 CCGTCCaCAGGAATTGATTACAGCACCACTTCAATGAGAAGTTTTG  
 ATTATTCAACCCACCGGAACTAAGCCAAGCAAAACCAAAGATAGTTTA  
 TCAACTCCTCCAGGTTTCCAGATTAAACACGCGCGGATGAAGCCAC  
 CAAAGGATAGTAAAAAGACGCTATTGAAGATAAATCAGGAGCAATTAA  
 TATGCTAAGTCTCTTCAACTTAGCTTGTGTATGACCCCTAATTTAGCTAG  
 CAAAGTAAATGGCAAATATTACAAGTCGAATCTGATGGCAAATTAGTCA  
 TTCCTAGAAATGCTTGTGCTAGCTAATCAATTGATGACACTAGTCTTAA  
 ATTTATCGTAATAATAATCGCAATAAAGAAATTACTATCACAACAGATTA  
 TTTTGCAGATACAAAATATGTCATATCACAGCGGTTGACTATTGAGCA  
 ATACTACTTTTGAGCAATTAGCTACTGGTGAACAGTAGATTACCATGCC  
 ATTGTATTTTCAAGCTTTGCTGTATTAAAGACAGGGTGGTAAGATTTA  
 TGTAAACGATAAATTGCAAGAACTTCTCGTATAGCGCTTAAAGATAAAT  
 CTGTTAAGATTGGTATTGAATTACCAATGATGTCAGACATATTGATAGT  
 TTATCTGTTCTGTTGTAATGAGGTTAAACTGTTGATAATATCTTGAA  
 AAATGATGAACAGACATTAATCTCAGCAAACTTACCAATTAAATACAC  
 ACCCGACAAATCGTCTAGAGTTACTATTAAATCACTTAACTCAAGT  
 TCAGAAATCATGACCACTTTCAAAGATGGAAGATGCCAGAAATGGTTGA  
 ACAAAAGATGTTTCTTTGGATATAAAGATATGGACATGAGTAAGTTTA  
 AAATATTTCGACTTGGACGAAGGATTCTGAATTTAAGGGACAACTTATT  
 GCAAAACTGGAACAGTTGAATTAGATATGTTTTCAAACAATCTCAAGA  
 CCCAGCTTCAATTATTAATAAATATACCTTATCCAAATGGTGTCCAA  
 ATGAATTGAAAAAATTGACTCTAGTTTGGTTTAACTGAAAGTCAGATA  
 GATGGATCTATATTTATAAAGATGCAATTAACTTAAATTTAAATTAAC  
 CAGTGGTGCAAGTCTTAAAGTTGTTTATAAAGGGCAAGAGATCCATATA  
 GTCATCAGAAAGAGATATGACTAAAAAAGGTGAACAGCTCAGTCATTCA  
 ACTCAAGCCAATGAAATACAGCAAAAGTAACCTTTGCTAATATTGACTG  
 GTCACATTATAGTAAGTTACTGTGAATGGAAGAAGTTGGTAAAGTGA  
 GTGAGTTACCTTTAACTAAAGGATGGACAACATTTGTATTACATAAAACA  
 GAAAAATTCATTAATGTTAAAGTTTGTATTGAGAGACGGTATGTTAAG  
 TAAGAAGTTCAACAACCTTCTTTAAGTCTAGATTATCTAAAAATAAGC  
 ATATGAGGGATATGCTACTTACTATGCAAAAGATTGAGCGTATTACGAA  
 ACAAGTGACAGTCTAGTCTTCAATTAATCTCAGTCAGATACTAAACT  
 TAATTTTAATGCTGTAAAGGAGCGAGTCTTACTGAAAAATGATGA  
 TGAGACAGTTTGCAAGTTGCTGGACCAAGATGATCCTGTTaGTGAACAT  
 AAATACCCATCAGTaTTTCTCTTAACTCCTGCCTTATTGGAAaCTGCTAG  
 TGAGGCACTCTAAATGGTAAGGAAATCACAGCATCTGTTATTATCGGTC  
 ACATCAAGGATGGTGATAAAAGCAAGCATGTTGAAGTCAAAATGGTGAAT  
 GAAAAATGGAGACATGCTAGGAACCCCTGTTATTATTCAAGGTAAAGACTT  
 GACTAATCGAACAACCAATTAATGAGTGAAGTGAAGTACTTTATGCGG  
 GTAAACAATATGAGTTCCGGGCTAAATTACCACTTAGTcGTTTTAACACT  
 TGGATTAGGGTTGAAGTGGTAACAGAAGCAGGAGAGAAAGCAAGTATTGT  
 TCGTTCGATGTTCTTTGACCAATCAGTTCAGAGCTTAAACACAGCAGTTG  
 CTAAACGTGATTGACTTCTGATACTGCTCTTATCCACATCGTTGCCAAA  
 GATGACTCTCTAAACTAAAAATTATATCAAGATGATTCACTTGAATC  
 TGTGTATAAAACCGGTCCTTATAGTTTGTAGAAATGGTGTAGAAATCACTA  
 AAGATATGACAGTACCCTAGAAATTGGAGATAATATTATTAAAGTTATCT  
 GCTGTTGACTTATCAAATTATCGTCTGAATGAGACCCCTCATATCTATAG  
 AAACCGTTTGTATGTTAAAGCAAGCAAAATGACAGCTGACAAAGGAGCTA  
 AAGTAACTGTGGATATGTTGATGAAGCACTTAGTTGTTCCAGAAATGGCA  
 GGAGCTTATACATTAACAATCGACGAAGCTCCAAACACAAATGAATCAGG  
 AATGTTAAACAAACGCTAAAGTATCGATTCTTATGTAATGGTGGTGTG  
 ATAAAGTTGATGTTCCGATTAAAGTAGTTGACTTAGAAGCTATTTCGTAAA  
 GCTGAAGAAGCACATAAAGCTGACGAAGCAGTAAAGCTGAAGAAGCACG  
 TAAAGCTGAAGAAGCACATAAAGCTGAAGAAGTACGTAAGCTGAAGAAG  
 CACATAAAGCTGAAGAAGCACATAAAGCTGAAGAAGGACATAAAACCAA  
 GAAGCACCTATAGTTGAAGAAGGCTACAAGGTTAATAACGTTTATCAAAC

Table 51: Comparative Sequences relating to SAG0677

TGATACTACAGTTAAAGCGTCTGATTACCAAAGACTAAGACAGTTTCCG  
CAGTTTCATATGGCTAGAACAGACAATAAACAGATAACTTCACATCAGACA  
CATGTTGAAAA

SEQ ID NO. 5106

STRAIN COH1

TTGAATAATAAAGGTGTGCGGTGGCGATGGT  
GTCCAAATTTATCAATACTATATCAAAATGGACAACAATAAACCTTACTT  
AAGTCCCAAAGATAAGACTACTGTAGAGAAGTTAGAAGATCGCTGGAAAA  
AAATTAATTTTCAAAGTTCAGGATACTGGCATTGGTTTGAAAGACGTTTAT  
CTTCAATCTGTTAAGTATGTTGGTGGTGGCAATAATAATTTAGACCTTAT  
CACACCTCCAGGATTTAAAAAAGAGATAAAAAAGTTGAAAAACCAAAAT  
TAGACCGTCCACCAGGAATTGATTTACCAGCACCACTTCAATGAGAAGT  
TTTGATTATTCAACCCACCGGGAATTAAGCCAAGCAAAACCAAGATAG  
TTTATCAACTCCTCCAGGTTTCCAGATTAAACACGCGCGCGGATGAAG  
CCaCCAAAGGATAGTAAAAAAGACGCTATTGAAGATAAATCAGGAGCAAT  
TAAATATGCTAAGTCTCTTCAACTTAGCTTTGTTGATGACCCTATTTTAG  
CTAGCAAGTAAATGGCAAAATATTACAAGTCGAATCTGATGGCAAAATTA  
GTCAATTCCTAGAAATGCTTTGTGAGCTAATCAATTTGATGACACTAGTCT  
TAAATTTTATCGTAATAATAATCGCAATAAAGAAATTACTATCACACAG  
ATTATTTTGAGATACAAATATGTCAATATCACAGCGGTTGACTATTTG  
AGCAATACTACTTTTGAGCAATTAGCTACTGGTGAACAGTAGATTACCA  
TGCCATTGTATTTTCAAGCTTTGCTGCTATTAAAGACAAGGGTGGTAAGA  
TTTATGTTAAACGATAAAATGCAAGAACTTCTCGTATAGCGCTTAAAGAT  
AAATCTGTTAAGGATTGGTATTGAATTACCRAATGATGTCAGACATATTGA  
TAGTTTATCTGTTCTGCTGTTGAATGAGGTTAAAACTGTTGATAATATCT  
TGAAAAATGATGAACAAGACATTAATCTCAGCAAACTTACCAATTAATA  
TACAACCGACAAATCGTCGTCTAGAGTTTACTATTAAACATTAACCTC  
AAGTTCAGAAATCATGACCACTTCAAAGATGGAAGATGCCAGAAATGG  
TTGAACAAAAAGATGTTTCTTTGGATATAAACGATATGGACATGAGTAAG  
TTTAAACTATTCGACTTGGACGAAGGATCTGAATTTAAGGGACAAT  
TATTGCAAAAACTGGAACAGTTGAATTAGATATGTTTTCAAAACATCTC  
AAGACCCAGCTTCAATTATTAAAAAATATACCTTATCCAAATGGTGT  
CCAATGAATTGAAAAAATTTGACTCTAGTTTGGTTTAACTGAAAGTCA  
GATAGATGGATACTATATTATAAAGATGCAATTAACTTAAATTTAAAT  
TAACAGTGGTGCAGTCTTAAAGTTGTTTATAAAGGGCAAGAGATCCA  
TATAGTCTCAGAAAGAGATATGACTAAAAAAGGTGAACAGCTCAGTCA  
TTCAACTCAAGCCAATGAAAAATACAGCAAAAGTAACCTTTGCTAATATTG  
ACTGGTCACTATATAGTAGGTTACTGTGAATGGAAGAAAGTTGGTAAA  
GGTAGTGAGTTACCTTTAACTAAGGATGGACAACTTTGTATTACATAA  
AACAGAAATTCATTAATGTTAAAGTTTGAATTATGGAGACGGGTAGTG  
TAAGTAAGAAAGTTCAACAACTTCTTTAAGTCTTGAATTATCTAAAAAT  
AAGCATATGAGGGATATGCTACTTACTATGCAAAAAGATTGAGGTATTA  
CGAAACAGTGACAGTCTAGTCTCTCGAATTAATCTCAGTGCAGATACTA  
AATTAATTTTAAATGCTGTTAAAGGAGCGAGTCTTACTGAAAAATATG  
ATGATGAGACAGTTTGCAGTTGCTGGACCAAGATGATCCTGTTAGTGA  
ACATAAATACCCATCAGTATTTCTTTAACTCCTGCCTTATTGGAACTG  
CTAGTGAGGCAACTCTAAATGGTAAGGAAATCACAGCATCTGGTATTATC  
GGTCACTCAAGGATGGTGATAAAGCAAGCATGTTGAAGTCAAAATGGT  
GAATGAAATGGAGACATGCTAGGAACCCCTGTTATTATTCAAGGTAAG  
ACTTGACTAATCGAACAACCAATTAATGAGTGAAGTAGAGTACTTTAT  
GCGGTAAACAAATATGAGTTCCGGGCTAAATTAACCACTTAGTCGTTTAA  
CACTTGGATTTAGGTTGAAGTGGTAACAGAAGCAGGAGAGAAAGCAAGTA  
TTGTTGCTGCGATGTTCTTTGACCAATCAGTTCCAGAGCTTAACACAGCA  
GTTGCTAAACGTTGATTGACTCTGATAGTCTCTTATCCACATCGTTG  
CAAAGATGACTCTTAAACCTAAATTTATCAAGATGATTCAATCTTG  
AATCTGTTGATAAAACCGTCTTTATAGTTTGAAGATGGTGTAGAAATC  
ACTAAAGATATGACAGTACCACTAGAATTTGGAGATAATATTATTAAGTT  
ATCTGCTGTTGACTTATCAAAATATCGTCTGAATGAGACCTTCATATCT  
ATAGAAACCGTTTGTGATGTTAAAGCAAGCAAAATGACAGCTGACAAAGGA  
GCTAAAGTAACTGTGGATATGTTGATGAAGCACTTAGTTGTTCCAGAAAT  
GGCAGGAGCTTATACATTAAACATCGAAGCTCCAAACACAAATGAAT  
CAGGAATGTTAAACAAAGCTAAAGTATCGATTCAATTATGTAATGGTGGT  
GTTGATAAAGTTGATGTTCCGATTAAAGTAGTTGACTTAGAAGCTATTG  
TAAAGCTGAAGAAGCACATAAAGCTGAAGCAAGCAAGCTAAAGCTGAAGAAG  
CAGCTAAAGCTGAAGAAGCACATAAAGCTGAAGAAGTACGTAAGCTGAA  
GAAGCACATAAAGCTGAAGAAGCAGTAAAGCTGAAGAGGGACATAAAAC  
CCAAGAGCACCTATAGTTGAAGAAGGCTACAAAGTTAATAACGTTTCATC  
AAACTGATACAGTTAAAGCGTCTGATTACCAAGACTAAGACAGTT  
TCCGCAAGTTTATGCTAGAACAGACAATAAACAGATAACTTCACATCA  
GACACATGT

SEQ ID NO. 5107

STRAIN M781

TTGAATAATAAAGGTGTGCGGTGGCGATGGT  
GTCCAAATTTATCAATACTATATCAAAATGGACAACAATAAACCTTACTT  
AAGTCCCAAAGATAAGACTACTGTAGAGAAGTTAGAAGATCGCTGGAAAA  
AAATTAATTTTCAAAGTTCAGGATACTGGCATTGGTTTGAAAGACGTTTAT  
CTTCAATCTGTTAAGTATGTTGGTGGTGGCAATAATAATTTAGACCTTAT  
CACACCTCCAGGATTTAAAAAAGAGATAAAAAAGTTGAAAAACCAAAAT  
TAGACCGTCCACCAGGAATTGATTTACCAGCACCACTTCAATGAGAAGT  
TTTGATTATTCAACCCACCGGGAATTAAGCCAAGCAAAACCAAGATAG  
TTTATCAACTCCTCCAGGTTTCCAGATTAAACACGCGCGCGGATGAAG

Table 51: Comparative Sequences relating to SAG0677

CCaCCAAAGGATAGTAAAAAGACGCTATTGAAGATAAATCAGGAGCAAT  
TAAATATGCTAAGTCTCTTCAACTAGCTTTGTTGATGACCCATTTTAG  
CTAGCAAAAGTAAATGGCAAAATATTAACAAGTCGAATCTGATGGCAAAATTA  
GTCATTCTCTAGAAATGCTTTGTGAGCTAATCAATTTGATGACACTAGTCT  
TAAaATTATCGTAATAATAATCGCAATAAAGAAATTaCTATCACACAG  
ATTATTTTGAGATACAAAATATGTCAATATCACAGCGGTGACTATTTG  
AGCAATACTACTTTTGAGCAATTAGCTACTGGTGAACAGTAGATTACCA  
TGCCATTGTATTTTCAAGCTTTGCTGCTATTAAGACAAGGGTGGTAAGA  
TTTATGTTAAGATAAATTGCAAGAACTTCTCGTATAGCGCTTAAAGAT  
AAATCTGTTAAGATTGGTATTGAATTACCAATGATGTCAGACATATTGA  
TAGTTTATCTGTTCTGCTGTTTGAATGAGGTAAAACTGTTGATAATATCT  
TGAAAAATGATGAACAAGACATTAATCTCAGCAAACTTACCAATTAATA  
TACAAACCGACAAATCGTCTGCTAGAGTTTACTATTAAATACATTAACTC  
AAGTTTCAGAAATCATGACCACTTTCAAAGATGGAAGATGCCAGAAATGG  
TTGAACAAAAAGATGTTTCTTTGGATATAAACGATATGGACATGAGTAAG  
TTTAAACTATTCTGACTGGACGAAGGATTTCTGAATTTAAGGGCAACACT  
TATTGCAAAAACTGGAAACAGTTGAATTAGATATGTTTTCAAACAACTC  
AAGACCCAGCTTCAATTATTAATAAAATATACCTTATCCAAATGGTGT  
CCAAATGAATTGAATAAATTTGACTCTAGTTTGGTTTAACTGAAAGTCA  
GATAGATGGATACTATATTATAAAGATGCAATTAACTTAAATTTAAAT  
TAACCAGTGGTGCAAGTCTTAAAGTTGTTTATAAAGGGCAAGAAGATCCA  
TATAGTCATCAGAAAGAGATATGACTAAAAAAGGTGAACAGCTCAGTCA  
TTCAACTCAAGCAATGAATAATACAGCAAAAGTAACCTTTGCTTAATTTG  
CTGGTCACTTATAGTAAGGTTACTGTGAATGGAAGAAGTTGGTAAA  
GGTAGTGAGTTACCTTTAACTAAAGGATGGACAACATTGTTATTACATAA  
AACAGAAATTCATTAAATGTTAAAGTTTGAATTATGGAGACGGGTAGTG  
TAAGTAAGAAAGTTCAACAACTTCTTTAAAGTCTAGATTATCTAAAAAT  
AAGCATATGAGGGATATGCTACTTATGCTAAAGATTGAGCGTATTA  
CGAAACAAGTGACAGTCTAGTCTTGAATTAATCTCACTGCAGATACTA  
AACTTAATTTTAAATGCTGTTAAAGGAGCGAGTCTTACTGAAATATG  
ATGATGAGACAGTTTGCAGTTGCTGGACCAAGATGATCTGTTAGTGA  
ACATAAATACCCATCAGTATTTCTTAACTCCTGCTTATTGGAACAGT  
CTAGTGAGGCAACTTAAATGGTAAGGAAATCAGCAGCTCTGGTATTATC  
GGTCACTCAAGGATGGTGATAAAGCAAGCATGTTGAAGTCAAAATGGT  
GAATGAAATGGAGACATGCTAGGAACCCCTGTTATTATTCAAGGTAAAG  
ACTTGACTTAATCGAACAAACCATTAATGAGTGGAGCTAGAGTACTTTAT  
GCCGTAACCAATATGAGTTCCGGGCTAAATTAACACTAGTCTGTTTAA  
CACTTGGATTAGGGTTGAAGTGGTAACAGAAAGCAGGAGAGAAGCAAGTA  
TTGTTCTGTCGATGTTCTTTGACCAATCAGTTCCAGAGCTTAACACAGCA  
GTTGCTAAACGTTGATTTGACTTCTGATACTGCTCTTATCCACATCGTTGC  
CAAGATGACTCTCTAAACTAAAATATATCAAGATGATTCATTACTTG  
AATCTGTTGATAAAACCGGCTTTTATAGTTTGAAGATGGTGTAGAAATC  
ACTAAAGATATGACAGTACCATAAGATTGGAGATAATATTATTAAGTT  
ATCTGCTGTTGACTTATCAAAATATCGTCTAATGAGACCCCTCATATCT  
ATAGAAACCGTTTGTAGTTTAAAGCAAGCCAAATGACAGCTGACAAAGGA  
GCTAAAGTAACTGGGATATGTTGATGAAGCACTTAGTTGTTCCAGAAAT  
GGCAGGAGCTTATACATTAAACAAATCGAAGCTCCAAACACAAATGAAT  
CAGGAATGTTAACAACCGCTAAAGTATCGATTCTATGTTAAATGGTGGT  
GTTGATAAAGTTGATGTTCCGATTAAAGTAGTTGACTTAGAAGCTATTG  
TAAAGCTGAAGAAGCACATAAAGCTGACGAAGCACGTAAGCTGAAGAAG  
CACGTAAGCTGAAGAAGCACATAAAGCTGAAGAAGTACGTAAGCTGAAG  
GAAGCACATAAAGCTGAAGAAGCACCGTAAAGCTGAAGAAGGACATAAAA  
CCCAAGAAGCACCTATAGTTGAAGAAGCTACAAAGTTAATAACGTTTAT  
CAAACTGATACTACAGTTAAAGCGTCTGATTACCAAGACTAAGACAGT  
TTCCGCACTTATATGGCTAGAACAGACAATAACAGATAACTTCACATC  
AGACACATGTTG

SEQ ID NO. 5109

STRAIN JN9130013

TGGTGTCCAAATTTATCAATACTATATCAAAATGGACAACAATAAAC  
CTTACTTAAGTCCCAAAGATAAGACTACTGTAGAGAAGTTAGAAGATCGC  
TGGAAAAAATTACTTTCAAAGTTTCAAGATAGTGGCATTGGTTTGAAGA  
CGTTTATCTTCAATCTGTTAAGTATGTTGGTGGTGGCAATAATAATTAG  
ACCTTATCACACCTCCAGGATTTAAAAAAGAGATAAAAAAGTTGAAAAA  
CCAAATATGACCGTCCACAGGAATTGATTTACCAGCACCAACTTCAAT  
GAGAAGTTTGTATTATCAACCCACCGGGAAGTAAAGCCAAAGCAACCCA  
AAGATAGTTTATCAACTCTCCAGGTTTCCAGATTTAACACACCGCCG  
GATGAAGCACCAAGGATAGTAAAAAGACGCTATTGAAGATAAATCAGG  
AGCAATTAATATGCTAAGTCTCTTCAACTTAGCTTTGTTGATGACCTA  
TTTATAGCTAGCAAGTAAATGGCAAAATATTAAGTGAAGTCTGATGGC  
AAATTAGTCATTCTAGAAATGCTTTGTGAGCTAATCAATTTGATGACAC  
TAGCTTTAAATTTATCGTAATAATAATCGCAATAAAGAAATTAATATCA  
CAACAGATTATTTGAGATACAAAATATGTCATATCACAGCGTTGAC  
TATTTGAGCAATACTACTTTTGAAGCAATTAGCTACTGGTGAACAGTAGA  
TTACCATGCCATTGTTTTCAGCTTTGCTGCTATTAAAGACAGGGTG  
GTAAGATTATGTTAAGGATAAATTGCAAGAACTTCTCGTATAGCGCT  
AAGATAAATCTGTTAAGATTGGTATTGAATTACCAATGATGTCAGACA  
TATTGATAGTTTATCTGTTCTGCTTTGAATGAGGTAAAACTGTTGATA  
ATATCTTGAATAATGATGAACAGACATTAATCTCAGCAAACTTACCAA  
TTAAAAATCAACCCGACAAATCGTCTGAGTTTACTATTAAATACAT  
TAACCTCAAGTTTCAAGAAATCATGACCACTTTCAAAGATGGAAGATGCCAG  
AATTGGTTGAACAAAAAGATGTTTCTTTGGATATAAACGATATGGACATG  
AGTAAGTTTAAACTATTGACTTGAACGAAGGATTTCTGAATTTAAGG

Table 51: Comparative Sequences relating to SAG0677

ACAACTTATTCGCAAACTGGAACAGTTGAATTAGATATGTTTTTCAAAC  
 AATCTCAAGACCCAGCTTCAATTATTAATAAATATACCTTATCCAAAT  
 GGTGTTCGAATGAATTAATAAATTTGACTCTAGTTTGGTTAACTGA  
 AAGTCAGATAGATGGATACATATTTATAAAGATGCAATTAACCTTAAAT  
 TTAATTAACCAAGTGGTGCAAGTCTTAAAGTTGTTTATAAAGGGCAAGAA  
 GATCCATATAGTCATCAGAAAGAAGATATGACTAAAAAGGTGAACAGCT  
 CAGTCATTCAACTCAAGCCATGAAAAACAGCAAAAGTAACCTTTGCTA  
 ATATTGACTGGTCACTTATAGTAAGGTTACTGTGAATGAAAAAGAGTT  
 GGTAAAGGTAGTGAGTTACCTTTAACTAAAGGATGGACAACATTGTATT  
 ACATAAACAGAAATTCATTAAATGTTAAAGTTTGATTATGGAGACGG  
 GTAGTGAAGTAAGAAAGTTCAACAACTTCCCTTAAAGTCTAGATTATCT  
 AAAAAAAGCATATGAGGGATATGCTACTTACTATGCAAAAGATTCAGC  
 GTATTACGAAACAGTACAGTCTAGTCTTTCGAATTAATCTCACTGCAG  
 ATACTAACTTAATTTAATGCTGTAAAGGAGCGAGTGCTCTTACTGAA  
 AATATGATGATGAGACAGTTTGAGTTGCTGGACCACAAGATGATCCTGT  
 TAGTGAACATAAATACCCATCAGTATTTCTTAACTCCTGCCCTTATTGG  
 AAATGCTAGTGTAGGCAACTCTAAATGGTAAGGAAATCACAGCATCTGGT  
 ATTATCGGTCACTCAAGGATGGTGATAAAGCAAGCATGTTGAAGTCAA  
 AATGGTGAATGAAAAATGGAGACATGCTAGGAACCCCTGTTATTATTCAAG  
 GTAAGACTTGACTAATCGAACAACCATTAATGAGTGGACGTAGAGTA  
 CTTTATGCGGTAAACAAATATGAGTTCCGGGCTAAATTACCACTTAGTGG  
 TTTTAACTCTGATTAGGGTTGAAGTGGTAACAGAACGAGGAGaGaaag  
 cAaGTATGTTCGTGCGCATGTTCTTGACCAATCAGTTCCAGAGCTTAAC  
 ACAGCAGTTGCTAAACGTGATTGACTTCTGATCTGCTCTTATCCACAT  
 CGTTGCCAAAGATGACTCTCTAAACTAAATTTATATCAAGATGATTCAT  
 TACTTGAATCTGTGATAAAGCCGGTCTTTATAGTTTATAGAAATGGTGTA  
 GAAATCACTAAAGATATGACAGTACCACTAGAATTTGGAGATAATATTAT  
 TAAGTTATCTGCTGTTGACTTATCAAAATTATCGTCGTAATGAGACCCCTC  
 ATATCTATAGAAACCGTTTGTATGTTAAAGCAAGCCAAATGACAGCTGAC  
 AAAGGAGCTAAAGTAACTGTGGATATGTTGATGAAGCACTTAGTTGTTCC  
 AGAATATGGCAGAGCTTATACATTAAACAATCGACGAAGCTCCAAACACAA  
 ATGAATCAGGAATGTAAACAAACGCTAAAGTATCGATTCAATTATGTAAT  
 GGTGGTGTGATAAAGTTGATGTTCCGATTAAAGTAGTTGACTTAGAAGC  
 TATTCTGTAAGCTGAAGAAGCACATAAAGCTGACGAAGCACTGAAGCTG  
 AAGAAGCAGCTAAAGCTGAAGAAGCACATAAAGCTGAAGAAGTACGTAAA  
 GCTGAAGAAGCACATAAAGCTGAAGAAGCACCGTAAAGCTGAAGAAGGAC  
 ATAAAACCCAAGAACCTATAGTTGAAGAAGGCTACAAGGTTAATAAC  
 GTTCATCAAACTGATCTACAGTTAAAGCGTCTGATTTACCAAGACTAA  
 GACAGTTTCGCGAGTTTATATGGCTAGAACAGACAATAAACAGATACTT  
 CACATCAGACACATGTTG

## MSA Alignment Results: Pretty output

PRETTY of: /biotmp/msa235280.2{\*} December 10, 2002 05:12 ..

	1					50
msa235280.2{195_COH1}	ttgaataata	aaggtgtcgg	tggcgaTGGT	GTCCAAATTT	ATCAATACTA	
msa235280.2{195_M732}	ttgaataata	aaggtgtcgg	tggcgaTGGT	GTCCAAATTT	ATCAATACTA	
msa235280.2{195_M781}	ttgaataata	aaggtgtcgg	tggcgaTGGT	GTCCAAATTT	ATCAATACTA	
msa235280.2{195_H36B}	-----	-----	-----TGGT	GTCCAAATTT	ATCAATACTA	
msa235280.2{195_JM9130013}	-----	-----	-----TGGT	GTCCAAATTT	ATCAATACTA	
msa235280.2{195_18RS21}	ttgaataata	aaggtgtcgg	tggcgaTGGT	GTCCAAATTT	ATCAATACTA	
msa235280.2{195_2603}	ttgaataata	aaggtgtcgg	tggcgaTGGT	GTCCAAATTT	ATCAATACTA	
msa235280.2{195_A909}	ttgaataata	aaggtgtcgg	tggcgaTGGT	GTCCAAATTT	ATCAATACTA	
Consensus	-----	-----	-----****	*****	*****	

  

	51					100
msa235280.2{195_COH1}	TATCAAAATG	GACAACAATA	AACCTTACTT	AAGTCCCAA	GATAAGACTA	
msa235280.2{195_M732}	TATCAAAATG	GACAACAATA	AACCTTACTT	AAGTCCCAA	GATAAGACTA	
msa235280.2{195_M781}	TATCAAAATG	GACAACAATA	AACCTTACTT	AAGTCCCAA	GATAAGACTA	
msa235280.2{195_H36B}	TATCAAAATG	GACAACAATA	AACCTTACTT	AAGTCCCAA	GATAAGACTA	
msa235280.2{195_JM9130013}	TATCAAAATG	GACAACAATA	AACCTTACTT	AAGTCCCAA	GATAAGACTA	
msa235280.2{195_18RS21}	TATCAAAATG	GACAACAATA	AACCTTACTT	AAGTCCCAA	GATAAGACTA	
msa235280.2{195_2603}	TATCAAAATG	GACAACAATA	AACCTTACTT	AAGTCCCAA	GATAAGACTA	
msa235280.2{195_A909}	TATCAAAATG	GACAACAATA	AACCTTACTT	AAGTCCCAA	GATAAGACTA	
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****	

  

	101					150
msa235280.2{195_COH1}	CTGTAGAGAA	GTTAGAAGAT	CGCTGGAAAA	AAATTACTTT	CAAAGTTCAG	
msa235280.2{195_M732}	CTGTAGAGAA	GTTAGAAGAT	CGCTGGAAAA	AAATTACTTT	CAAAGTTCAG	
msa235280.2{195_M781}	CTGTAGAGAA	GTTAGAAGAT	CGCTGGAAAA	AAATTACTTT	CAAAGTTCAG	
msa235280.2{195_H36B}	CTGTAGAGAA	GTTAGAAGAT	CGCTGGAAAA	AAATTACTTT	CAAAGTTCAG	
msa235280.2{195_JM9130013}	CTGTAGAGAA	GTTAGAAGAT	CGCTGGAAAA	AAATTACTTT	CAAAGTTCAG	
msa235280.2{195_18RS21}	CTGTAGAGAA	GTTAGAAGAT	CGCTGGAAAA	AAATTACTTT	CAAAGTTCAG	
msa235280.2{195_2603}	CTGTAGAGAA	GTTAGAAGAT	CGCTGGAAAA	AAATTACTTT	CAAAGTTCAG	
msa235280.2{195_A909}	CTGTAGAGAA	GTTAGAAGAT	CGCTGGAAAA	AAATTACTTT	CAAAGTTCAG	
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****	

  

	151					200
msa235280.2{195_COH1}	GATACTGGCA	TTGGTTTGAA	AGACGTTTAT	CTTCAATCTG	TTAAGTATGT	
msa235280.2{195_M732}	GATACTGGCA	TTGGTTTGAA	AGACGTTTAT	CTTCAATCTG	TTAAGTATGT	
msa235280.2{195_M781}	GATACTGGCA	TTGGTTTGAA	AGACGTTTAT	CTTCAATCTG	TTAAGTATGT	
msa235280.2{195_H36B}	GATACTGGCA	TTGGTTTGAA	AGACGTTTAT	CTTCAATCTG	TTAAGTATGT	

Table 51: Comparative Sequences relating to SAG0677

msa235280.2{195_JM9130013}	GATACTGGCA	TTGGTTTGAA	AGACGTTTAT	CTTCAATCTG	TTAAGTATGT
msa235280.2{195_18RS21}	GATACTGGCA	TTGGTTTGAA	AGACGTTTAT	CTTCAATCTG	TTAAGTATGT
msa235280.2{195_2603}	GATACTGGCA	TTGGTTTGAA	AGACGTTTAT	CTTCAATCTG	TTAAGTATGT
msa235280.2{195_A909}	GATACTGGCA	TTGGTTTGAA	AGACGTTTAT	CTTCAATCTG	TTAAGTATGT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
	201				250
msa235280.2{195_COH1}	TGGTGGTGGC	AATAATAATT	TAGACCTTAT	CACACCTCCA	GGATTTAAAA
msa235280.2{195_M732}	TGGTGGTGGC	AATAATAATT	TAGACCTTAT	CACACCTCCA	GGATTTAAAA
msa235280.2{195_M781}	TGGTGGTGGC	AATAATAATT	TAGACCTTAT	CACACCTCCA	GGATTTAAAA
msa235280.2{195_H36B}	TGGTGGTGGC	AATAATAATT	TAGACCTTAT	CACACCTCCA	GGATTTAAAA
msa235280.2{195_JM9130013}	TGGTGGTGGC	AATAATAATT	TAGACCTTAT	CACACCTCCA	GGATTTAAAA
msa235280.2{195_18RS21}	TGGTGGTGGC	AATAATAATT	TAGACCTTAT	CACACCTCCA	GGATTTAAAA
msa235280.2{195_2603}	TGGTGGTGGC	AATAATAATT	TAGACCTTAT	CACACCTCCA	GGATTTAAAA
msa235280.2{195_A909}	TGGTGGTGGC	AATAATAATT	TAGACCTTAT	CACACCTCCA	GGATTTAAAA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
	251				300
msa235280.2{195_COH1}	AAGAAGATAA	AAAAGTTGAA	AAACCAAAAT	TAGACCGTCC	ACCAGGAATT
msa235280.2{195_M732}	AAGAAGATAA	AAAAGTTGAA	AAACCAAAAT	TAGACCGTCC	ACCAGGAATT
msa235280.2{195_M781}	AAGAAGATAA	AAAAGTTGAA	AAACCAAAAT	TAGACCGTCC	ACCAGGAATT
msa235280.2{195_H36B}	AAGAAGATAA	AAAAGTTGAA	AAACCAAAAT	TAGACCGTCC	ACCAGGAATT
msa235280.2{195_JM9130013}	AAGAAGATAA	AAAAGTTGAA	AAACCAAAAT	TAGACCGTCC	ACCAGGAATT
msa235280.2{195_18RS21}	AAGAAGATAA	AAAAGTTGAA	AAACCAAAAT	TAGACCGTCC	ACCAGGAATT
msa235280.2{195_2603}	AAGAAGATAA	AAAAGTTGAA	AAACCAAAAT	TAGACCGTCC	ACCAGGAATT
msa235280.2{195_A909}	AAGAAGATAA	AAAAGTTGAA	AAACCAAAAT	TAGACCGTCC	ACCAGGAATT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
	301				350
msa235280.2{195_COH1}	GATTTACCAg	CACCAACTTC	AATGAGAAGT	TTTGATTATT	CAACCCCAACC
msa235280.2{195_M732}	GATTTACCAg	CACCAACTTC	AATGAGAAGT	TTTGATTATT	CAACCCCAACC
msa235280.2{195_M781}	GATTTACCAg	CACCAACTTC	AATGAGAAGT	TTTGATTATT	CAACCCCAACC
msa235280.2{195_H36B}	GATTTACCAg	CACCAACTTC	AATGAGAAGT	TTTGATTATT	CAACCCCAACC
msa235280.2{195_JM9130013}	GATTTACCAg	CACCAACTTC	AATGAGAAGT	TTTGATTATT	CAACCCCAACC
msa235280.2{195_18RS21}	GATTTACCAg	CACCAACTTC	AATGAGAAGT	TTTGATTATT	CAACCCCAACC
msa235280.2{195_2603}	GATTTACCAg	CACCAACTTC	AATGAGAAGT	TTTGATTATT	CAACCCCAACC
msa235280.2{195_A909}	GATTTACCAg	CACCAACTTC	AATGAGAAGT	TTTGATTATT	CAACCCCAACC
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
	351				400
msa235280.2{195_COH1}	GGGAACCTAAG	CCAAGCAAAC	CCAAAGATAG	TTTATCAACT	CCTCCAGGTT
msa235280.2{195_M732}	GGGAACCTAAG	CCAAGCAAAC	CCAAAGATAG	TTTATCAACT	CCTCCAGGTT
msa235280.2{195_M781}	GGGAACCTAAG	CCAAGCAAAC	CCAAAGATAG	TTTATCAACT	CCTCCAGGTT
msa235280.2{195_H36B}	GGGAACCTAAG	CCAAGCAAAC	CCAAAGATAG	TTTATCAACT	CCTCCAGGTT
msa235280.2{195_JM9130013}	GGGAACCTAAG	CCAAGCAAAC	CCAAAGATAG	TTTATCAACT	CCTCCAGGTT
msa235280.2{195_18RS21}	GGGAACCTAAG	CCAAGCAAAC	CCAAAGATAG	TTTATCAACT	CCTCCAGGTT
msa235280.2{195_2603}	GGGAACCTAAG	CCAAGCAAAC	CCAAAGATAG	TTTATCAACT	CCTCCAGGTT
msa235280.2{195_A909}	GGGAACCTAAG	CCAAGCAAAC	CCAAAGATAG	TTTATCAACT	CCTCCAGGTT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
	401				450
msa235280.2{195_COH1}	TCCCAGATTT	AAACACGCCG	CCGGATGAAG	cCACcAAAGG	ATAGTAAAAA
msa235280.2{195_M732}	TCCCAGATTT	AAACACGCCG	CCGGATGAAG	cCACcAAAGG	ATAGTAAAAA
msa235280.2{195_M781}	TCCCAGATTT	AAACACGCCG	CCGGATGAAG	cCACcAAAGG	ATAGTAAAAA
msa235280.2{195_H36B}	TCCCAGATTT	AAACACGCCG	CCGGATGAAG	.CACcAAAGG	ATAGTAAAAA
msa235280.2{195_JM9130013}	TCCCAGATTT	AAACACGCCG	CCGGATGAAG	.CACcAAAGG	ATAGTAAAAA
msa235280.2{195_18RS21}	TCCCAGATTT	AAACACGCCG	CCGGATGAAG	.CACcAAAGG	ATAGTAAAAA
msa235280.2{195_2603}	TCCCAGATTT	AAACACGCCG	CCGGATGAAG	.CACcAAAGG	ATAGTAAAAA
msa235280.2{195_A909}	TCCCAGATTT	AAACACGCCG	CCGGATGAAG	.CACcAAAGG	ATAGTAAAAA
Consensus	*****	*****	*****	****-*****	*****
	451				500
msa235280.2{195_COH1}	AGACGCTATT	GAAGATAAAT	CAGGAGCAAT	TAAATATGCT	AAGTCTCTTC
msa235280.2{195_M732}	AGACGCTATT	GAAGATAAAT	CAGGAGCAAT	TAAATATGCT	AAGTCTCTTC
msa235280.2{195_M781}	AGACGCTATT	GAAGATAAAT	CAGGAGCAAT	TAAATATGCT	AAGTCTCTTC
msa235280.2{195_H36B}	AGACGCTATT	GAAGATAAAT	CAGGAGCAAT	TAAATATGCT	AAGTCTCTTC
msa235280.2{195_JM9130013}	AGACGCTATT	GAAGATAAAT	CAGGAGCAAT	TAAATATGCT	AAGTCTCTTC
msa235280.2{195_18RS21}	AGACGCTATT	GAAGATAAAT	CAGGAGCAAT	TAAATATGCT	AAGTCTCTTC
msa235280.2{195_2603}	AGACGCTATT	GAAGATAAAT	CAGGAGCAAT	TAAATATGCT	AAGTCTCTTC
msa235280.2{195_A909}	AGACGCTATT	GAAGATAAAT	CAGGAGCAAT	TAAATATGCT	AAGTCTCTTC
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
	501				550
msa235280.2{195_COH1}	AACTTAGCTT	TGTTGATGac	CCTATTTTAg	CTAGCAAAGT	AAATGGCAAA
msa235280.2{195_M732}	AACTTAGCTT	TGTTGATGac	CCTATTTTAg	CTAGCAAAGT	AAATGGCAAA
msa235280.2{195_M781}	AACTTAGCTT	TGTTGATGac	CCTATTTTAg	CTAGCAAAGT	AAATGGCAAA
msa235280.2{195_H36B}	AACTTAGCTT	TGTTGATGac	CCTATTTTAg	CTAGCAAAGT	AAATGGCAAA
msa235280.2{195_JM9130013}	AACTTAGCTT	TGTTGATGac	CCTATTTTAg	CTAGCAAAGT	AAATGGCAAA
msa235280.2{195_18RS21}	AACTTAGCTT	TGTTGATGac	CCTATTTTAg	CTAGCAAAGT	AAATGGCAAA
msa235280.2{195_2603}	AACTTAGCTT	TGTTGATGac	CCTATTTTAg	CTAGCAAAGT	AAATGGCAAA
msa235280.2{195_A909}	AACTTAGCTT	TGTTGATGac	CCTATTTTAg	CTAGCAAAGT	AAATGGCAAA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****

Table 51: Comparative Sequences relating to SAG0677

		551					600
msa235280.2	{195_COH1}	ATATTACAAG	TCGAATCTGA	TGGCAAATTA	GTCATTCCCTA	GAAATGCTTT	
msa235280.2	{195_M732}	ATATTACAAG	TCGAATCTGA	TGGCAAATTA	GTCATTCCCTA	GAAATGCTTT	
msa235280.2	{195_M781}	ATATTACAAG	TCGAATCTGA	TGGCAAATTA	GTCATTCCCTA	GAAATGCTTT	
msa235280.2	{195_H36B}	ATATTACAAG	TCGAATCTGA	TGGCAAATTA	GTCATTCCCTA	GAAATGCTTT	
msa235280.2	{195_JM9130013}	ATATTACAAG	TCGAATCTGA	TGGCAAATTA	GTCATTCCCTA	GAAATGCTTT	
msa235280.2	{195_18RS21}	ATATTACAAG	TCGAATCTGA	TGGCAAATTA	GTCATTCCCTA	GAAATGCTTT	
msa235280.2	{195_2603}	ATATTACAAG	TCGAATCTGA	TGGCAAATTA	GTCATTCCCTA	GAAATGCTTT	
msa235280.2	{195_A909}	ATATTACAAG	TCGAATCTGA	TGGCAAATTA	GTCATTCCCTA	GAAATGCTTT	
Consensus		*****	*****	*****	*****	*****	
		601					650
msa235280.2	{195_COH1}	GTCAGCTAAT	CAATTGATG	ACACTAGTCT	TAAAATTTAT	CGTAATAATA	
msa235280.2	{195_M732}	GTCAGCTAAT	CAATTGATG	ACACTAGTCT	TAAAATTTAT	CGTAATAATA	
msa235280.2	{195_M781}	GTCAGCTAAT	CAATTGATG	ACACTAGTCT	TAAAATTTAT	CGTAATAATA	
msa235280.2	{195_H36B}	GTCAGCTAAT	CAATTGATG	ACACTAGTCT	TAAAATTTAT	CGTAATAATA	
msa235280.2	{195_JM9130013}	GTCAGCTAAT	CAATTGATG	ACACTAGTCT	TAAAATTTAT	CGTAATAATA	
msa235280.2	{195_18RS21}	GTCAGCTAAT	CAATTGATG	ACACTAGTCT	TAAAATTTAT	CGTAATAATA	
msa235280.2	{195_2603}	GTCAGCTAAT	CAATTGATG	ACACTAGTCT	TAAAATTTAT	CGTAATAATA	
msa235280.2	{195_A909}	GTCAGCTAAT	CAATTGATG	ACACTAGTCT	TAAAATTTAT	CGTAATAATA	
Consensus		*****	*****	*****	*****	*****	
		651					700
msa235280.2	{195_COH1}	ATCGCAATAA	AGAAATTACT	ATCACAACAG	ATTATTTTGC	AGATACAAAA	
msa235280.2	{195_M732}	ATCGCAATAA	AGAAATTACT	ATCACAACAG	ATTATTTTGC	AGATACAAAA	
msa235280.2	{195_M781}	ATCGCAATAA	AGAAATTACT	ATCACAACAG	ATTATTTTGC	AGATACAAAA	
msa235280.2	{195_H36B}	ATCGCAATAA	AGAAATTACT	ATCACAACAG	ATTATTTTGC	AGATACAAAA	
msa235280.2	{195_JM9130013}	ATCGCAATAA	AGAAATTACT	ATCACAACAG	ATTATTTTGC	AGATACAAAA	
msa235280.2	{195_18RS21}	ATCGCAATAA	AGAAATTACT	ATCACAACAG	ATTATTTTGC	AGATACAAAA	
msa235280.2	{195_2603}	ATCGCAATAA	AGAAATTACT	ATCACAACAG	ATTATTTTGC	AGATACAAAA	
msa235280.2	{195_A909}	ATCGCAATAA	AGAAATTACT	ATCACAACAG	ATTATTTTGC	AGATACAAAA	
Consensus		*****	*****	*****	*****	*****	
		701					750
msa235280.2	{195_COH1}	TATGTCAATA	TCACAGCGGT	TGACTATTTG	AGCAATACTA	CTTTTGAGCA	
msa235280.2	{195_M732}	TATGTCAATA	TCACAGCGGT	TGACTATTTG	AGCAATACTA	CTTTTGAGCA	
msa235280.2	{195_M781}	TATGTCAATA	TCACAGCGGT	TGACTATTTG	AGCAATACTA	CTTTTGAGCA	
msa235280.2	{195_H36B}	TATGTCAATA	TCACAGCGGT	TGACTATTTG	AGCAATACTA	CTTTTGAGCA	
msa235280.2	{195_JM9130013}	TATGTCAATA	TCACAGCGGT	TGACTATTTG	AGCAATACTA	CTTTTGAGCA	
msa235280.2	{195_18RS21}	TATGTCAATA	TCACAGCGGT	TGACTATTTG	AGCAATACTA	CTTTTGAGCA	
msa235280.2	{195_2603}	TATGTCAATA	TCACAGCGGT	TGACTATTTG	AGCAATACTA	CTTTTGAGCA	
msa235280.2	{195_A909}	TATGTCAATA	TCACAGCGGT	TGACTATTTG	AGCAATACTA	CTTTTGAGCA	
Consensus		*****	*****	*****	*****	*****	
		751					800
msa235280.2	{195_COH1}	ATTAGCTACT	GGTGAAACAG	TAGATTACCA	TGCCATTGTA	TTTTCAGCT	
msa235280.2	{195_M732}	ATTAGCTACT	GGTGAAACAG	TAGATTACCA	TGCCATTGTA	TTTTCAGCT	
msa235280.2	{195_M781}	ATTAGCTACT	GGTGAAACAG	TAGATTACCA	TGCCATTGTA	TTTTCAGCT	
msa235280.2	{195_H36B}	ATTAGCTACT	GGTGAAACAG	TAGATTACCA	TGCCATTGTA	TTTTCAGCT	
msa235280.2	{195_JM9130013}	ATTAGCTACT	GGTGAAACAG	TAGATTACCA	TGCCATTGTA	TTTTCAGCT	
msa235280.2	{195_18RS21}	ATTAGCTACT	GGTGAAACAG	TAGATTACCA	TGCCATTGTA	TTTTCAGCT	
msa235280.2	{195_2603}	ATTAGCTACT	GGTGAAACAG	TAGATTACCA	TGCCATTGTA	TTTTCAGCT	
msa235280.2	{195_A909}	ATTAGCTACT	GGTGAAACAG	TAGATTACCA	TGCCATTGTA	TTTTCAGCT	
Consensus		*****	*****	*****	*****	*****	
		801					850
msa235280.2	{195_COH1}	TTGCTGCTAT	TAAAGACAAG	GGTGGTAAGA	TTTATGTtAA	CGATAAATTG	
msa235280.2	{195_M732}	TTGCTGCTAT	TAAAGACAAG	GGTGGTAAGA	TTTATGTtAA	CGATAAATTG	
msa235280.2	{195_M781}	TTGCTGCTAT	TAAAGACAAG	GGTGGTAAGA	TTTATGTtAA	CGATAAATTG	
msa235280.2	{195_H36B}	TTGCTGCTAT	TAAAGACAAG	GGTGGTAAGA	TTTATGTtAA	CGATAAATTG	
msa235280.2	{195_JM9130013}	TTGCTGCTAT	TAAAGACAAG	GGTGGTAAGA	TTTATGTtAA	CGATAAATTG	
msa235280.2	{195_18RS21}	TTGCTGCTAT	TAAAGACAAG	GGTGGTAAGA	TTTATGTtAA	CGATAAATTG	
msa235280.2	{195_2603}	TTGCTGCTAT	TAAAGACAAG	GGTGGTAAGA	TTTATGTtAA	CGATAAATTG	
msa235280.2	{195_A909}	TTGCTGCTAT	TAAAGACAAG	GGTGGTAAGA	TTTATGTtAA	CGATAAATTG	
Consensus		*****	*****	*****	*****	*****	
		851					900
msa235280.2	{195_COH1}	CAAGAAACTT	CTCGTATAGC	GCTTAAAGAT	AAATCTGTTA	AGATTGGTAT	
msa235280.2	{195_M732}	CAAGAAACTT	CTCGTATAGC	GCTTAAAGAT	AAATCTGTTA	AGATTGGTAT	
msa235280.2	{195_M781}	CAAGAAACTT	CTCGTATAGC	GCTTAAAGAT	AAATCTGTTA	AGATTGGTAT	
msa235280.2	{195_H36B}	CAAGAAACTT	CTCGTATAGC	GCTTAAAGAT	AAATCTGTTA	AGATTGGTAT	
msa235280.2	{195_JM9130013}	CAAGAAACTT	CTCGTATAGC	GCTTAAAGAT	AAATCTGTTA	AGATTGGTAT	
msa235280.2	{195_18RS21}	CAAGAAACTT	CTCGTATAGC	GCTTAAAGAT	AAATCTGTTA	AGATTGGTAT	
msa235280.2	{195_2603}	CAAGAAACTT	CTCGTATAGC	GCTTAAAGAT	AAATCTGTTA	AGATTGGTAT	
msa235280.2	{195_A909}	CAAGAAACTT	CTCGTATAGC	GCTTAAAGAT	AAATCTGTTA	AGATTGGTAT	
Consensus		*****	*****	*****	*****	*****	
		901					950
msa235280.2	{195_COH1}	TGAATTACCA	AATGATGTCA	GACATATTGA	TAGTTTATCT	GTTCTGCGTT	
msa235280.2	{195_M732}	TGAATTACCA	AATGATGTCA	GACATATTGA	TAGTTTATCT	GTTCTGCGTT	
msa235280.2	{195_M781}	TGAATTACCA	AATGATGTCA	GACATATTGA	TAGTTTATCT	GTTCTGCGTT	
msa235280.2	{195_H36B}	TGAATTACCA	AATGATGTCA	GACATATTGA	TAGTTTATCT	GTTCTGCGTT	
msa235280.2	{195_JM9130013}	TGAATTACCA	AATGATGTCA	GACATATTGA	TAGTTTATCT	GTTCTGCGTT	

Table 51: Comparative Sequences relating to SAG0677

msa235280.2{195_18RS21}	TGAATTACCA	AATGATGTCA	GACATATTGA	TAGTTTATCT	GTTCGTCGTT	
msa235280.2{195_2603}	TGAATTACCA	AATGATGTCA	GACATATTGA	TAGTTTATCT	GTTCGTCGTT	
msa235280.2{195_A909}	TGAATTACCA	AATGATGTCA	GACATATTGA	TAGTTTATCT	GTTCGTCGTT	
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****	
951						1000
msa235280.2{195_COH1}	TGAATGAGGT	TAAAACTGTT	GATAATATCT	TGAAAAATGA	TGAACAAGAC	
msa235280.2{195_M732}	TGAATGAGGT	TAAAACTGTT	GATAATATCT	TGAAAAATGA	TGAACAAGAC	
msa235280.2{195_M781}	TGAATGAGGT	TAAAACTGTT	GATAATATCT	TGAAAAATGA	TGAACAAGAC	
msa235280.2{195_H36B}	TGAATGAGGT	TAAAACTGTT	GATAATATCT	TGAAAAATGA	TGAACAAGAC	
msa235280.2{195_JM9130013}	TGAATGAGGT	TAAAACTGTT	GATAATATCT	TGAAAAATGA	TGAACAAGAC	
msa235280.2{195_18RS21}	TGAATGAGGT	TAAAACTGTT	GATAATATCT	TGAAAAATGA	TGAACAAGAC	
msa235280.2{195_2603}	TGAATGAGGT	TAAAACTGTT	GATAATATCT	TGAAAAATGA	TGAACAAGAC	
msa235280.2{195_A909}	TGAATGAGGT	TAAAACTGTT	GATAATATCT	TGAAAAATGA	TGAACAAGAC	
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****	
1001						1050
msa235280.2{195_COH1}	ATTAATCTCA	GCAAACTTA	CCAATTAAAA	TACAACCCGA	CAAATCGTCG	
msa235280.2{195_M732}	ATTAATCTCA	GCAAACTTA	CCAATTAAAA	TACAACCCGA	CAAATCGTCG	
msa235280.2{195_M781}	ATTAATCTCA	GCAAACTTA	CCAATTAAAA	TACAACCCGA	CAAATCGTCG	
msa235280.2{195_H36B}	ATTAATCTCA	GCAAACTTA	CCAATTAAAA	TACAACCCGA	CAAATCGTCG	
msa235280.2{195_JM9130013}	ATTAATCTCA	GCAAACTTA	CCAATTAAAA	TACAACCCGA	CAAATCGTCG	
msa235280.2{195_18RS21}	ATTAATCTCA	GCAAACTTA	CCAATTAAAA	TACAACCCGA	CAAATCGTCG	
msa235280.2{195_2603}	ATTAATCTCA	GCAAACTTA	CCAATTAAAA	TACAACCCGA	CAAATCGTCG	
msa235280.2{195_A909}	ATTAATCTCA	GCAAACTTA	CCAATTAAAA	TACAACCCGA	CAAATCGTCG	
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****	
1051						1100
msa235280.2{195_COH1}	TCTAGAGTTT	ACTATTAATA	ACATTAACTC	AAGTTCAGAA	ATCATGACCA	
msa235280.2{195_M732}	TCTAGAGTTT	ACTATTAATA	ACATTAACTC	AAGTTCAGAA	ATCATGACCA	
msa235280.2{195_M781}	TCTAGAGTTT	ACTATTAATA	ACATTAACTC	AAGTTCAGAA	ATCATGACCA	
msa235280.2{195_H36B}	TCTAGAGTTT	ACTATTAATA	ACATTAACTC	AAGTTCAGAA	ATCATGACCA	
msa235280.2{195_JM9130013}	TCTAGAGTTT	ACTATTAATA	ACATTAACTC	AAGTTCAGAA	ATCATGACCA	
msa235280.2{195_18RS21}	TCTAGAGTTT	ACTATTAATA	ACATTAACTC	AAGTTCAGAA	ATCATGACCA	
msa235280.2{195_2603}	TCTAGAGTTT	ACTATTAATA	ACATTAACTC	AAGTTCAGAA	ATCATGACCA	
msa235280.2{195_A909}	TCTAGAGTTT	ACTATTAATA	ACATTAACTC	AAGTTCAGAA	ATCATGACCA	
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****	
1101						1150
msa235280.2{195_COH1}	CTTTCAAAGA	TGGAAGAGTG	CCAGAATTGG	TTGAACAAAA	AGATGTTTCT	
msa235280.2{195_M732}	CTTTCAAAGA	TGGAAGAGTG	CCAGAATTGG	TTGAACAAAA	AGATGTTTCT	
msa235280.2{195_M781}	CTTTCAAAGA	TGGAAGAGTG	CCAGAATTGG	TTGAACAAAA	AGATGTTTCT	
msa235280.2{195_H36B}	CTTTCAAAGA	TGGAAGAGTG	CCAGAATTGG	TTGAACAAAA	AGATGTTTCT	
msa235280.2{195_JM9130013}	CTTTCAAAGA	TGGAAGAGTG	CCAGAATTGG	TTGAACAAAA	AGATGTTTCT	
msa235280.2{195_18RS21}	CTTTCAAAGA	TGGAAGAGTG	CCAGAATTGG	TTGAACAAAA	AGATGTTTCT	
msa235280.2{195_2603}	CTTTCAAAGA	TGGAAGAGTG	CCAGAATTGG	TTGAACAAAA	AGATGTTTCT	
msa235280.2{195_A909}	CTTTCAAAGA	TGGAAGAGTG	CCAGAATTGG	TTGAACAAAA	AGATGTTTCT	
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****	
1151						1200
msa235280.2{195_COH1}	TTGGATATAA	ACGATATGGA	CATGAGTAAG	TTTAAACTA	TTGCACTTGG	
msa235280.2{195_M732}	TTGGATATAA	ACGATATGGA	CATGAGTAAG	TTTAAACTA	TTGCACTTGG	
msa235280.2{195_M781}	TTGGATATAA	ACGATATGGA	CATGAGTAAG	TTTAAACTA	TTGCACTTGG	
msa235280.2{195_H36B}	TTGGATATAA	ACGATATGGA	CATGAGTAAG	TTTAAACTA	TTGCACTTGG	
msa235280.2{195_JM9130013}	TTGGATATAA	ACGATATGGA	CATGAGTAAG	TTTAAACTA	TTGCACTTGG	
msa235280.2{195_18RS21}	TTGGATATAA	ACGATATGGA	CATGAGTAAG	TTTAAACTA	TTGCACTTGG	
msa235280.2{195_2603}	TTGGATATAA	ACGATATGGA	CATGAGTAAG	TTTAAACTA	TTGCACTTGG	
msa235280.2{195_A909}	TTGGATATAA	ACGATATGGA	CATGAGTAAG	TTTAAACTA	TTGCACTTGG	
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****	
1201						1250
msa235280.2{195_COH1}	ACGAAAGGAT	TCTGAATTTA	AGGGACAAC	TATTGCAAAA	ACTGGAACAG	
msa235280.2{195_M732}	ACGAAAGGAT	TCTGAATTTA	AGGGACAAC	TATTGCAAAA	ACTGGAACAG	
msa235280.2{195_M781}	ACGAAAGGAT	TCTGAATTTA	AGGGACAAC	TATTGCAAAA	ACTGGAACAG	
msa235280.2{195_H36B}	ACGAAAGGAT	TCTGAATTTA	AGGGACAAC	TATTGCAAAA	ACTGGAACAG	
msa235280.2{195_JM9130013}	ACGAAAGGAT	TCTGAATTTA	AGGGACAAC	TATTGCAAAA	ACTGGAACAG	
msa235280.2{195_18RS21}	ACGAAAGGAT	TCTGAATTTA	AGGGACAAC	TATTGCAAAA	ACTGGAACAG	
msa235280.2{195_2603}	ACGAAAGGAT	TCTGAATTTA	AGGGACAAC	TATTGCAAAA	ACTGGAACAG	
msa235280.2{195_A909}	ACGAAAGGAT	TCTGAATTTA	AGGGACAAC	TATTGCAAAA	ACTGGAACAG	
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****	
1251						1300
msa235280.2{195_COH1}	TTGAATTAGA	TATGTTTTTC	AAACAATCTC	AAGACCCAGC	TTCAATTATT	
msa235280.2{195_M732}	TTGAATTAGA	TATGTTTTTC	AAACAATCTC	AAGACCCAGC	TTCAATTATT	
msa235280.2{195_M781}	TTGAATTAGA	TATGTTTTTC	AAACAATCTC	AAGACCCAGC	TTCAATTATT	
msa235280.2{195_H36B}	TTGAATTAGA	TATGTTTTTC	AAACAATCTC	AAGACCCAGC	TTCAATTATT	
msa235280.2{195_JM9130013}	TTGAATTAGA	TATGTTTTTC	AAACAATCTC	AAGACCCAGC	TTCAATTATT	
msa235280.2{195_18RS21}	TTGAATTAGA	TATGTTTTTC	AAACAATCTC	AAGACCCAGC	TTCAATTATT	
msa235280.2{195_2603}	TTGAATTAGA	TATGTTTTTC	AAACAATCTC	AAGACCCAGC	TTCAATTATT	
msa235280.2{195_A909}	TTGAATTAGA	TATGTTTTTC	AAACAATCTC	AAGACCCAGC	TTCAATTATT	
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****	

1301

1350

Table 51: Comparative Sequences relating to SAG0677

msa235280.2{195_COH1}	AAAAAATAT	ACCTTATCCA	AAATGGTGT	CCAAATGAAT	TGAAAAAATT
msa235280.2{195_M732}	AAAAAATAT	ACCTTATCCA	AAATGGTGT	CCAAATGAAT	TGAAAAAATT
msa235280.2{195_M781}	AAAAAATAT	ACCTTATCCA	AAATGGTGT	CCAAATGAAT	TGAAAAAATT
msa235280.2{195_H36B}	AAAAAATAT	ACCTTATCCA	AAATGGTGT	CCAAATGAAT	TGAAAAAATT
msa235280.2{195_JM9130013}	AAAAAATAT	ACCTTATCCA	AAATGGTGT	CCAAATGAAT	TGAAAAAATT
msa235280.2{195_18RS21}	AAAAAATAT	ACCTTATCCA	AAATGGTGT	CCAAATGAAT	TGAAAAAATT
msa235280.2{195_2603}	AAAAAATAT	ACCTTATCCA	AAATGGTGT	CCAAATGAAT	TGAAAAAATT
msa235280.2{195_A909}	AAAAAATAT	ACCTTATCCA	AAATGGTGT	CCAAATGAAT	TGAAAAAATT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
1351			1400		
msa235280.2{195_COH1}	TGACTCTAGT	TTTGGTTTAA	CTGAAAGTCA	GATAGATGGA	TACTATATTT
msa235280.2{195_M732}	TGACTCTAGT	TTTGGTTTAA	CTGAAAGTCA	GATAGATGGA	TACTATATTT
msa235280.2{195_M781}	TGACTCTAGT	TTTGGTTTAA	CTGAAAGTCA	GATAGATGGA	TACTATATTT
msa235280.2{195_H36B}	TGACTCTAGT	TTTGGTTTAA	CTGAAAGTCA	GATAGATGGA	TACTATATTT
msa235280.2{195_JM9130013}	TGACTCTAGT	TTTGGTTTAA	CTGAAAGTCA	GATAGATGGA	TACTATATTT
msa235280.2{195_18RS21}	TGACTCTAGT	TTTGGTTTAA	CTGAAAGTCA	GATAGATGGA	TACTATATTT
msa235280.2{195_2603}	TGACTCTAGT	TTTGGTTTAA	CTGAAAGTCA	GATAGATGGA	TACTATATTT
msa235280.2{195_A909}	TGACTCTAGT	TTTGGTTTAA	CTGAAAGTCA	GATAGATGGA	TACTATATTT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
1401			1450		
msa235280.2{195_COH1}	ATAAAGATGC	AATTAACCTT	AAATTTAAAT	TAACCAAGTGG	TGCAAGTCTT
msa235280.2{195_M732}	ATAAAGATGC	AATTAACCTT	AAATTTAAAT	TAACCAAGTGG	TGCAAGTCTT
msa235280.2{195_M781}	ATAAAGATGC	AATTAACCTT	AAATTTAAAT	TAACCAAGTGG	TGCAAGTCTT
msa235280.2{195_H36B}	ATAAAGATGC	AATTAACCTT	AAATTTAAAT	TAACCAAGTGG	TGCAAGTCTT
msa235280.2{195_JM9130013}	ATAAAGATGC	AATTAACCTT	AAATTTAAAT	TAACCAAGTGG	TGCAAGTCTT
msa235280.2{195_18RS21}	ATAAAGATGC	AATTAACCTT	AAATTTAAAT	TAACCAAGTGG	TGCAAGTCTT
msa235280.2{195_2603}	ATAAAGATGC	AATTAACCTT	AAATTTAAAT	TAACCAAGTGG	TGCAAGTCTT
msa235280.2{195_A909}	ATAAAGATGC	AATTAACCTT	AAATTTAAAT	TAACCAAGTGG	TGCAAGTCTT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
1451			1500		
msa235280.2{195_COH1}	AAAGTTGTTT	ATAAAGGGCA	AGAAGATCCA	TATAGTCATC	AGAAAGAAGA
msa235280.2{195_M732}	AAAGTTGTTT	ATAAAGGGCA	AGAAGATCCA	TATAGTCATC	AGAAAGAAGA
msa235280.2{195_M781}	AAAGTTGTTT	ATAAAGGGCA	AGAAGATCCA	TATAGTCATC	AGAAAGAAGA
msa235280.2{195_H36B}	AAAGTTGTTT	ATAAAGGGCA	AGAAGATCCA	TATAGTCATC	AGAAAGAAGA
msa235280.2{195_JM9130013}	AAAGTTGTTT	ATAAAGGGCA	AGAAGATCCA	TATAGTCATC	AGAAAGAAGA
msa235280.2{195_18RS21}	AAAGTTGTTT	ATAAAGGGCA	AGAAGATCCA	TATAGTCATC	AGAAAGAAGA
msa235280.2{195_2603}	AAAGTTGTTT	ATAAAGGGCA	AGAAGATCCA	TATAGTCATC	AGAAAGAAGA
msa235280.2{195_A909}	AAAGTTGTTT	ATAAAGGGCA	AGAAGATCCA	TATAGTCATC	AGAAAGAAGA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
1501			1550		
msa235280.2{195_COH1}	TATGACTAAA	AaAGGTGAAC	AGCTCAGTCA	TTCAACTCAA	GCCAAATGAAA
msa235280.2{195_M732}	TATGACTAAA	AaAGGTGAAC	AGCTCAGTCA	TTCAACTCAA	GCCAAATGAAA
msa235280.2{195_M781}	TATGACTAAA	AaAGGTGAAC	AGCTCAGTCA	TTCAACTCAA	GCCAAATGAAA
msa235280.2{195_H36B}	TATGACTAAA	AaAGGTGAAC	AGCTCAGTCA	TTCAACTCAA	GCCAAATGAAA
msa235280.2{195_JM9130013}	TATGACTAAA	AaAGGTGAAC	AGCTCAGTCA	TTCAACTCAA	GCCAAATGAAA
msa235280.2{195_18RS21}	TATGACTAAA	AaAGGTGAAC	AGCTCAGTCA	TTCAACTCAA	GCCAAATGAAA
msa235280.2{195_2603}	TATGACTAAA	AaAGGTGAAC	AGCTCAGTCA	TTCAACTCAA	GCCAAATGAAA
msa235280.2{195_A909}	TATGACTAAA	AaAGGTGAAC	AGCTCAGTCA	TTCAACTCAA	GCCAAATGAAA
Consensus	*****	*..*****	*****	*****	*****
1551			1600		
msa235280.2{195_COH1}	ATACAGCAAA	AGTAACCTTT	GCTAATATTG	ACTGGTCACA	TTATAGTAAG
msa235280.2{195_M732}	ATACAGCAAA	AGTAACCTTT	GCTAATATTG	ACTGGTCACA	TTATAGTAAG
msa235280.2{195_M781}	ATACAGCAAA	AGTAACCTTT	GCTAATATTG	ACTGGTCACA	TTATAGTAAG
msa235280.2{195_H36B}	ATACAGCAAA	AGTAACCTTT	GCTAATATTG	ACTGGTCACA	TTATAGTAAG
msa235280.2{195_JM9130013}	ATACAGCAAA	AGTAACCTTT	GCTAATATTG	ACTGGTCACA	TTATAGTAAG
msa235280.2{195_18RS21}	ATACAGCAAA	AGTAACCTTT	GCTAATATTG	ACTGGTCACA	TTATAGTAAG
msa235280.2{195_2603}	ATACAGCAAA	AGTAACCTTT	GCTAATATTG	ACTGGTCACA	TTATAGTAAG
msa235280.2{195_A909}	ATACAGCAAA	AGTAACCTTT	GCTAATATTG	ACTGGTCACA	TTATAGTAAG
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
1601			1650		
msa235280.2{195_COH1}	GTTACTGTGA	ATGGAAAAGA	AGTTGgTAAA	GGTAGTGAGT	TACCTTTAAC
msa235280.2{195_M732}	GTTACTGTGA	ATGGAAAAGA	AGTTGgTAAA	GGTAGTGAGT	TACCTTTAAC
msa235280.2{195_M781}	GTTACTGTGA	ATGGAAAAGA	AGTTGgTAAA	GGTAGTGAGT	TACCTTTAAC
msa235280.2{195_H36B}	GTTACTGTGA	ATGGAAAAGA	AGTTGgTAAA	GGTAGTGAGT	TACCTTTAAC
msa235280.2{195_JM9130013}	GTTACTGTGA	ATGGAAAAGA	AGTTGgTAAA	GGTAGTGAGT	TACCTTTAAC
msa235280.2{195_18RS21}	GTTACTGTGA	ATGGAAAAGA	AGTTGgTAAA	GGTAGTGAGT	TACCTTTAAC
msa235280.2{195_2603}	GTTACTGTGA	ATGGAAAAGA	AGTTGgTAAA	GGTAGTGAGT	TACCTTTAAC
msa235280.2{195_A909}	GTTACTGTGA	ATGGAAAAGA	AGTTGgTAAA	GGTAGTGAGT	TACCTTTAAC
Consensus	*****	*****	*****..***	*****	*****
1651			1700		
msa235280.2{195_COH1}	TAAAGGATGG	ACAACATTTG	TATTACATAA	AACAGAAAAT	TCATTAAATG
msa235280.2{195_M732}	TAAAGGATGG	ACAACATTTG	TATTACATAA	AACAGAAAAT	TCATTAAATG
msa235280.2{195_M781}	TAAAGGATGG	ACAACATTTG	TATTACATAA	AACAGAAAAT	TCATTAAATG
msa235280.2{195_H36B}	TAAAGGATGG	ACAACATTTG	TATTACATAA	AACAGAAAAT	TCATTAAATG
msa235280.2{195_JM9130013}	TAAAGGATGG	ACAACATTTG	TATTACATAA	AACAGAAAAT	TCATTAAATG
msa235280.2{195_18RS21}	TAAAGGATGG	ACAACATTTG	TATTACATAA	AACAGAAAAT	TCATTAAATG



Table 51: Comparative Sequences relating to SAG0677

msa235280.2{195_2603}	TAAAGGATGG	ACAACATTGG	TATTACATAA	AACAGAAAAT	TCATTAAATG	
msa235280.2{195_A909}	TAAAGGATGG	ACAACATTGG	TATTACATAA	AACAGAAAAT	TCATTAAATG	
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****	
msa235280.2{195_COH1}	1701	TTAAAAGTTT	GATTATGGAG	ACGGGTAGTG	TAAGTAAGAA	AGTTCAACAA
msa235280.2{195_M732}	TTAAAAGTTT	GATTATGGAG	ACGGGTAGTG	TAAGTAAGAA	AGTTCAACAA	
msa235280.2{195_M781}	TTAAAAGTTT	GATTATGGAG	ACGGGTAGTG	TAAGTAAGAA	AGTTCAACAA	
msa235280.2{195_H36B}	TTAAAAGTTT	GATTATGGAG	ACGGGTAGTG	TAAGTAAGAA	AGTTCAACAA	
msa235280.2{195_JM9130013}	TTAAAAGTTT	GATTATGGAG	ACGGGTAGTG	TAAGTAAGAA	AGTTCAACAA	
msa235280.2{195_18RS21}	TTAAAAGTTT	GATTATGGAG	ACGGGTAGTG	TAAGTAAGAA	AGTTCAACAA	
msa235280.2{195_2603}	TTAAAAGTTT	GATTATGGAG	ACGGGTAGTG	TAAGTAAGAA	AGTTCAACAA	
msa235280.2{195_A909}	TTAAAAGTTT	GATTATGGAG	ACGGGTAGTG	TAAGTAAGAA	AGTTCAACAA	
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****	
msa235280.2{195_COH1}	1751	CTTCCTTTAA	GTCCTAGATT	ATCTAAAAAT	AAGCATATGA	GGGATATGCT
msa235280.2{195_M732}	CTTCCTTTAA	GTCCTAGATT	ATCTAAAAAT	AAGCATATGA	GGGATATGCT	
msa235280.2{195_M781}	CTTCCTTTAA	GTCCTAGATT	ATCTAAAAAT	AAGCATATGA	GGGATATGCT	
msa235280.2{195_H36B}	CTTCCTTTAA	GTCCTAGATT	ATCTAAAAAT	AAGCATATGA	GGGATATGCT	
msa235280.2{195_JM9130013}	CTTCCTTTAA	GTCCTAGATT	ATCTAAAAAT	AAGCATATGA	GGGATATGCT	
msa235280.2{195_18RS21}	CTTCCTTTAA	GTCCTAGATT	ATCTAAAAAT	AAGCATATGA	GGGATATGCT	
msa235280.2{195_2603}	CTTCCTTTAA	GTCCTAGATT	ATCTAAAAAT	AAGCATATGA	GGGATATGCT	
msa235280.2{195_A909}	CTTCCTTTAA	GTCCTAGATT	ATCTAAAAAT	AAGCATATGA	GGGATATGCT	
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****	
msa235280.2{195_COH1}	1801	ACTTACTATG	CAAAAAGATT	CAGCGTATTA	CGAAACAAGT	GACAGTCTAG
msa235280.2{195_M732}	ACTTACTATG	CAAAAAGATT	CAGCGTATTA	CGAAACAAGT	GACAGTCTAG	
msa235280.2{195_M781}	ACTTACTATG	CAAAAAGATT	CAGCGTATTA	CGAAACAAGT	GACAGTCTAG	
msa235280.2{195_H36B}	ACTTACTATG	CAAAAAGATT	CAGCGTATTA	CGAAACAAGT	GACAGTCTAG	
msa235280.2{195_JM9130013}	ACTTACTATG	CAAAAAGATT	CAGCGTATTA	CGAAACAAGT	GACAGTCTAG	
msa235280.2{195_18RS21}	ACTTACTATG	CAAAAAGATT	CAGCGTATTA	CGAAACAAGT	GACAGTCTAG	
msa235280.2{195_2603}	ACTTACTATG	CAAAAAGATT	CAGCGTATTA	CGAAACAAGT	GACAGTCTAG	
msa235280.2{195_A909}	ACTTACTATG	CAAAAAGATT	CAGCGTATTA	CGAAACAAGT	GACAGTCTAG	
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****	
msa235280.2{195_COH1}	1851	TCCTTCGAAT	TAATCTCACT	GCAGATACTA	AACTTAATTT	TAATGCTGTT
msa235280.2{195_M732}	TCCTTCGAAT	TAATCTCACT	GCAGATACTA	AACTTAATTT	TAATGCTGTT	
msa235280.2{195_M781}	TCCTTCGAAT	TAATCTCACT	GCAGATACTA	AACTTAATTT	TAATGCTGTT	
msa235280.2{195_H36B}	TCCTTCGAAT	TAATCTCACT	GCAGATACTA	AACTTAATTT	TAATGCTGTT	
msa235280.2{195_JM9130013}	TCCTTCGAAT	TAATCTCACT	GCAGATACTA	AACTTAATTT	TAATGCTGTT	
msa235280.2{195_18RS21}	TCCTTCGAAT	TAATCTCACT	GCAGATACTA	AACTTAATTT	TAATGCTGTT	
msa235280.2{195_2603}	TCCTTCGAAT	TAATCTCACT	GCAGATACTA	AACTTAATTT	TAATGCTGTT	
msa235280.2{195_A909}	TCCTTCGAAT	TAATCTCACT	GCAGATACTA	AACTTAATTT	TAATGCTGTT	
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****	
msa235280.2{195_COH1}	1901	AAAGGAGCGA	GTGCTCTTAC	TGAAAATATG	ATGATGAGAC	AGTTTGCACT
msa235280.2{195_M732}	AAAGGAGCGA	GTGCTCTTAC	TGAAAATATG	ATGATGAGAC	AGTTTGCACT	
msa235280.2{195_M781}	AAAGGAGCGA	GTGCTCTTAC	TGAAAATATG	ATGATGAGAC	AGTTTGCACT	
msa235280.2{195_H36B}	AAAGGAGCGA	GTGCTCTTAC	TGAAAATATG	ATGATGAGAC	AGTTTGCACT	
msa235280.2{195_JM9130013}	AAAGGAGCGA	GTGCTCTTAC	TGAAAATATG	ATGATGAGAC	AGTTTGCACT	
msa235280.2{195_18RS21}	AAAGGAGCGA	GTGCTCTTAC	TGAAAATATG	ATGATGAGAC	AGTTTGCACT	
msa235280.2{195_2603}	AAAGGAGCGA	GTGCTCTTAC	TGAAAATATG	ATGATGAGAC	AGTTTGCACT	
msa235280.2{195_A909}	AAAGGAGCGA	GTGCTCTTAC	TGAAAATATG	ATGATGAGAC	AGTTTGCACT	
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****	
msa235280.2{195_COH1}	1951	TGCTGGACCA	CAAGATGATC	CTGTTAGTGA	ACATAAATAC	CCATCAGTAT
msa235280.2{195_M732}	TGCTGGACCA	CAAGATGATC	CTGTTAGTGA	ACATAAATAC	CCATCAGTAT	
msa235280.2{195_M781}	TGCTGGACCA	CAAGATGATC	CTGTTAGTGA	ACATAAATAC	CCATCAGTAT	
msa235280.2{195_H36B}	TGCTGGACCA	CAAGATGATC	CTGTTAGTGA	ACATAAATAC	CCATCAGTAT	
msa235280.2{195_JM9130013}	TGCTGGACCA	CAAGATGATC	CTGTTAGTGA	ACATAAATAC	CCATCAGTAT	
msa235280.2{195_18RS21}	TGCTGGACCA	CAAGATGATC	CTGTTAGTGA	ACATAAATAC	CCATCAGTAT	
msa235280.2{195_2603}	TGCTGGACCA	CAAGATGATC	CTGTTAGTGA	ACATAAATAC	CCATCAGTAT	
msa235280.2{195_A909}	TGCTGGACCA	CAAGATGATC	CTGTTAGTGA	ACATAAATAC	CCATCAGTAT	
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****	
msa235280.2{195_COH1}	2001	TTCTCTTAAC	TCCTGCCTTA	TTGGAACCTG	CTAGTGAGGC	AACTCTAAAT
msa235280.2{195_M732}	TTCTCTTAAC	TCCTGCCTTA	TTGGAACCTG	CTAGTGAGGC	AACTCTAAAT	
msa235280.2{195_M781}	TTCTCTTAAC	TCCTGCCTTA	TTGGAACCTG	CTAGTGAGGC	AACTCTAAAT	
msa235280.2{195_H36B}	TTCTCTTAAC	TCCTGCCTTA	TTGGAACCTG	CTAGTGAGGC	AACTCTAAAT	
msa235280.2{195_JM9130013}	TTCTCTTAAC	TCCTGCCTTA	TTGGAACCTG	CTAGTGAGGC	AACTCTAAAT	
msa235280.2{195_18RS21}	TTCTCTTAAC	TCCTGCCTTA	TTGGAACCTG	CTAGTGAGGC	AACTCTAAAT	
msa235280.2{195_2603}	TTCTCTTAAC	TCCTGCCTTA	TTGGAACCTG	CTAGTGAGGC	AACTCTAAAT	
msa235280.2{195_A909}	TTCTCTTAAC	TCCTGCCTTA	TTGGAACCTG	CTAGTGAGGC	AACTCTAAAT	
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****	
msa235280.2{195_COH1}	2051	GGTAAGGAAA	TCACAGCATC	TGGTATTATC	GGTCACATCA	AGGATGGTGA
msa235280.2{195_A909}	GGTAAGGAAA	TCACAGCATC	TGGTATTATC	GGTCACATCA	AGGATGGTGA	
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****	

Table 51: Comparative Sequences relating to SAG0677

msa235280.2{195_M732}	GGTAAGGAAA	TCACAGCATC	TGGTATTATC	GGTCACATCA	AGGATGGTGA
msa235280.2{195_M781}	GGTAAGGAAA	TCACAGCATC	TGGTATTATC	GGTCACATCA	AGGATGGTGA
msa235280.2{195_H36B}	GGTAAGGAAA	TCACAGCATC	TGGTATTATC	GGTCACATCA	AGGATGGTGA
msa235280.2{195_JM9130013}	GGTAAGGAAA	TCACAGCATC	TGGTATTATC	GGTCACATCA	AGGATGGTGA
msa235280.2{195_18RS21}	GGTAAGGAAA	TCACAGCATC	TGGTATTATC	GGTCACATCA	AGGATGGTGA
msa235280.2{195_2603}	GGTAAGGAAA	TCACAGCATC	TGGTATTATC	GGTCACATCA	AGGATGGTGA
msa235280.2{195_A909}	GGTAAGGAAA	TCACAGCATC	TGGTATTATC	GGTCACATCA	AGGATGGTGA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa235280.2{195_COH1}	TAAAAGCAAG	CATGTTGAAG	TCAAAATGGT	GAATGAAAAT	GGAGACATGC
msa235280.2{195_M732}	TAAAAGCAAG	CATGTTGAAG	TCAAAATGGT	GAATGAAAAT	GGAGACATGC
msa235280.2{195_M781}	TAAAAGCAAG	CATGTTGAAG	TCAAAATGGT	GAATGAAAAT	GGAGACATGC
msa235280.2{195_H36B}	TAAAAGCAAG	CATGTTGAAG	TCAAAATGGT	GAATGAAAAT	GGAGACATGC
msa235280.2{195_JM9130013}	TAAAAGCAAG	CATGTTGAAG	TCAAAATGGT	GAATGAAAAT	GGAGACATGC
msa235280.2{195_18RS21}	TAAAAGCAAG	CATGTTGAAG	TCAAAATGGT	GAATGAAAAT	GGAGACATGC
msa235280.2{195_2603}	TAAAAGCAAG	CATGTTGAAG	TCAAAATGGT	GAATGAAAAT	GGAGACATGC
msa235280.2{195_A909}	TAAAAGCAAG	CATGTTGAAG	TCAAAATGGT	GAATGAAAAT	GGAGACATGC
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa235280.2{195_COH1}	TAGGAACCCC	TGTTATTATT	CAAGGTAAAG	ACTTGACTAA	TCGAACAAAA
msa235280.2{195_M732}	TAGGAACCCC	TGTTATTATT	CAAGGTAAAG	ACTTGACTAA	TCGAACAAAA
msa235280.2{195_M781}	TAGGAACCCC	TGTTATTATT	CAAGGTAAAG	ACTTGACTAA	TCGAACAAAA
msa235280.2{195_H36B}	TAGGAACCCC	TGTTATTATT	CAAGGTAAAG	ACTTGACTAA	TCGAACAAAA
msa235280.2{195_JM9130013}	TAGGAACCCC	TGTTATTATT	CAAGGTAAAG	ACTTGACTAA	TCGAACAAAA
msa235280.2{195_18RS21}	TAGGAACCCC	TGTTATTATT	CAAGGTAAAG	ACTTGACTAA	TCGAACAAAA
msa235280.2{195_2603}	TAGGAACCCC	TGTTATTATT	CAAGGTAAAG	ACTTGACTAA	TCGAACAAAA
msa235280.2{195_A909}	TAGGAACCCC	TGTTATTATT	CAAGGTAAAG	ACTTGACTAA	TCGAACAAAA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa235280.2{195_COH1}	CCATTAAATGA	GTGGACGTAG	AGTACTTTAT	GCCGGTAAAC	AATATGAGTT
msa235280.2{195_M732}	CCATTAAATGA	GTGGACGTAG	AGTACTTTAT	GCCGGTAAAC	AATATGAGTT
msa235280.2{195_M781}	CCATTAAATGA	GTGGACGTAG	AGTACTTTAT	GCCGGTAAAC	AATATGAGTT
msa235280.2{195_H36B}	CCATTAAATGA	GTGGACGTAG	AGTACTTTAT	GCCGGTAAAC	AATATGAGTT
msa235280.2{195_JM9130013}	CCATTAAATGA	GTGGACGTAG	AGTACTTTAT	GCCGGTAAAC	AATATGAGTT
msa235280.2{195_18RS21}	CCATTAAATGA	GTGGACGTAG	AGTACTTTAT	GCCGGTAAAC	AATATGAGTT
msa235280.2{195_2603}	CCATTAAATGA	GTGGACGTAG	AGTACTTTAT	GCCGGTAAAC	AATATGAGTT
msa235280.2{195_A909}	CCATTAAATGA	GTGGACGTAG	AGTACTTTAT	GCCGGTAAAC	AATATGAGTT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa235280.2{195_COH1}	CCGGGCTAAA	TTACCACTTA	GTCGTTTAA	CACITGGATT	AGGGTTGAAG
msa235280.2{195_M732}	CCGGGCTAAA	TTACCACTTA	GTCGTTTAA	CACITGGATT	AGGGTTGAAG
msa235280.2{195_M781}	CCGGGCTAAA	TTACCACTTA	GTCGTTTAA	CACITGGATT	AGGGTTGAAG
msa235280.2{195_H36B}	CCGGGCTAAA	TTACCACTTA	GTCGTTTAA	CACITGGATT	AGGGTTGAAG
msa235280.2{195_JM9130013}	CCGGGCTAAA	TTACCACTTA	GTCGTTTAA	CACITGGATT	AGGGTTGAAG
msa235280.2{195_18RS21}	CCGGGCTAAA	TTACCACTTA	GTCGTTTAA	CACITGGATT	AGGGTTGAAG
msa235280.2{195_2603}	CCGGGCTAAA	TTACCACTTA	GTCGTTTAA	CACITGGATT	AGGGTTGAAG
msa235280.2{195_A909}	CCGGGCTAAA	TTACCACTTA	GTCGTTTAA	CACITGGATT	AGGGTTGAAG
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa235280.2{195_COH1}	TGGTAACAGA	AGCAGGAGAG	AAAGCAAGTA	TTGTTCTGTCG	CATGTTCTTT
msa235280.2{195_M732}	TGGTAACAGA	AGCAGGAGAG	AAAGCAAGTA	TTGTTCTGTCG	CATGTTCTTT
msa235280.2{195_M781}	TGGTAACAGA	AGCAGGAGAG	AAAGCAAGTA	TTGTTCTGTCG	CATGTTCTTT
msa235280.2{195_H36B}	TGGTAACAGA	AGCAGGAGAG	AAAGCAAGTA	TTGTTCTGTCG	CATGTTCTTT
msa235280.2{195_JM9130013}	TGGTAACAGA	AGCAGGAGAG	AAAGCAAGTA	TTGTTCTGTCG	CATGTTCTTT
msa235280.2{195_18RS21}	TGGTAACAGA	AGCAGGAGAG	AAAGCAAGTA	TTGTTCTGTCG	CATGTTCTTT
msa235280.2{195_2603}	TGGTAACAGA	AGCAGGAGAG	AAAGCAAGTA	TTGTTCTGTCG	CATGTTCTTT
msa235280.2{195_A909}	TGGTAACAGA	AGCAGGAGAG	AAAGCAAGTA	TTGTTCTGTCG	CATGTTCTTT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa235280.2{195_COH1}	GACCAATCAG	TTCCAGAGCT	TAACACAGCA	GTTGCTAAAC	GTGATTTGAC
msa235280.2{195_M732}	GACCAATCAG	TTCCAGAGCT	TAACACAGCA	GTTGCTAAAC	GTGATTTGAC
msa235280.2{195_M781}	GACCAATCAG	TTCCAGAGCT	TAACACAGCA	GTTGCTAAAC	GTGATTTGAC
msa235280.2{195_H36B}	GACCAATCAG	TTCCAGAGCT	TAACACAGCA	GTTGCTAAAC	GTGATTTGAC
msa235280.2{195_JM9130013}	GACCAATCAG	TTCCAGAGCT	TAACACAGCA	GTTGCTAAAC	GTGATTTGAC
msa235280.2{195_18RS21}	GACCAATCAG	TTCCAGAGCT	TAACACAGCA	GTTGCTAAAC	GTGATTTGAC
msa235280.2{195_2603}	GACCAATCAG	TTCCAGAGCT	TAACACAGCA	GTTGCTAAAC	GTGATTTGAC
msa235280.2{195_A909}	GACCAATCAG	TTCCAGAGCT	TAACACAGCA	GTTGCTAAAC	GTGATTTGAC
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa235280.2{195_COH1}	TTCTGATACT	GCTCTTATCC	ACATCGTTGC	CAAAGATGAC	TCTCTAAAAC
msa235280.2{195_M732}	TTCTGATACT	GCTCTTATCC	ACATCGTTGC	CAAAGATGAC	TCTCTAAAAC
msa235280.2{195_M781}	TTCTGATACT	GCTCTTATCC	ACATCGTTGC	CAAAGATGAC	TCTCTAAAAC
msa235280.2{195_H36B}	TTCTGATACT	GCTCTTATCC	ACATCGTTGC	CAAAGATGAC	TCTCTAAAAC
msa235280.2{195_JM9130013}	TTCTGATACT	GCTCTTATCC	ACATCGTTGC	CAAAGATGAC	TCTCTAAAAC
msa235280.2{195_18RS21}	TTCTGATACT	GCTCTTATCC	ACATCGTTGC	CAAAGATGAC	TCTCTAAAAC
msa235280.2{195_2603}	TTCTGATACT	GCTCTTATCC	ACATCGTTGC	CAAAGATGAC	TCTCTAAAAC

Table 51: Comparative Sequences relating to SAG0677

msa235280.2{195_A909}	TTCTGATACT	GCTCTTATCC	ACATCGTTCG	CAAAGATGAC	TCTCTAAAC		
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****		
msa235280.2{195_COH1}	2451	TAAAATTATA	TCAAGATGAT	TCATTACTTG	AATCTGTTGA	2500	TAAAACCGGT
msa235280.2{195_M732}	TAAAATTATA	TCAAGATGAT	TCATTACTTG	AATCTGTTGA	TAAAACCGGT	TAAAACCGGT	
msa235280.2{195_M781}	TAAAATTATA	TCAAGATGAT	TCATTACTTG	AATCTGTTGA	TAAAACCGGT	TAAAACCGGT	
msa235280.2{195_H36B}	TAAAATTATA	TCAAGATGAT	TCATTACTTG	AATCTGTTGA	TAAAACCGGT	TAAAACCGGT	
msa235280.2{195_JM9130013}	TAAAATTATA	TCAAGATGAT	TCATTACTTG	AATCTGTTGA	TAAAACCGGT	TAAAACCGGT	
msa235280.2{195_18RS21}	TAAAATTATA	TCAAGATGAT	TCATTACTTG	AATCTGTTGA	TAAAACCGGT	TAAAACCGGT	
msa235280.2{195_2603}	TAAAATTATA	TCAAGATGAT	TCATTACTTG	AATCTGTTGA	TAAAACCGGT	TAAAACCGGT	
msa235280.2{195_A909}	TAAAATTATA	TCAAGATGAT	TCATTACTTG	AATCTGTTGA	TAAAACCGGT	TAAAACCGGT	
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****	*****	
msa235280.2{195_COH1}	2501	CTTTATAGTT	TTAGAAATGG	TGTAGAAATC	ACTAAAGATA	2550	TGACAGTACC
msa235280.2{195_M732}	CTTTATAGTT	TTAGAAATGG	TGTAGAAATC	ACTAAAGATA	TGACAGTACC	TGACAGTACC	
msa235280.2{195_M781}	CTTTATAGTT	TTAGAAATGG	TGTAGAAATC	ACTAAAGATA	TGACAGTACC	TGACAGTACC	
msa235280.2{195_H36B}	CTTTATAGTT	TTAGAAATGG	TGTAGAAATC	ACTAAAGATA	TGACAGTACC	TGACAGTACC	
msa235280.2{195_JM9130013}	CTTTATAGTT	TTAGAAATGG	TGTAGAAATC	ACTAAAGATA	TGACAGTACC	TGACAGTACC	
msa235280.2{195_18RS21}	CTTTATAGTT	TTAGAAATGG	TGTAGAAATC	ACTAAAGATA	TGACAGTACC	TGACAGTACC	
msa235280.2{195_2603}	CTTTATAGTT	TTAGAAATGG	TGTAGAAATC	ACTAAAGATA	TGACAGTACC	TGACAGTACC	
msa235280.2{195_A909}	CTTTATAGTT	TTAGAAATGG	TGTAGAAATC	ACTAAAGATA	TGACAGTACC	TGACAGTACC	
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****	*****	
msa235280.2{195_COH1}	2551	ACTAGAATTT	GGAGATAATA	TTATTAAGTT	ATCTGCTGTT	2600	GACTTATCAA
msa235280.2{195_M732}	ACTAGAATTT	GGAGATAATA	TTATTAAGTT	ATCTGCTGTT	GACTTATCAA	GACTTATCAA	
msa235280.2{195_M781}	ACTAGAATTT	GGAGATAATA	TTATTAAGTT	ATCTGCTGTT	GACTTATCAA	GACTTATCAA	
msa235280.2{195_H36B}	ACTAGAATTT	GGAGATAATA	TTATTAAGTT	ATCTGCTGTT	GACTTATCAA	GACTTATCAA	
msa235280.2{195_JM9130013}	ACTAGAATTT	GGAGATAATA	TTATTAAGTT	ATCTGCTGTT	GACTTATCAA	GACTTATCAA	
msa235280.2{195_18RS21}	ACTAGAATTT	GGAGATAATA	TTATTAAGTT	ATCTGCTGTT	GACTTATCAA	GACTTATCAA	
msa235280.2{195_2603}	ACTAGAATTT	GGAGATAATA	TTATTAAGTT	ATCTGCTGTT	GACTTATCAA	GACTTATCAA	
msa235280.2{195_A909}	ACTAGAATTT	GGAGATAATA	TTATTAAGTT	ATCTGCTGTT	GACTTATCAA	GACTTATCAA	
Consensus	*****	*****	***-*****	*****	*****	*****	
msa235280.2{195_COH1}	2601	ATTATCGTCG	TAATGAGACC	CTTCATATCT	ATAGAAACCG	2650	TTTTGATGTT
msa235280.2{195_M732}	ATTATCGTCG	TAATGAGACC	CTTCATATCT	ATAGAAACCG	TTTTGATGTT	TTTTGATGTT	
msa235280.2{195_M781}	ATTATCGTCG	TAATGAGACC	CTTCATATCT	ATAGAAACCG	TTTTGATGTT	TTTTGATGTT	
msa235280.2{195_H36B}	ATTATCGTCG	TAATGAGACC	CTTCATATCT	ATAGAAACCG	TTTTGATGTT	TTTTGATGTT	
msa235280.2{195_JM9130013}	ATTATCGTCG	TAATGAGACC	CTTCATATCT	ATAGAAACCG	TTTTGATGTT	TTTTGATGTT	
msa235280.2{195_18RS21}	ATTATCGTCG	TAATGAGACC	CTTCATATCT	ATAGAAACCG	TTTTGATGTT	TTTTGATGTT	
msa235280.2{195_2603}	ATTATCGTCG	TAATGAGACC	CTTCATATCT	ATAGAAACCG	TTTTGATGTT	TTTTGATGTT	
msa235280.2{195_A909}	ATTATCGTCG	TAATGAGACC	CTTCATATCT	ATAGAAACCG	TTTTGATGTT	TTTTGATGTT	
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****	*****	
msa235280.2{195_COH1}	2651	AAAGCAAGCC	AAATGACAGC	TGACAAAGGA	GCTAAAGTAA	2700	CTGTGGATAT
msa235280.2{195_M732}	AAAGCAAGCC	AAATGACAGC	TGACAAAGGA	GCTAAAGTAA	CTGTGGATAT	CTGTGGATAT	
msa235280.2{195_M781}	AAAGCAAGCC	AAATGACAGC	TGACAAAGGA	GCTAAAGTAA	CTGTGGATAT	CTGTGGATAT	
msa235280.2{195_H36B}	AAAGCAAGCC	AAATGACAGC	TGACAAAGGA	GCTAAAGTAA	CTGTGGATAT	CTGTGGATAT	
msa235280.2{195_JM9130013}	AAAGCAAGCC	AAATGACAGC	TGACAAAGGA	GCTAAAGTAA	CTGTGGATAT	CTGTGGATAT	
msa235280.2{195_18RS21}	AAAGCAAGCC	AAATGACAGC	TGACAAAGGA	GCTAAAGTAA	CTGTGGATAT	CTGTGGATAT	
msa235280.2{195_2603}	AAAGCAAGCC	AAATGACAGC	TGACAAAGGA	GCTAAAGTAA	CTGTGGATAT	CTGTGGATAT	
msa235280.2{195_A909}	AAAGCAAGCC	AAATGACAGC	TGACAAAGGA	GCTAAAGTAA	CTGTGGATAT	CTGTGGATAT	
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****	*****	
msa235280.2{195_COH1}	2701	GTTGATGAAG	CACCTTAGTTG	TTCCAGAAAT	GGCAGGAGCT	2750	TATACATTAA
msa235280.2{195_M732}	GTTGATGAAG	CACCTTAGTTG	TTCCAGAAAT	GGCAGGAGCT	TATACATTAA	TATACATTAA	
msa235280.2{195_M781}	GTTGATGAAG	CACCTTAGTTG	TTCCAGAAAT	GGCAGGAGCT	TATACATTAA	TATACATTAA	
msa235280.2{195_H36B}	GTTGATGAAG	CACCTTAGTTG	TTCCAGAAAT	GGCAGGAGCT	TATACATTAA	TATACATTAA	
msa235280.2{195_JM9130013}	GTTGATGAAG	CACCTTAGTTG	TTCCAGAAAT	GGCAGGAGCT	TATACATTAA	TATACATTAA	
msa235280.2{195_18RS21}	GTTGATGAAG	CACCTTAGTTG	TTCCAGAAAT	GGCAGGAGCT	TATACATTAA	TATACATTAA	
msa235280.2{195_2603}	GTTGATGAAG	CACCTTAGTTG	TTCCAGAAAT	GGCAGGAGCT	TATACATTAA	TATACATTAA	
msa235280.2{195_A909}	GTTGATGAAG	CACCTTAGTTG	TTCCAGAAAT	GGCAGGAGCT	TATACATTAA	TATACATTAA	
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****	*****	
msa235280.2{195_COH1}	2751	CAATCGACGA	AGCTCCAAAC	ACAAATGAAT	CAGGAATGTT	2800	AACAAACGCT
msa235280.2{195_M732}	CAATCGACGA	AGCTCCAAAC	ACAAATGAAT	CAGGAATGTT	AACAAACGCT	AACAAACGCT	
msa235280.2{195_M781}	CAATCGACGA	AGCTCCAAAC	ACAAATGAAT	CAGGAATGTT	AACAAACGCT	AACAAACGCT	
msa235280.2{195_H36B}	CAATCGACGA	AGCTCCAAAC	ACAAATGAAT	CAGGAATGTT	AACAAACGCT	AACAAACGCT	
msa235280.2{195_JM9130013}	CAATCGACGA	AGCTCCAAAC	ACAAATGAAT	CAGGAATGTT	AACAAACGCT	AACAAACGCT	
msa235280.2{195_18RS21}	CAATCGACGA	AGCTCCAAAC	ACAAATGAAT	CAGGAATGTT	AACAAACGCT	AACAAACGCT	
msa235280.2{195_2603}	CAATCGACGA	AGCTCCAAAC	ACAAATGAAT	CAGGAATGTT	AACAAACGCT	AACAAACGCT	
msa235280.2{195_A909}	CAATCGACGA	AGaTCCAAAC	ACAAATGAAT	CAGGAATGTT	AACAAACGCT	AACAAACGCT	
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****	*****	
msa235280.2{195_COH1}	2801	AAAGTATCGA	TTCATTATGT	AAATGGTGGT	GTTGATAAAG	2850	TTGATGTTCC
msa235280.2{195_M732}	AAAGTATCGA	TTCATTATGT	AAATGGTGGT	GTTGATAAAG	TTGATGTTCC	TTGATGTTCC	

Table 51: Comparative Sequences relating to SAG0677

msa235280.2{195_M781}	AAAGTATCGA	TTCATTATGT	AAATGGTGGT	GTTGATAAAG	TTGATGTTCC
msa235280.2{195_H36B}	AAAGTATCGA	TTCATTATGT	AAATGGTGGT	GTTGATAAAG	TTGATGTTCC
msa235280.2{195_JM9130013}	AAAGTATCGA	TTCATTATGT	AAATGGTGGT	GTTGATAAAG	TTGATGTTCC
msa235280.2{195_18RS21}	AAAGTATCGA	TTCATTATGT	AAATGGTGGT	GTTGATAAAG	TTGATGTTCC
msa235280.2{195_2603}	AAAGTATCGA	TTCATTATGT	AAATGGTGGT	GTTGATAAAG	TTGATGTTCC
msa235280.2{195_A909}	AAAGTATCGA	TTCATTATGT	AAATGGTGGT	GTTGATAAAG	TTGATGTTCC
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa235280.2{195_COH1}	GATTAAAGTA	GTTGACTTAG	AAGCTATTcg	taaagctgaa	gaagcacata
msa235280.2{195_M732}	GATTAAAGTA	GTTGACTTAG	AAGCTATTcg	taaagctgaa	gaagcacata
msa235280.2{195_M781}	GATTAAAGTA	GTTGACTTAG	AAGCTATTcg	taaagctgaa	gaagcacata
msa235280.2{195_H36B}	GATTAAAGTA	GTTGACTTAG	AAGCTATTcg	taaagctgaa	gaagcacata
msa235280.2{195_JM9130013}	GATTAAAGTA	GTTGACTTAG	AAGCTATTcg	taaagctgaa	gaagcacata
msa235280.2{195_18RS21}	GATTAAAGTA	GTTGACTTAG	AAGCTATT..	.....	.....
msa235280.2{195_2603}	GATTAAAGTA	GTTGACTTAG	AAGCTATT..	.....	.....
msa235280.2{195_A909}	GATTAAAGTA	GTTGACTTAG	AAGCTATTcg	taaagctgaa	gaagcacata
Consensus	*****	*****	*****	-----	-----
msa235280.2{195_COH1}	aagctgacga	agcacgtaaa	gctgaagaag	caCGTAAAGC	TGAaGAAGCA
msa235280.2{195_M732}	aagctgacga	agcacgtaaa	gctgaagaag	caCGTAAAGC	TGAaGAAGCA
msa235280.2{195_M781}	aagctgacga	agcacgtaaa	gctgaagaag	caCGTAAAGC	TGAaGAAGCA
msa235280.2{195_H36B}	aagctgacga	agcacgtaaa	gctgaagaag	caCGTAAAGC	TGAaGAAGCA
msa235280.2{195_JM9130013}	aagctgacga	agcacgtaaa	gctgaagaag	caCGTAAAGC	TGAaGAAGCA
msa235280.2{195_18RS21}	.....	.....	.....	..CGTAAAGC	TGAaGAAGCA
msa235280.2{195_2603}	.....	.....	.....	caCGTAAAGC	TGAaGAAGCA
msa235280.2{195_A909}	aagctgacga	agcacgtaaa	gctgaagaag	caCGTAAAGC	TGAaGAAGCA
Consensus	-----	-----	-----	*****	*****
msa235280.2{195_COH1}	CaTAAAGCTG	AAGAAGtAcg	taaagctgaa	gaagcacata	aagtcgaaga
msa235280.2{195_M732}	CaTAAAGCTG	AAGAAGtAcg	taaagctgaa	gaagcacata	aagtcgaaga
msa235280.2{195_M781}	CaTAAAGCTG	AAGAAGtAcg	taaagctgaa	gaagcacata	aagtcgaaga
msa235280.2{195_H36B}	CaTAAAGCTG	AAGAAGtAcg	taaagctgaa	gaagcacata	aagtcgaaga
msa235280.2{195_JM9130013}	CaTAAAGCTG	AAGAAGtAcg	taaagctgaa	gaagcacata	aagtcgaaga
msa235280.2{195_18RS21}	CgTAAAGCTG	AAGAAGcA..	.....	.....	.....
msa235280.2{195_2603}	CgTAAAGCTG	AAGAAGcA..	.....	.....	.....
msa235280.2{195_A909}	CgTAAAGCTG	AAGAAGcA..	.....	.....	.....
Consensus	*****	*****	-----	-----	-----
msa235280.2{195_COH1}	agca.CGTAA	AGCTGAAGAG	GGACATAAAA	CCCAAGAAGC	ACCTATAGTT
msa235280.2{195_M732}	agca.CGTAA	AGCTGAAGAG	GGACATAAAA	CCCAAGAAGC	ACCTATAGTT
msa235280.2{195_M781}	agcacCGTAA	AGCTGAAGAG	GGACATAAAA	CCCAAGAAGC	ACCTATAGTT
msa235280.2{195_H36B}	agca.CGTAA	AGCTGAAGAG	GGACATAAAA	CCCAAGAAGC	ACCTATAGTT
msa235280.2{195_JM9130013}	agcacCGTAA	AGCTGAAGAG	GGACATAAAA	CCCAAGAAGC	ACCTATAGTT
msa235280.2{195_18RS21}	....CGTAA	AGCTGAAGAG	GGACATAAAA	CCCAAGAAGC	ACCTATAGTT
msa235280.2{195_2603}	....CGTAA	AGCTGAAGAG	GGACATAAAA	CCCAAGAAGC	ACCTATAGTT
msa235280.2{195_A909}	....CGTAA	AGCTGAAGAG	GGACATAAAA	CCCAAGAAGC	ACCTATAGTT
Consensus	-----	*****	*****	*****	*****
msa235280.2{195_COH1}	GAAGAAGGCT	ACAAaGTTAA	TAACGTTTCAT	CAAACGTGATA	CTACAGTTAA
msa235280.2{195_M732}	GAAGAAGGCT	ACAAaGTTAA	TAACGTTTCAT	CAAACGTGATA	CTACAGTTAA
msa235280.2{195_M781}	GAAGAAGGCT	ACAAaGTTAA	TAACGTTTCAT	CAAACGTGATA	CTACAGTTAA
msa235280.2{195_H36B}	GAAGAAGGCT	ACAAGGTTAA	TAACGTTTCAT	CAAACGTGATA	CTACAGTTAA
msa235280.2{195_JM9130013}	GAAGAAGGCT	ACAAGGTTAA	TAACGTTTCAT	CAAACGTGATA	CTACAGTTAA
msa235280.2{195_18RS21}	GAAGAAGGCT	ACAAGGTTAA	TAACGTTTCAT	CAAACGTGATA	CTACAGTTAA
msa235280.2{195_2603}	GAAGAAGGCT	ACAAGGTTAA	TAACGTTTCAT	CAAACGTGATA	CTACAGTTAA
msa235280.2{195_A909}	GAAGAAGGCT	ACAAGGTTAA	TAACGTTTCAT	CAAACGTGATA	CTACAGTTAA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa235280.2{195_COH1}	AGCGTCTGAT	TTACCAAAGA	CTAAGACAGT	TTCCGCAGTT	CATATGGCTA
msa235280.2{195_M732}	AGCGTCTGAT	TTACCAAAGA	CTAAGACAGT	TTCCGCAGTT	CATATGGCTA
msa235280.2{195_M781}	AGCGTCTGAT	TTACCAAAGA	CTAAGACAGT	TTCCGCAGTT	CATATGGCTA
msa235280.2{195_H36B}	AGCGTCTGAT	TTACCAAAGA	CTAAGACAGT	TTCCGCAGTT	CATATGGCTA
msa235280.2{195_JM9130013}	AGCGTCTGAT	TTACCAAAGA	CTAAGACAGT	TTCCGCAGTT	CATATGGCTA
msa235280.2{195_18RS21}	AGCGTCTGAT	TTACCAAAGA	CTAAGACAGT	TTCCGCAGTT	CATATGGCTA
msa235280.2{195_2603}	AGCGTCTGAT	TTACCAAAGA	CTAAGACAGT	TTCCGCAGTT	CATATGGCTA
msa235280.2{195_A909}	AGCGTCTGAT	TTACCAAAGA	CTAAGACAGT	TTCCGCAGTT	CATATGGCTA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa235280.2{195_COH1}	GAACAGACAA	TAAACAGATA	ACTTCACATC	AGACACATGt	-----
msa235280.2{195_M732}	GAACAGACAA	TAAACAGATA	ACTTCACATC	AGACACATGt	TGAAAA--
msa235280.2{195_M781}	GAACAGACAA	TAAACAGATA	ACTTCACATC	AGACACATGt	TG-----
msa235280.2{195_H36B}	GAACAGACAA	TAAACAGATA	ACTTCACATC	AGACACATG-	-----
msa235280.2{195_JM9130013}	GAACAGACAA	TAAACAGATA	ACTTCACATC	AGACACATGt	TG-----
msa235280.2{195_18RS21}	GAACAGACAA	TAAACAGATA	ACTTCACATC	AGACACATGt	TGAA-----
msa235280.2{195_2603}	GAACAGACAA	TAAACAGATA	ACTTCACATC	AGACACATGt	TGAAAAACAA
msa235280.2{195_A909}	GAACAGACAA	TAAACAGATA	ACTTCACATC	AGACACATGt	TGAAAAACAA

**Table 51: Comparative Sequences relating to SAG0677**

Consensus		*****	*****	*****	*****	*****
		3201				3250
msa235280.2	{195_COH1}	-----	-----	-----	-----	-----
msa235280.2	{195_M732}	-----	-----	-----	-----	-----
msa235280.2	{195_M781}	-----	-----	-----	-----	-----
msa235280.2	{195_H36B}	-----	-----	-----	-----	-----
msa235280.2	{195_JM9130013}	-----	-----	-----	-----	-----
msa235280.2	{195_18RS21}	-----	-----	-----	-----	-----
msa235280.2	{195_2603}	ATTAAAAATA	cattgccatc	cactggtgac	agcaaacgtg	gttattatat
msa235280.2	{195_A909}	ATTAAAAATA				
Consensus		*****	*****	*****	*****	*****
		3251				3300
msa235280.2	{195_COH1}	-----	-----	-----	-----	-----
msa235280.2	{195_M732}	-----	-----	-----	-----	-----
msa235280.2	{195_M781}	-----	-----	-----	-----	-----
msa235280.2	{195_H36B}	-----	-----	-----	-----	-----
msa235280.2	{195_JM9130013}	-----	-----	-----	-----	-----
msa235280.2	{195_18RS21}	-----	-----	-----	-----	-----
msa235280.2	{195_2603}	cactggaatg	gctatcggtta	tgcgtgagtgt	attatttagt	ttagctaaaa
msa235280.2	{195_A909}	-----	-----	-----	-----	-----
Consensus		*****	*****	*****	*****	*****
		3301	3317			
msa235280.2	{195_COH1}	-----	-----			
msa235280.2	{195_M732}	-----	-----			
msa235280.2	{195_M781}	-----	-----			
msa235280.2	{195_H36B}	-----	-----			
msa235280.2	{195_JM9130013}	-----	-----			
msa235280.2	{195_18RS21}	-----	-----			
msa235280.2	{195_2603}	agtttaaaag	caaatat			
msa235280.2	{195_A909}	-----	-----			
Consensus		*****	*****			

SEQ ID NO. 5110

STRAIN 2603 frame: 1

LNNKGVGGDGVQVQIYQYYIKMDNNKPYLSPKDKITTVEKLEDRWKKITFKVQDQTGILGKDVY  
 LQSVKQVGGGNNNNLDLITPPGFKDKDKVKEPKLRDPGGLIDLPAPTSMSRFDYSTPPGKT  
 PSKPQDSLSTPPGFPDLNTPDEAPKDSKGOAIEDSKSAIKYAKSLQSLFVDPGDIPLASKV  
 NGKILQVESDGLKVLPRNALSANQFQDTSLSKIRYNNRNKNKITITTDYFADPTKYVNTAV  
 DYLNTPEQLATGETVDYHAIVFSSPFAAIKDKGKQIYVNDKIQETSRLALDKDSVKIGI  
 ELPNDVRHIDSLSVRLNEVKITVDMLINKDEQDILNSKTYQLKYNPTNRRLFEPTINNIS  
 SSEIMTITFKDGKMPLEVEQDQVSLDINDMDSKFKTIRLGRKDSFEFGKQILAKTGTVELD  
 MFFKQSQDPASIIKKIYILQNGVPNELKKFDSFSGLTESQIDGYYIYKDAINLKFKLTSG  
 ASLKWVYKQGEDPYSHQKEDMTKGBGLSHSTQANENTAKVTFANIDWSHYSHVPTVNGKE  
 VVGKSELPLTKGWTTFVLHKTENSNLVKSLIMETGVSXKQQLPLSPRLSNKHKMRDML  
 LTMQKPSAAYSETSDSLVRLINLTADTLKNFASVKGASALTENMMHRQFVAVAGQDPVSE  
 HXQPSVFLTLPALETASEATLNGEKITAGIIGHIKDGRSKHBVVMVNNENGMDLGT  
 VI IQGQDLNMRTPQLMSGRVLYAGKQYHFEFRALKPLSRFNTVIRBVBVTEAGKAEI VRR  
 MFFDQSVPELNTAVAKRDLSDTALIHIVAKDDSLKLKLQDSDLSLLESVDKTLGYSFRNG  
 VEITKDMTVPLEPGDNI IKLSAVDSLNYRRNETLHIIYRNRFPVKASQMTADGKAQVTVDM  
 LMKHLVVPPEMAGAYTLTIDRAPENTNESGMLTNAKVSITHYVNGQVQKVDVP I KVVLDLEAI R  
 KAEABRKAEBARAKAEARKAEBGHTQEAPIVEBGYIVNNVNHQTDITVKASDLPKTKT  
 AVHMARTDNQKQITSHQTHVEKQIKNTLPSFTGDSKRGYYITGMAIVMLSVLFSLAKFKSK  
 Y

SEQ ID NO. 5111

STRAIN A909 frame: 1

LNNKVGVDGGDVQIYQYII KMDDNNKXELPSKOKITVEKLEDNRWKKITFKVQDZITGLKDVY  
LQSVKYVGGGNLDDLLTPPGFKPKEDKVEKPKLRDPFGIDLPPTTSMRFSDFSTPGTK  
PSKPKDSSLSTPPGFPDLNTPPDEALKDSSKKDAIEDKSKCAIKYAKSLQLSFVDDPI LASKV  
NGKILQVESDGGKLVIPRNALSANQFPDTSLKIRYNNNRNNKITITTYDFADTKVYNTAV  
DYLNTTPEQLATGETVDYHAIFVSSFAAK KDGGKII YYNDKLOQTSRIALRDKSKVIGI  
ELPNDVRHIDLSLVSRLRNEVQTDVNLKDNDEQDILNSKTYQLKYNPTNRRLEFT INNNS  
SSEIMTTFKDGKMPLEVEQDKVSLD INDMDSMKFKTIRLGRKDSFEPGKQIJAKTGTVELD  
MFFKQSDPDAI I KKI YLI QNGVPNELLKFGDSFGLTSGIDGYYIYKDAINLKFPLTSG  
ASLKVVYKQOEDPYSHQKEDMTKGEOLSHSTQANTAKVTANIDWHSYKSVTVNGKE  
VGKSGELPLTKGWTIVFLHKITENSILVSKLSIMETGVSVKVKVQLPSLRSKJHMRMLD  
LTMQKDSAYITVESDSLVRLINLTADTLKFNAXVAGSALATENNMRQPSAVAGPDQDPVE  
HKYPSVFLPTPALLETASBATLNGKITTAISOIGHIKDGDGSKGHVEMVWTEANGKMLGTR  
VI IQGKOLLNTRTKPLMSGRRVLVYAGKQYEFRAKLPLSRFTWIVREVTVEANGKASIVRR  
MFFDQSVBELNTAVAKRDLTSDTALHIVAKDSSKLKLYQDSSLSESDVKLTGLYSFRNG  
VETIKDMPTELPEDGNI I KLSAVLNSYRNRNLTALHIIYRNRDPVKASOKMTADKAGKVPVDM  
LMKHLVVPPEMAGAYTLTIDEDPTNBSGMLTNAKVISIYVNGVGQDKVDVPIKVVDLEAIR  
KABEABKADBEARKABEARKABEARKABEARKABEAGHKTQBP IVEBGYKVMNVHQTDTTV  
KASDLPKTKIVSAVHMARTONKOITSHOTHEVKOIKN

SEQ ID NO. 5112

STRAIN H36B frame: 2

GVQIYQYYIKMDNNKPYLSPDKITVEKLEDRWKKITFKVQDTGIGLKDVYLQSVKYVGG  
GNNNLDLITPPGFKKEDKKVEKPKLDRPPGIDLPAPTSMRSFDYSTPPGTPKSPKDSLS  
TPPGFPDLNTPPDALKDSKIDAEKSGAIKYAKSLQSFVDDPILASKVNGKILOVES

**Table 51: Comparative Sequences relating to SAG0677**

DGKGLVIPRNALSNQCFDDTSLKIRYNNNRNKEITITTDYFADKTCVNIITAVDYLNSNTTFE  
QLATQETVDYHIAVSSFAALIKDKGGKIIYVNDKLQETSRIALDKDSVKIGIELPNDVRHI  
DLSVRRILNEKTVTDNLIKNDQBDINLSKTYQLKYNPNRREFTINNINSSESIIMTTFK  
DGKMPLEVBQKQVSLDINDMDSKFLTRILRGDKSEFQKLTAKTQETVELMDFFKQSQDP  
ASIIKKIYLIQNGVPNELKCFDDSPFLTESQIDGYYIKDAILNFKPLTSGASLKVVKYG  
QEDPYSHQKEDMTTKKGELSHSTQANENTAKVTFAINDWSHYSKVTYVNGKBGKGSELPL  
TKGWITTFVHLKHTENSNLVKSLSHMTQENSGKQVLPFLSPRLSKNKHMRDMLLTQKQDSAY  
YETSDSLVLRINLTADTKLNFNAVKGASALTENMMMRQFVAVAGQDDPFVSEHKYPSVFLI  
TPALLETASEATENGKIKITASIGIHIGDKDGSFKHVEYKVMVNNENMDGLTTPVIIOGKDLT  
NRTKPLMSGRRLVYKQGYEFRAKPLPSRFNTIRVEVUTEAGEAKSIVRRMPFDQSPVE  
LNTAVAKRDLTSDTALIHIVAKDDSLKLQLYQDSSLSESVDTKGLYSFRNGVETITKMTV  
PLEFGDNIKTLASVDLSNYSRNETLHIIYRNRFDVKASQMTADKGAKVTYVDMILMKHLVPE  
MAGAYTLTIDEAPNTLNSRGMILTNAKVISHYVNGGVDKVDVPIIKVVDLEAIRKABEAHKAD  
EARKAEARKADRAHKAEVRKAEBAHKVEARKAEBGHKTQEAPEYEBGYKVNNVHQT  
TVKASDLPKTKTKSVAHMARTDNQKIQTSHQTH

SEQ ID NO. 5113

STRAIN 18RS21 frame: 1

LNANKVGCGDVQVJYQYYIKMDNNKPYFLSPDKTKTVEKLEDRWKKITPKVQDGTGILKLDVY  
LQSVKYGVGCGNNLMDLITPPGCFKDEKIKVEKPLDRPPGIDLPAPTSMSRFSFVTPPGTK  
PSKPKDSSLTPPGFPLDNTFPDEAPKDSKKDAIEDKSGAIKYAKSLQLFSVDDPIASKV  
NGKIKLQVESDGLKVIIPRNALSANQFDDTSLKIRYNNRNNEKITTTTDFVADTKYVNIITAV  
DYSLNTFPBQLTAGETVDYHAI VSSFAAIIKDKGGIKYVNDKQITTSRDLAKDKSVKIGI  
ELPNDVRHITDLSVRLNEKVTVDNIDLNDEODINLSKTYQLKYNPNTRRLEPTINNINS  
SSEIINTFKDGRMPELVQDVSLDINDMDMSKFKTIRLGRKDSFEGKQIARTGTVELD  
MFFKGQSDPASI IKKILYIQGVNPELKKFDSFBSFGLTESQIDGYYIKYDAINLKFKLTSG  
ASLKVVYKQOEDPYSHQKEDMTKKEGQLSHSTQANENTAKTVFNINDWSHYSKVTANGKE  
VVKGSBLPTTKGWTTFVLHKITENSLNVKSLIMETGVSXKKVQQLPSPLRSKNGHMRMDL  
LTMQKDSAYYTESDSLVRNINLTADTKLNFNAVKGASALNTENMMRQLSPFAVQODDPVSE  
HKYPSVFLITPALELTASEATLNGKIKTAGSII GHI IKDGGSKSHVEKVMNENGNDMLGPT  
VI IQGGLDINTRTKPLMSGRRVLYAGKQYEFRAKLP LRSFNWTIRVEVUTEAGEAKSTVRR  
MFFDQSVPELNTAVAKRDLTSDALIHIAVKDDSLKLLKYQDSSLLESVDKTLGLYSFRNG  
VBIITKMDTVPLEFGDNI IKL SAVDSLNNRYRNETLHIYRNRGDFVKASQDNTAKGAKVTDM  
LMKHLVPEMGAAGYTLTIDKSAVNTNESGMLTNAKVISIYNNVGVQKVDVP I KVVDLBAIR  
KAEAEARKAEARKAEABEGHKTQEAPI VEEGYKVNNVHQTDTTVKASDLPKTKTSAVHMAR  
TDNKKITSHQTHVE

**SEQ ID NO. 5114**

STRAIN M732 frame: 1

[illegible]

SEQ ID NO. 5115

STRAIN COH1 frame: 1

LNNGKVGUGDGVQVQIYQYIKKPDNNPKPKVSPKDKITVKEKLEDRWKKITFKVQDQITGLKQDVY  
LQSVKQYVGGGNNMLNDLITPBGFKIEDKIVKEPKLDRPGDILDAPTSMRSDYSTPGTK  
PSKPKDLSLTTPGPFDPDLNTPPDEATKG..KRRY.R.IRSN.IC.VSST.LC..PYFS.QS  
KQWNTISRL.WQISHS.KCFVS.PI..H.S.NLS..SQ..RNYHNRLPCRYKICQYHSG  
.LFEQYYP.AISYW.NSRLPCHCIPKLCY.RGW.DLC.R.IARNFSYA.R.IC.DWY  
.ITK.CQTY.FTCSFPG.G.NC..YLEK..TRH.SQONLPKIQPDKSSRVVY..H.L  
KFRNHDHFQRKWARDIK.TKRCFPGYKRGYH.V.NYSTWTGFI.I.GTTYCNWNS.IR  
YVFQITSRPSFNY.KNIPFYWCWSK.IEIKI.L.FWPN.KSDRWLXL.RCN.P.I.INQW  
KCS.SCL.RARRSI.SSERRYD.KR.TAQSFNSQ.KYSKNLVC.Y.LVTL.GYCEWKR  
SW.R..VTFN.RMDCNIT.NRKPIKC.KFYDYGDC.CK.ESSTSFKS.II.K.AYEBYA  
TYIAKRFPSVLRNK.QSPSSN.SHCRT.Y.P.CC.RSECY.KYDDTEVCSCWTR.SC..  
T.IPISISILNSCLIGNC..GNSKW.GNHSIYYWRSHQGW..KOAC.SONGE.KWRHARNP  
CYYSR.RLD.SNKTINBWT.STLCR.TI.VPG.ITT.SF.HLD.G.SGNRSRRESCYCS  
HVL.PISSRA.HSSC.T.FDF.YCSPYHRCOR.LSKTIISR.FIT.IC..NRSL.P.KW  
CRNH.RYDSTTRWR.YY.VTIC.LIKLSS..DPYSL.KPF.C.SKPND.QRS.SNGCY  
VDEALSCYNSGRSLYNNRRSSKIK.IRNVNKR.SIDSLCKWNC..S.CSD.SS.LRYSY  
.S.RST.S.RST.S.RST.S.RST.S.RST.S.RST.SRST.S.RGT.NPRSTYS.RRL  
QS..RSSN.YYS.SV.FTKD.DSFRSSYG.NRQ.TDNFTSDTC

SEO ID NO. 5116

STRAIN M781 frame: 1

LNKKYGVGGDGVQIQYYIKMDNNKPYLSPKDKTTVEKLEDRWKKITFKVQDTGIGLKDVY  
LSVKYVGGGNNNLDLITPPGFKKEDKKVEKPKLDRPPGIDLPAPTSMRSFDYSTPPGTK

**Table 51: Comparative Sequences relating to SAG0677**

PSKP KDSLSTPPGFFDLNTNPDEATKG . KRRY.R. IRSN. IC.VSST.LC. PYFS.QS  
KWQNTSRI. WQISHS. KCFVS.SI. H. C. NLS.. SQ. RNYHNHRLFCRYKICQYHSG  
.LFEQYQYF. AISYW.NSRLPCHCIPKLCY. RGW. DL. R.IARNFYSYA.R. IC.DWY  
.ITK. CQTY. . FICSSPE.G.NC. . YLEK. .TRH.SQONLPKIQPDKSSRVVY. .H.L  
KFRNHDHFQRWKDARIG.TKRCFFGYKRYGHE.V.NYSTWTKGP.I.GITYCKNWNIS.I  
VYFOTISPSRPFNY.KNIPYKWCSC. IEKI. L. FWFN.KSDRWILYL.RCN.P. I.INQW  
CKS.SCL.RARRSI.SSERRDY.KR.TAQSFNSSQ.KYSKNLNC.Y.LVTL. .GYCEWKR  
SW.R. .VTPN.RMDCINIC.NRKF1K.CFDYDGG.CK.BSSTSPKS.I.I.K.AYEGYA  
TYAKRFSVLNRK.QSSPSN.SHCY.T.F.CC.RSECSY.KYDDETVCSWITR.SC..  
T.IPISILNLSLNGIC. .GNSWK.GNHSIYYRSHQG. .KQAC.SQNGE.KWRHARNP  
CYYSR.RLD.SNKINIEWT. STLCT. TI.VPG.ITF. ITF.HLD.G.SGNRSRRESKCYCS  
HVL.PISSRA.HSSC.T.FDF.YCSYPHRCOR.LSKTKIISR.FIT.IC. .NRSL.F.KW  
CRNH.RYDSTRIWR.YY.VICC.LIKLSS..DPSYL.KPF.C.SKPNDS.QRS.SNCGY  
VDEALSCSRNGRSLYINNRRSSKIC.IRNVNKR.SIDSLCKWVC. .S.CSD.SS.LRSYS  
.S.RST.S.RST.S.RST.S.RST.S.RST.S.RST.SRSTVTKLRDIPKPKHL.LKKA  
TKI.ITPIKILOLKRLIYORLROFFOFIWEOTINR.LIHRML

SBO ID NO. 5117

STRAIN JM9130013 frame: 2

GVQIYQYYIKQDANKPKVYLSPKDKTITVEKLEDWRKKITFKVQDQTIGLKDVLVLSQSVKYVGG  
GNNNLIDLITPPGPFKEKDKVEKPKLDRPPGIDILDRAPTSMSRFSFDSYTPPGTKPKSPKDSLS  
TPPGPPFDLITPPPEAPKDSKKVADIBDKSGAIGKYAKSLQSLFSDVDDLASVNGKGIQVES  
DGKLVPRNALSNSQFSDTSLKIRNNRNNKKEITITTDYFADTKYVINTAVDLSNTTPE  
QLATGETVDYHAIVSFSSFADIKDKGGKIJVNDLKQETSRIALKDKSVKGIQELPNDVRHI  
DLSVRRLENEVKTVDNLINKDEQDNLNLSKTYQLKYNPNRRLEFTINNINSSEIMTTFPK  
DKMPELVEQKQVSLDINDMDMSKFTIRLGRKDSFEFGKLIKACTGVELMDFFKQSDP  
ASIIKKIYLIQNGVPELNKPFQSSFGLTBSQIDGYVYKDAINLKFKPLSGASLKVYVKG  
QRDPYSHQKEDMTKQGEQLSHSTQANENTATPFTANIDWSHYSKTVNGKEGVKSGSELP  
TKGWTTFVLHKTENSLNVKSLIMETGSVSKVQVLPLSPRLSKQKQMDRHLHLMQKDSAY  
YETSDSLVLRLINTADTKLNFNAVKGASLTNNMMRQFVAVAGFQDVFSEHKTVPFVLL  
TPALLTASEATBENKGEITASGIIGHIKDGDKSKGHVEVKMVNENGMDLGTVPVLIQCKDLT  
NRTKPLMSGRRLVYAGKQYEFRAKLEPFRNTNIVREVVTAGEAKSIVRMRFFDQSPVE  
LNTAVAKRDLTSDALIIHIVAKDLSLKLKLQDDSLLSBVDKTLGLYSFRNGVEITKDMTV  
PLEFGDNIKLSAVDLSNRYNRLNETHIYRNRFDVKASQMDTPKADKVAETVDMILKHLVPEP  
MAGAYTLTIDENPTNMSGMLTAKVSIHYVNGVGDQVTDVTKVDLEATIRKAEBAHKD  
EARKAEBAKAEBAHKAEVRKAEBAHKVEEAP.S.RGT.NPRSTYS.RRLQG..RSSN.  
YYS.SV.FTKD.DSFRSSYG.NRO.TDNFTSDTC

```
PRETTY of: /biotmp/msa235427.2{*}    December 10, 2002 05:18  ..
```

```

1
50
msa235427.2{195_H36B} ~~~~~G VQIQYYIKM DNNKPYLSPK DKTTVEKLED RWKKITFKVQ
msa235427.2{195_JM9130013} ~~~~~G VQIQYYIKM DNNKPYLSPK DKTTVEKLED RWKKITFKVQ
msa235427.2{195_18RS21} LNNKGVGVDG VQIQYYIKM DNNKPYLSPK DKTTVEKLED RWKKITFKVQ
msa235427.2{195_2603} LNNKGVGVDG VQIQYYIKM DNNKPYLSPK DKTTVEKLED RWKKITFKVQ
msa235427.2{195_A909} LNNKGVGVDG VQIQYYIKM DNNKPYLSPK DKTTVEKLED RWKKITFKVQ
msa235427.2{195_COH1} LNNKGVGVDG VQIQYYIKM DNNKPYLSPK DKTTVEKLED RWKKITFKVQ
msa235427.2{195_M732} LNNKGVGVDG VQIQYYIKM DNNKPYLSPK DKTTVEKLED RWKKITFKVQ
msa235427.2{195_M781} LNNKGVGVDG VQIQYYIKM DNNKPYLSPK DKTTVEKLED RWKKITFKVQ
Consensus *****

```

	51	100
msa235427.2{195_H36B}	DTGIGLKDVY	LQSVKYVGGG NNNLDLITPP GFKKEDKKVE KPKLDRPPGI
msa235427.2{195_JM9130013}	DTGIGLKDVY	LQSVKYVGGG NNNLDLITPP GFKKEDKKVE KPKLDRPPGI
msa235427.2{195_18RS21}	DTGIGLKDVY	LQSVKYVGGG NNNLDLITPP GFKKEDKKVE KPKLDRPPGI
msa235427.2{195_2603}	DTGIGLKDVY	LQSVKYVGGG NNNLDLITPP GFKKEDKKVE KPKLDRPPGI
msa235427.2{195_A909}	DTGIGLKDVY	LQSVKYVGGG NNNLDLITPP GFKKEDKKVE KPKLDRPPGI
msa235427.2{195_COH1}	DTGIGLKDVY	LQSVKYVGGG NNNLDLITPP GFKKEDKKVE KPKLDRPPGI
msa235427.2{195_M732}	DTGIGLKDVY	LQSVKYVGGG NNNLDLITPP GFKKEDKKVE KPKLDRPPGI
msa235427.2{195_M781}	DTGIGLKDVY	LQSVKYVGGG NNNLDLITPP GFKKEDKKVE KPKLDRPPGI
Consensus	*****	*****

```

101                                     150
msa235427.2{195_H36B} DLpApTSMRS FDYSTPPGK PSKPKDLSLT PPGFFDLNTP PDEAlKdskK
msa235427.2{195_JM9130013} DLpApTSMRS FDYSTPPGK PSKPKDLSLT PPGFFDLNTP PDEApKdskK
msa235427.2{195_18RS21} DLpApTSMRS FDYSTPPGK PSKPKDLSLT PPGFFDLNTP PDEApKdskK
msa235427.2{195_2603} DLpApTSMRS FDYSTPPGK PSKPKDLSLT PPGFFDLNTP PDEApKdskK
msa235427.2{195_A909} DLpApTSMRS FDYSTPPGK PSKPKDLSLT PPGFFDLNTP PDEAlKdskK
msa235427.2{195_COH1} DLpApTSMRS FDYSTPPGK PSKPKDLSLT PPGFFDLNTP PDEAtKg. .K
msa235427.2{195_M732} DLpApTSMRS FDYSTPPGK PSKPKDLSLT PPGFFDLNTP PDEAtKg. .K
msa235427.2{195_M781} DLpApTSMRS FDYSTPPGK PSKPKDLSLT PPGFFDLNTP PDEAtKg. .K
Consensus *****

```

	151		200
msa235427.2{195_H36B}	daiedksgai	kyakslqlsf	vddPilaskv ngkilqvess gklviprnal
msa235427.2{195_JM9130013}	daiedksgai	kyakslqlsf	vddPilaskv ngkilqvess gklviprnal
msa235427.2{195_18RS21}	daiedksgai	kyakslqlsf	vddPilaskv ngkilqvess gklviprnal
msa235427.2{195_2603}	daiedksgai	kyakslqlsf	vddPilaskv ngkilqvess gklviprnal
msa235427.2{195_A909}	daiedksgai	kyakslqlsf	vddPilaskv ngkilqvess gklviprnal
msa235427.2{195_COH1}	rry.r.iren	.i.c.vest.l	c..Pyfs.qs kwgnitseri. wqishs.kcf
msa235427.2{195_M732}	rry.r.iren	.i.c.vest.l	c..Pyfs.qs kwgnitseri. wqishs.kcf
msa235427.2{195_M781}	rry.r.iren	.i.c.vest.l	c..Pyfs.qs kwgnitseri. wqishs.kcf
Consensus			

Table 51: Comparative Sequences relating to SAG0677

msa235427.2{195_H36B}	201	saagfddtsl	kiyrnnnrnk	eitittddyFa	dtKynvitav	dylsnttFeq	250
	msa235427.2{195_JM9130013}	saagfddtsl	kiyrnnnrnk	eitittddyFa	dtKynvitav	dylsnttFeq	
	msa235427.2{195_18RS21}	saagfddtsl	kiyrnnnrnk	eitittddyFa	dtKynvitav	dylsnttFeq	
	msa235427.2{195_2603}	saagfddtsl	kiyrnnnrnk	eitittddyFa	dtKynvitav	dylsnttFeq	
	msa235427.2{195_A909}	saagfddtsl	kiyrnnnrnk	eitittddyFa	dtKynvitav	dylsnttFeq	
	msa235427.2{195_COH1}	vs.si..h.s	.nls...sq.	rnyyhnrlFc	ryKicqyhag	.lfeqyyF.a	
	msa235427.2{195_M732}	vs.si..h.s	.nls...sq.	rnyyhnrlFc	ryKicqyhag	.lfeqyyF.a	
msa235427.2{195_M781}		vs.si..h.s	.nls...sq.	rnyyhnrlFc	ryKicqyhag	.lfeqyyF.a	
Consensus		-----	-----	-----*	-----*	-----*	
msa235427.2{195_H36B}	251	latgetvdyh	aivfssfaai	kdkGgkiyvn	dqlqetsria	lkdksvkigi	300
	msa235427.2{195_JM9130013}	latgetvdyh	aivfssfaai	kdkGgkiyvn	dqlqetsria	lkdksvkigi	
	msa235427.2{195_18RS21}	latgetvdyh	aivfssfaai	kdkGgkiyvn	dqlqetsria	lkdksvkigi	
	msa235427.2{195_2603}	latgetvdyh	aivfssfaai	kdkGgkiyvn	dqlqetsria	lkdksvkigi	
	msa235427.2{195_A909}	latgetvdyh	aivfssfaai	kdkGgkiyvn	dqlqetsria	lkdksvkigi	
	msa235427.2{195_COH1}	isyw.nsrllp	chcifklccy	.rqGw.dlc.	r.iarnfsys	a.r.ic.dwy	
	msa235427.2{195_M732}	isyw.nsrllp	chcifklccy	.rqGw.dlc.	r.iarnfsys	a.r.ic.dwy	
msa235427.2{195_M781}		isyw.nsrllp	chcifklccy	.rqGw.dlc.	r.iarnfsys	a.r.ic.dwy	
Consensus		-----	-----	-----*	-----*	-----*	
msa235427.2{195_H36B}	301	elpndvrhid	slsvrrlnev	ktvdnlknd	eqdinlskty	qlKynPtnrr	350
	msa235427.2{195_JM9130013}	elpndvrhid	slsvrrlnev	ktvdnlknd	eqdinlskty	qlKynPtnrr	
	msa235427.2{195_18RS21}	elpndvrhid	slsvrrlnev	ktvdnlknd	eqdinlskty	qlKynPtnrr	
	msa235427.2{195_2603}	elpndvrhid	slsvrrlnev	ktvdnlknd	eqdinlskty	qlKynPtnrr	
	msa235427.2{195_A909}	elpndvrhid	slsvrrlnev	ktvdnlknd	eqdinlskty	qlKynPtnrr	
	msa235427.2{195_COH1}	.itk.cqty.	.ficsse.g	.nc..yLek.	.trh.sqgnl	piKiqPdkss	
	msa235427.2{195_M732}	.itk.cqty.	.ficsse.g	.nc..yLek.	.trh.sqgnl	piKiqPdkss	
msa235427.2{195_M781}		.itk.cqty.	.ficsse.g	.nc..yLek.	.trh.sqgnl	piKiqPdkss	
Consensus		-----	-----	-----*	-----*	-----*	
msa235427.2{195_H36B}	351	leftinnins	sseimttFkd	gKmpelveqK	dvsldindmd	mskfktirlg	400
	msa235427.2{195_JM9130013}	leftinnins	sseimttFkd	gKmpelveqK	dvsldindmd	mskfktirlg	
	msa235427.2{195_18RS21}	leftinnins	sseimttFkd	gKmpelveqK	dvsldindmd	mskfktirlg	
	msa235427.2{195_2603}	leftinnins	sseimttFkd	gKmpelveqK	dvsldindmd	mskfktirlg	
	msa235427.2{195_A909}	leftinnins	sseimttFkd	gKmpelveqK	dvsldindmd	mskfktirlg	
	msa235427.2{195_COH1}	srvyv..h.l	kfrnhdhFqr	wKdarig.tK	rcffgykryg	he.v.nystw	
	msa235427.2{195_M732}	srvyv..h.l	kfrnhdhFqr	wKdarig.tK	rcffgykryg	he.v.nystw	
msa235427.2{195_M781}		srvyv..h.l	kfrnhdhFqr	wKdarig.tK	rcffgykryg	he.v.nystw	
Consensus		-----	-----*	-----*	-----*	-----*	
msa235427.2{195_H36B}	401	rKdsefkGql	iaKtgtveld	mfFkqsqdPa	siikKiyliq	ngvpnelkKf	450
	msa235427.2{195_JM9130013}	rKdsefkGql	iaKtgtveld	mfFkqsqdPa	siikKiyliq	ngvpnelkKf	
	msa235427.2{195_18RS21}	rKdsefkGql	iaKtgtveld	mfFkqsqdPa	siikKiyliq	ngvpnelkKf	
	msa235427.2{195_2603}	rKdsefkGql	iaKtgtveld	mfFkqsqdPa	siikKiyliq	ngvpnelkKf	
	msa235427.2{195_A909}	rKdsefkGql	iaKtgtveld	mfFkqsqdPa	siikKiyliq	ngvpnelkKf	
	msa235427.2{195_COH1}	tKg.f.i.Gtt	ycKnwns.ir	yvFqtisrPs	fny.Knipyp	kwcsk.ieKi	
	msa235427.2{195_M732}	tKg.f.i.Gtt	ycKnwns.ir	yvFqtisrPs	fny.Knipyp	kwcsk.ieKi	
msa235427.2{195_M781}		tKg.f.i.Gtt	ycKnwns.ir	yvFqtisrPs	fny.Knipyp	kwcsk.ieKi	
Consensus		-----*	-----*	-----*	-----*	-----*	
msa235427.2{195_H36B}	451	dssFgltesq	idgyyiykda	inlkfkltsg	aslkvvykgq	edpyshqked	500
	msa235427.2{195_JM9130013}	dssFgltesq	idgyyiykda	inlkfkltsg	aslkvvykgq	edpyshqked	
	msa235427.2{195_18RS21}	dssFgltesq	idgyyiykda	inlkfkltsg	aslkvvykgq	edpyshqked	
	msa235427.2{195_2603}	dssFgltesq	idgyyiykda	inlkfkltsg	aslkvvykgq	edpyshqked	
	msa235427.2{195_A909}	dssFgltesq	idgyyiykda	inlkfkltsg	aslkvvykgq	edpyshqked	
	msa235427.2{195_COH1}	.l.Fwfn.ks	drwilyl.rc	n.p.i.inqw	cks.scl.ra	rrsi.sserr	
	msa235427.2{195_M732}	.l.Fwfn.ks	drwilyl.rc	n.p.i.inqw	cks.scl.ra	rrsi.sserr	
msa235427.2{195_M781}		.l.Fwfn.ks	drwilyl.rc	n.p.i.inqw	cks.scl.ra	rrsi.sserr	
Consensus		-----	-----	-----	-----	-----	
msa235427.2{195_H36B}	501	mtkkgeqlsh	stqanentaK	vtfanidwsh	yekvtvngKe	vgkgselplt	550
	msa235427.2{195_JM9130013}	mtkkgeqlsh	stqanentaK	vtfanidwsh	yekvtvngKe	vgkgselplt	
	msa235427.2{195_18RS21}	mtkkgeqlsh	stqanentaK	vtfanidwsh	yekvtvngKe	vgkgselplt	
	msa235427.2{195_2603}	mtkkgeqlsh	stqanentaK	vtfanidwsh	yekvtvngKe	vgkgselplt	
	msa235427.2{195_A909}	mtkkgeqlsh	stqanentaK	vtfanidwsh	yekvtvngKe	vgkgselplt	
	msa235427.2{195_COH1}	yd.kr.taqs	fnssq.kysK	snlc.y.lvt	l..gycewKr	sw.r..vtfn	
	msa235427.2{195_M732}	yd.kr.taqs	fnssq.kysK	snlc.y.lvt	l..gycewKr	sw.r..vtfn	
msa235427.2{195_M781}		yd.kr.taqs	fnssq.kysK	snlc.y.lvt	l..gycewKr	sw.r..vtfn	
Consensus		-----	-----*	-----*	-----*	-----*	
msa235427.2{195_H36B}	551	kgwtffvlhk	tenslnvksl	imetGevskk	vqqlplsprl	sknkhhmrdml	600
	msa235427.2{195_JM9130013}	kgwtffvlhk	tenslnvksl	imetGevskk	vqqlplsprl	sknkhhmrdml	
	msa235427.2{195_18RS21}	kgwtffvlhk	tenslnvksl	imetGevskk	vqqlplsprl	sknkhhmrdml	
	msa235427.2{195_2603}	kgwtffvlhk	tenslnvksl	imetGevskk	vqqlplsprl	sknkhhmrdml	



Table 51: Comparative Sequences relating to SAG0677

msa235427.2{195_A909}	kgwttfvlhk	tenslnvksl	imetGavskk	vqqlplsprl	sknkhmrml
msa235427.2{195_COH1}	.rmdnicit.	.nrkfikc.kf	dygdG.ck.e	ssttsfks.i	i.k.ayegy.
msa235427.2{195_M732}	.rmdnicit.	.nrkfikc.kf	dygdG.ck.e	ssttsfks.i	i.k.ayegy.
msa235427.2{195_M781}	.rmdnicit.	.nrkfikc.kf	dygdG.ck.e	ssttsfks.i	i.k.ayegy.
Consensus	-----	-----	-----	-----	-----
msa235427.2{195_H36B}	601				650
msa235427.2{195_JM9130013}	lTmqkdsayy	etsdsylvlr	Nltadtklmf	navkgaSalt	enmmmrqfav
msa235427.2{195_18RS21}	lTmqkdsayy	etsdsylvlr	Nltadtklmf	navkgaSalt	enmmmrqfav
msa235427.2{195_2603}	lTmqkdsayy	etsdsylvlr	Nltadtklmf	navkgaSalt	enmmmrqfav
msa235427.2{195_A909}	lTmqkdsayy	etsdsylvlr	Nltadtklmf	navkgaSalt	enmmmrqfav
msa235427.2{195_COH1}	aTyyakrfav	lrnk.qsaps	N.shcry.t.	f.cc.rSecs	y.kyddetvc
msa235427.2{195_M732}	aTyyakrfav	lrnk.qsaps	N.shcry.t.	f.cc.rSecs	y.kyddetvc
msa235427.2{195_M781}	aTyyakrfav	lrnk.qsaps	N.shcry.t.	f.cc.rSecs	y.kyddetvc
Consensus	-----	-----	-----	-----	-----
msa235427.2{195_H36B}	651				700
msa235427.2{195_JM9130013}	agpqddpvae	hkypsvflit	palLetasea	tlngkeitaS	giighikdGd
msa235427.2{195_18RS21}	agpqddpvae	hkypsvflit	palLetasea	tlngkeitaS	giighikdGd
msa235427.2{195_2603}	agpqddpvae	hkypsvflit	palLetasea	tlngkeitaS	giighikdGd
msa235427.2{195_A909}	agpqddpvae	hkypsvflit	palLetasea	tlngkeitaS	giighikdGd
msa235427.2{195_COH1}	scwttr.sc.	.t.ipisisl	nsclignc..	gnskw.gnhS	iwyrrshqGw
msa235427.2{195_M732}	scwttr.sc.	.t.ipisisl	nsclignc..	gnskw.gnhS	iwyrrshqGw
msa235427.2{195_M781}	scwttr.sc.	.t.ipisisl	nsclignc..	gnskw.gnhS	iwyrrshqGw
Consensus	-----	-----	-----	-----	-----
msa235427.2{195_H36B}	701				750
msa235427.2{195_JM9130013}	ksKhvevkmv	nEngdmlgtp	viigqkdltN	rtkplmsgr	vlyagkqyef
msa235427.2{195_18RS21}	ksKhvevkmv	nEngdmlgtp	viigqkdltN	rtkplmsgr	vlyagkqyef
msa235427.2{195_2603}	ksKhvevkmv	nEngdmlgtp	viigqkdltN	rtkplmsgr	vlyagkqyef
msa235427.2{195_A909}	ksKhvevkmv	nEngdmlgtp	viigqkdltN	rtkplmsgr	vlyagkqyef
msa235427.2{195_COH1}	..Kqac.sqn	gE.kwrharn	pcyyr.rld	.snktinewt	.stlcr.ti.
msa235427.2{195_M732}	..Kqac.sqn	gE.kwrharn	pcyyr.rld	.snktinewt	.stlcr.ti.
msa235427.2{195_M781}	..Kqac.sqn	gE.kwrharn	pcyyr.rld	.snktinewt	.stlcr.ti.
Consensus	-----	-----	-----	-----	-----
msa235427.2{195_H36B}	751				800
msa235427.2{195_JM9130013}	raklplsrfrn	twirvevte	agekaSivrr	mffdqsvpel	ntavakrdlt
msa235427.2{195_18RS21}	raklplsrfrn	twirvevte	agekaSivrr	mffdqsvpel	ntavakrdlt
msa235427.2{195_2603}	raklplsrfrn	twirvevte	agekaSivrr	mffdqsvpel	ntavakrdlt
msa235427.2{195_A909}	raklplsrfrn	twirvevte	agekaSivrr	mffdqsvpel	ntavakrdlt
msa235427.2{195_COH1}	vpg.itt.sf	.hld.g.sgn	rsrreSkycs	shvl.pissr	a.hssc.t.f
msa235427.2{195_M732}	vpg.itt.sf	.hld.g.sgn	rsrreSkycs	shvl.pissr	a.hssc.t.f
msa235427.2{195_M781}	vpg.itt.sf	.hld.g.sgn	rsrreSkycs	shvl.pissr	a.hssc.t.f
Consensus	-----	-----	-----	-----	-----
msa235427.2{195_H36B}	801				850
msa235427.2{195_JM9130013}	sdtalihiwa	kddsLklkly	qddallesvd	ktglysfrng	veitkdmvtp
msa235427.2{195_18RS21}	sdtalihiwa	kddsLklkly	qddallesvd	ktglysfrng	veitkdmvtp
msa235427.2{195_2603}	sdtalihiwa	kddsLklkly	qddallesvd	ktglysfrng	veitkdmvtp
msa235427.2{195_A909}	sdtalihiwa	kddsLklkly	qddallesvd	ktglysfrng	veitkdmvtp
msa235427.2{195_COH1}	df.ycsyphr	cqr.Lsktki	isr.fit.ic	.nrsl.f.k	wcrnh.ryds
msa235427.2{195_M732}	df.ycsyphr	cqr.Lsktki	isr.fit.ic	.nrsl.f.k	wcrnh.ryds
msa235427.2{195_M781}	df.ycsyphr	cqr.Lsktki	isr.fit.ic	.nrsl.f.k	wcrnh.ryds
Consensus	-----	-----	-----	-----	-----
msa235427.2{195_H36B}	851				900
msa235427.2{195_JM9130013}	lefgdnitkl	savdlsnyrr	netlhiYrnr	fdvkaSqmta	dkgakvtvdm
msa235427.2{195_18RS21}	lefgdnitkl	savdlsnyrr	netlhiYrnr	fdvkaSqmta	dkgakvtvdm
msa235427.2{195_2603}	lefgdnitkl	savdlsnyrr	netlhiYrnr	fdvkaSqmta	dkgakvtvdm
msa235427.2{195_A909}	lefgdnitkl	savdlsnyrr	netlhiYrnr	fdvkaSqmta	dkgakvtvdm
msa235427.2{195_COH1}	ttriwr.yy.	vicc.likls	s..dpsYl.k	pf.c.Skpnd	s.qrs.ancg
msa235427.2{195_M732}	ttriwr.yy.	vicc.likls	s..dpsYl.k	pf.c.Skpnd	s.qrs.ancg
msa235427.2{195_M781}	ttriwr.yy.	vicc.likls	s..dpsYl.k	pf.c.Skpnd	s.qrs.ancg
Consensus	-----	-----	-----	-----	-----
msa235427.2{195_H36B}	901				950
msa235427.2{195_JM9130013}	lmkhlvvpem	aGaytltide	apntnesgml	tNakvSIhyv	nggvdkvdvp
msa235427.2{195_18RS21}	lmkhlvvpem	aGaytltide	apntnesgml	tNakvSIhyv	nggvdkvdvp
msa235427.2{195_2603}	lmkhlvvpem	aGaytltide	apntnesgml	tNakvSIhyv	nggvdkvdvp
msa235427.2{195_A909}	lmkhlvvpem	aGaytltide	apntnesgml	tNakvSIhyv	nggvdkvdvp
msa235427.2{195_COH1}	yvdealscsr	nGrsllyinnr	raskhk.irn	vNkr.Sidsl	ckwwc..s.c
msa235427.2{195_M732}	yvdealscsr	nGrsllyinnr	raskhk.irn	vNkr.Sidsl	ckwwc..s.c
msa235427.2{195_M781}	yvdealscsr	nGrsllyinnr	raskhk.irn	vNkr.Sidsl	ckwwc..s.c
Consensus	-----	-----	-----	-----	-----

Table 51: Comparative Sequences relating to SAG0677

	951				1000
msa235427.2{195_H36B}	ikvvdleair	kaeeahkade	arkaeearka	deahkaeevr	kaeeahkvee
msa235427.2{195_JM9130013}	ikvvdleair	kaeeahkade	arkaeearka	eeahkaeevr	kaeeahkvee
msa235427.2{195_18RS21}	ikvvdlea..	....irkaee	arkaeearka	eeghktgeap	iveegykvnn
msa235427.2{195_2603}	ikvvdleair	kaeearkae	arkaeearka	eeghktgeap	iveegykvnn
msa235427.2{195_A909}	ikvvdleair	kaeeahkade	arkaeearka	eearkaeear	kaeeghktqe
msa235427.2{195_COH1}	sd.ss.lrsy	s.s.rst.s.	rst.s.rst.	s.rst.s.rs	t.s.rst.sr
msa235427.2{195_M732}	sd.ss.lrsy	s.s.rst.s.	rst.s.rst.	s.rst.s.rs	t.s.rst.sr
msa235427.2{195_M781}	sd.ss.lrsy	s.s.rst.s.	rst.s.rst.	s.rst.s.rs	t.s.rst.sr
Consensus	-----	-----	-----	-----	-----
	1001				1050
msa235427.2{195_H36B}	arkaeeghkt	geapiveegy	kvnnvhqtdt	tvkasdlpkt	ktvsavhmar
msa235427.2{195_JM9130013}	ap.s.rgt.n	prstys.rrl	qg..rsan.y	ys.sv.ftkd	.dsfrsyyg.
msa235427.2{195_18RS21}	vhqtdttvka	sdlpktktvs	avhmardnk	qitshqthve	-----
msa235427.2{195_2603}	vhqtdttvka	sdlpktktvs	avhmardnk	qitshqthve	kqikntlpst
msa235427.2{195_A909}	apiveegykv	nnvhqtdttv	kasdlpktkt	vsavhmardt	nkqitshqth
msa235427.2{195_COH1}	rst.s.rgt.	nprstys.rr	lqs..rsan.	yy.sv.ftk	d.dsfrsyyg
msa235427.2{195_M732}	rst.s.rgt.	nprstys.rr	lqs..rsan.	yy.sv.ftk	d.dsfrsyyg
msa235427.2{195_M781}	rstvklkrdi	kpkkhl.lkk	atklitfikl	ilqlkrliyg	rlrqfpqfiw
Consensus	-----	-----	-----	-----	-----
	1051				1081
msa235427.2{195_H36B}	tdnkqitshq	th-----	-----	-----	-
msa235427.2{195_JM9130013}	nrq.tdnfts	dtc-----	-----	-----	-
msa235427.2{195_18RS21}	-----	-----	-----	-----	-
msa235427.2{195_2603}	gdsrgyyit	gmaivmlsl	fslakfkak	y	-
msa235427.2{195_A909}	veqikn---	-----	-----	-----	-
msa235427.2{195_COH1}	.nrq.tdnft	sdTC-----	-----	-----	-
msa235427.2{195_M732}	.nrq.tdnft	sdTC.k----	-----	-----	-
msa235427.2{195_M781}	leqtinr.lh	irhml-----	-----	-----	-
Consensus	-----	-----	-----	-----	-----

Table 52: Comparative Sequences relating to SAG 1823

SEQ ID NO. 5201

STRAIN 090

AGCGATACCTTTAATTTTGATATTGACCAAATTGCAGA  
 CAATGCTATCACTAAAAACAGATAAAACCAACAGAAATTATTTCCAACCAGA  
 CAACAAGCCAACTGGGCAAAATGCGCTTTTGGAAAACTAACACCAGCA  
 CAAAAGTCTGCTATCTCTGAAAAAACACCAGCTTTGGTAGATACCTTTTGT  
 CGGCGATCAAAATGCGCTCCTTGATTTTGGACAATCCGCGTAGAAGGCG  
 TTAATACCACTGTTAATCATATCTTGTCTGAGCAGAAAAAATTCAAATT  
 CCTCAAGTTGATGATTTACTAAAAAATGCTAATCGCGAACTAAATGGATT  
 TATTGCCAATATAAAGATGCTACTCCGGCAGAAATTAGAGAAAAAACCAA  
 ACTTGATTCAAAAATTATTCAAACAAGCAAGACCTCGCTACAGGAATTT  
 TATTTTGACTCACAAAACATCGAGCAAAAATGGATATGATGGCAGCGAA  
 TGTGTCAACAAGAGATACCTTTGGCAAGAAATATCGTCTCTGCTGAAA  
 TGCTCATTTGAAGATAAATACTAAATCTATTGAAAATTGGTTGGAGTTATT  
 GCTTCTATTGAATCGAGTCAAGCCGAGGCTGCTAATCGTGCAAGCCACTT  
 ACAACAAGAAATTTCTAGCATTAGATAGCCAAACGTCTCGAGTATCAAATTA  
 AAAGTAACCAATTAGCTCGAATGACTGAAGTTATCAATACCTCGAACAG  
 CAACATACCTGAATATGTCAGCCGCTCTCTACGTTGCATGGGCAACACACC  
 ACAGATGCGAAACTTTGGTCAAAGTATCGTCAGATATGCGTCAGAACTTG  
 GCATGTTACGTCGAAATACCAATCCAACTGAACCTCTCAATCGCTCAG  
 TTAGGCATGATGCAACAATCTGTCAAATCCGGTGTCACTGCTGATGCTAT  
 TGTCAACGCTAATAATGCAGCATTGCAGATGCTGGCTGAACTAGTAAAG  
 AAGCGATTCCGATGTTAGAGAAGACCGCACAAAGCCCCACTGTTTCTATT  
 AAATCTGTCACCTGCAATTAGCTGAAAGCTTAGTGGCTCAAAATAATGGTAT  
 TATCGCTGCCATAGACAAAGGACGTAAGGAACGTCGCCCAATTGGAATCTG  
 CTGTTATTAAATCGGCTGAAACAATCAATGATTCTGTCAAAATTCGTGAT  
 AAAAAAATAGTTGAGGCCTTACTCAACGAAGGTAAATCTACCCAAGAAAA  
 AGTTGATGAGTCT

SEQ ID NO. 5202

STRAIN A909

AGCGATACCTTTAATTTTGATATTGACCAAATTGCAGA  
 CAATGCTATCACTAAAAACAGATAAAACCAACAGAAATTATTTCCAACCAGA  
 CAACAAGCCAACTGGGCAAAATGCGCTTTTGGAAAACTAACACCAGCA  
 CAAAAGTCTGCTATCTCTGAAAAAACACCAGCTTTGGTAGATACCTTTTGT  
 CGGTGACCAAAATGCGCTCCTTGATTTTGGACAATCCGCGTAGAAGGCG  
 TTAATACCACTGTTAATCATATCTTGTCTGAGCAGAAAAAATTCAAATT  
 CCTCAAGTTGATGATTTACTAAAAAATGCTAATCGCGAACTAAATGGATT  
 TATTGCCAATATAAAGATGCTACTCCGGCAGAAATTAGAGAAAAAACCAA  
 ACTTGATTCAAAAATTATTCAAACAAGCAAGACCTCGCTACAGGAATTT  
 TATTTTGACTCACAAAACATCGAGCAAAAATGGATATGATGGCAGCGAA  
 TGTGTCAACAAGAGATACCTTTGGCAAGAAATATCGTCTCTGCTGAAA  
 TGCTCATTTGAAGATAAATACTAAATCTATTGAAAATTGGTTGGAGTTAAT  
 GCTTTTATTGAATCGAGTCAAGCCGAGGCTGCCAATCGTGCAAGCCACTT  
 ACAACAAGAAATTTCTAGCATTAGATAGCCAAACGTCTCGAGTATCAAATTA  
 AAAGTAACCAATTAGCTCGAATGACTGAAGTTATCAATACCTCGAACAG  
 CAACATACCTGAATATGTCAGCCGCTCTCTACGTTGCATGGGCAACACACC  
 ACAGATGCGAAACTTTGGTCAAAGTATCGTCAGATATGCGTCAGAACTTG  
 GCATGTTACGTCGAAATACCAATCCAACTGAACCTCTCAATCGCTCAG  
 TTAGGCATGATGCAACAATCTGTCAAATCCGGTGTCACTGCTGATGCTAT  
 TGTCAACGCTAATAATGCAGCATTGCAGATGCTGGCTGAACTAGTAAAG  
 AAGCGATTCCGATGTTAGAGAAGACCGCACAAAGCCCCACTGTTTCTATT  
 AAATCTGTCACCTGCAATTAGCTGAAAGCTTAGTGGCTCAAAATAATGGTAT  
 TATCGCTGCCATAGACAAAGGACGTAAGGAACGTCGCCCAATTAGAATCTG  
 CTGTTATTAAATCGGCTGAAACAATCAATGATTCTGTCAAAATTCGTGAT  
 AAAAAAATAGTTGAGGCCTTACTCAACGAAGGTAAATCTACCCAAGAAAA  
 AGTTGATGAGTCT

SEQ ID NO. 5203

STRAIN H36B

AGCGATACCTTTAATTTTGATATTGACCAAATTGCAGAC  
 AATGCTATCACTAAAAACAGATAAAACCAACAGAAATTATTTCCAACCAGAC  
 AACAGCCAACTGGGCAAAATGCGCTTTTGGAAAACTAACACCAGCA  
 AAAAGTCTGCTATCTCTGAAAAAACACCAGCTTTGGTAGATACCTTTTGT  
 GGTGACCAAAATGCGCTCCTTGATTTTGGACAATCCGCGTAGAAGGCGT  
 TAATACCACTGTTAATCATATCTTGTCTGAGCAGAAAAAATTCAAATT  
 CCTCAAGTTGATGATTTACTAAAAAATGCTAATCGCGAACTAAATGGATT  
 ATTGCCAATATAAAGATGCTACTCCGGCAGAAATTAGAGAAAAAACCAA  
 ACTTGATTCAAAAATTATTCAAACAAGCAAGACCTCGCTACAGGAATTTT  
 ATTTTGACTCACAAAACATCGAGCAAAAATGGATATGATGGCAGCGAAT  
 GTTGTCAACAAGAGATACCTTTGGCAAGAAATATCGTCTCTGCTGAAA  
 GCTCATTTGAAGATAAATACTAAATCTATTGAAAATTGGTTGGAGTTATT  
 CTCTATTGAATCGAGTCAAGCCGAGGCTGCCAATCGTGCAAGCCACTTA  
 CAACAAGAAATTTCTAGCATTAGATAGCCAAACGTCTCGAGTATCAAATTA  
 AAGTAACCAATTAGCTCGAATGACTGAAGTTATCAATACCTCGAACAGC  
 AACATACCTGAATATGTCAGCCGCTCTCTACGTTGCATGGGCAACACACC  
 ACAGATGCGAAACTTTGGTCAAAGTATCGTCAGATATGCGTCAGAACTTG  
 GCATGTTACGTCGAAATACCAATCCAACTGAACCTCTCAATCGCTCAG  
 TTAGGCATGATGCAACAATCTGTCAAATCCGGTGTCACTGCTGATGCTAT  
 TGTCAACGCTAATAATGCAGCATTGCAGATGCTGGCTGAACTAGTAAAG  
 AAGCGATTCCGATGTTAGAGAAGACCGCACAAAGCCCCACTGTTTCTATT  
 AAATCTGTCACCTGCAATTAGCTGAAAGCTTAGTGGCTCAAAATAATGGTAT  
 TATCGCTGCCATAGACAAAGGACGTAAGGAACGTCGCCCAATTAGAATCTG  
 CTGTTATTAAATCGGCTGAAACAATCAATGATTCTGTCAAAATTCGTGAT  
 AAAAAAATAGTTGAGGCCTTACTCAACGAAGGTAAATCTACCCAAGAAAA  
 AGTTGATGAGTCT

Table 52: Comparative Sequences relating to SAG 1823

TGTTATTAAATCGGCTGAAACAATCAATGATTCTGTCAAAATTCGTGATA  
AAAAAATAGTTGAAGCCTTACTCAaCGAAGGTaAATCTACCCAAGAAAA  
GTTGATGAGTCT

SEQ ID NO. 5204

STRAIN 18R821

TTTTGATATTGACCAAAATTGCAGACAATGCTATCACTAAAAACAGATAAAA  
CAACAGAAATTAATTTCCAACAGACAACCAAGCCAAACTGGGCAAAATGGCC  
TTTTTTGAAAAAATAACACCAGCAAAAAGTCTGCTATCTCTGAAAAAAC  
ACCAGCTTTGGTAGATACTTTTGTGCGCGATCAAAATGCGCTCCTTGATT  
TTGGACAATCGCAGTAGAAGGCGTTAATACCAGTGTAAATCATATCTTGT  
TCTGAGCAGAAAAAAATTCAAATTCCTCAAGTTGATGATTTACTAAAAAA  
TGCTAATCGCGAACTAAATGGATTATTTGCCAAATATAAAGATGCTACTC  
CGGCAGAAATTAGAGAAAAAACCAAACTTGATTCAAAATTAATTCAAACAA  
AGCAAGACCTCGCTACAGGAATTTTATTTTGACTCACAAAACATCGAGCA  
AAAAATGGATATGATGGCAGCGAATGTTGTCAAACAAGAAGTACTTTGG  
CAAGAAATATCGTCTCTGCTGAAATGCTCATTTGAAGATAATTAATCTCT  
ATTGAAATTTGGTTGGAGTTATTGCTTTTATTGAATCGAGTCAAGCCGA  
GGCTGCTAATCGTGCAGGCCACTTCAACAAGAAATTTAGCATTAGATA  
GCCAAACGTCGAGTATCAAAATTAAGTAACCAATTAGCTCGAATGACT  
GAAGTTATCAATACCTCGAACAGCAACATCCTGAATATGTCAGCGCTCT  
CTACGTTGCAATGGGCAACCAACACCAGATGCGAAACTTGGTCAAGTAT  
CGTCAGATATCGCTCAGAACTTGGCATGTTACGTCGAAATACCAATCCA  
ACAATGAACTCTCAATCGCTCAGTTAGGCATGATGCAACAATCTGTCAA  
ATCGGTTGCTCACTGCTGATGCTATTGTCAAAGCTAATATGCAAGCTTGC  
AGATGCTGGCTGAAACTAGTAAAGAAGCGATTCCGATGTTAGAGAAGACC  
GCACAAGGCCCACTGTTTCTATTAAATCTGTCACTGCAATTAGCTGAAAG  
CTTAGTGGCTCAAAATAATGGTATTTATCGCTGCCATAGACAAGGACGTA  
AGGAACGTGCCCaATTGGAACTGCTGTTATTAAATCGGCTGAAACAATC  
AATGATTCTGTCAAATTCGTGATAAAAAAATAGTTGAAGCCTTACTCAA  
CGAAGGTaAATCTACCCAAGAAAAAGTTGATGAGTCT

SEQ ID NO. 5205

STRAIN M732

AGCGATACCTTTAATTTTGATATTGACCAAAATTCAGAC  
AATGCTATCACTAAAAACAGATAAAACAACAGAAATTAATTTCCAACAGAC  
AACAGGCCAAACTGGGCAAAATGGCTTTTTTGA AAAAATAACACCAGCAC  
AAAAGTCTGCTATCTCTGAAAAAACACCAGCTTTGGTAGATACTTTTGTG  
GGTAGCAAAATGCGCTCCTTGATTTTGGACAATCGCAGTAGAAGGCGT  
TAATACTACTGTTAAATCATATCTTGTCTGAGCAGAAAAAAATTCAAATTC  
CTCAAGTTGATGATTTACTAAAAAATGCTAATCGCGAAGTAAATGGATTT  
ATTGCAAAATATAAAGATGCTACTCGCGCAGAAATTAGAGAAAAAACCAAA  
CTTGATTCAAAATTAATTCAAACAAGCAAGACCTCGCTACAGGAATTTT  
ATTTTGACTCACAAAACATCGAGCAAAAAATGGATATGATGGCAGCAAAAT  
GTTGTCAAAACAAGAAGTACTTTGGCAAGAAATATCGTCTCTGCTGAAAT  
GCTCAATTGAAGATAAATACTAAATCTATTGAAATTTGGTTGGAGTTATTG  
CTTTTATTGAATCGAGTCAAGCCGAGGCTGCGCAATCGTGCAAGCCACTTA  
CAACAGAAATTTAGCATTAGATAGCCAAACGTCGAAATATCAAAATTA  
AAGTAACCAATTAGCCGAAATGACTGAAGTTATCAATACCTCGAACAGC  
AACATACGGAATATGTCAGCGCTCTCTACGTTGCAATGGGCAACCAACCA  
CAGATGCGAAACTTGGTCAAGATATCGTCAGATATGCGTCAGAACTTGG  
TATGTTAGCTCGAAATACCAATTCACCAATGAAACTCTCAATCGCTCAGT  
TAGGCATGATGCAACAATCTGTCAAATCGGTTGCTCACTGCTGATGCTATT  
GTCAACGCTAATAATGCAAGCATTGCAATGCTGGCTGAAACTAGTAAGA  
AGCGATTCCGATGTTAGAGAAGACCGCAAAAGCCCACTGTTTCTATTA  
AATCTGTCACTGCAATAGCTGAAAGCTTAGTGGCTCAAAATAATGGTATT  
ATCGCTGCCATAGACAAGGACGTAAGGAACGTCGCCAATTAGAATCTGC  
TGTATTAAATCGGCTGAAACAATCAATGATTCTGTCAAATTCGTGATA  
AAAAAATAGTTGAAGCCTTACTCAACGAAGTAAATCTACCCAAGAAAA  
G

SEQ ID NO. 5206

STRAIN COH1

CTAAACAGATAAAACAACAGAAATTAATTTCCAACAGACAACAAGCCAA  
ACTGGGCAAAATGGCTTTTTTGA AAAAATAACACCAGCAAAAAGTCTGC  
TWTCTCTGAAAAAACACCAGCTTTGGTAGATACTTTTGTGCGTGACCAAA  
ATGCGCTCCTTGATTTTGGACAATCGCAGTAGAAGGCGTTAATACTACT  
GTTAATCATATCTTGTCTGAGCAGAAAAAAATTCAAATTCCTCAAGTTGA  
TGATTACTAAAAAATGCTAATCGCGAAGTAAATGGATTTATTTGCCAAAT  
ATAAAGATGCTACTCGGCAaGAATTAGAGAAAAAACCAAACTTGATTCAA  
AAATTAATCAAAACAAGCAAGACCTCGCTACAGGAATTTTATTTTGACTC  
ACAAAACATCGAGCAAAAAATGGATATGATGGCAGCAAAATGTTGTCAAAC  
AAGAAGTACTTTGGCAAGAAATATCGTCTCTGCTGAAATGCTCATTTGAA  
GATAATACTAAATCTATTGAAATTTGGTTGGAGTTATTGCTTTTATTGA  
ATCGAGTCAAGCCGAGGCTGCGCAATCGTGCaAGCCACTTACAACAaGAAA  
TTCTAGCaTAGATAGCCAAACGTCGAAATATCAAAATTAAGTAACCAAA  
TTAGCCGAATGACTGaaGTTATCAaTaCCCTCGAACAGCAACATACGGA  
aTATGTCAGCGCTCTCTACGTTGCAATGGGCAACCAACACCAGATGCGAA  
ACTTGGTCAAGTATCGTCAGATATGCGTCAGAACTTGGTATGTTAGCT  
CGAAATACCAATTCACCAATGAAACTCTCAATCGCTCAGTTAGGCATGAT  
GCACCAATCTGTCAAATCGGTTGCTACTGCTGATGCTATTGTCAACGCTA  
ATAATGCGCATTGCAAAATGCTGGCTGAAACTAGTAAGAAGCGATTCCG  
ATGTTAGAGAAGACCGCAAAAGCCCACTGTTTCTATTAAATCTGTCAAC

Table 52: Comparative Sequences relating to SAG 1823

TGCATTAGCTGAAAGCTTAGTGGCTCAAAATAATGGTATTATCGCTGCCA  
TAGACAAAGGACGTAAGGAACGTGCCCAATTAGAATCTGCTGTTATTAAA  
TCGGCTGAAACAATCAATGATTCTGTCAAAATTCGTGATAAAAAATAGT  
TGAAGCCTTACTCaCGAAGGTAAATCTACCCAAGAAAAAGTTGATGAGT  
CT

SEQ ID NO. 5207

STRAIN M781

TTTTGATATTGACCAAATTCAGACAATGCTATCACTAAAACAGATAAAA  
CAACAGAAATTATTTCCAACAGACAACAGCCAACTGGGCAAATTGCC  
TTTTTTGAAAACTAACACCAGCACAAAAGTCTGCTATCTCTGAAAAAAC  
ACCAGCTTTGGTAGATACTTTTGTGGGTGACCAAAATGGCGTCTCTGATT  
TTGGACAATCCGAGTAGAAGGCGTTAATACTACTGTCTAATCATATCTTG  
TCTGAGCAGAAAAAATTCAAATTCCTCAAGTTGATGATTTACTAAAAAA  
TGCTAATCGGAACTAAATGGATTATTTGCCAAATATAAGATGCTACTC  
CGGCAGAAATAGAGAAAAAACCAACTTGATTCAAAATTTATCAAAACAA  
AGCAAGACCTCGCTACAGGAATTTTATTTGACTCACAAAACATCGAGCA  
AAAAATGGATATGATGGCAGCAAAATGTTGTCAAACAAGAGATACCTTGG  
CAAGAAATATCGTCTCTGCTGAAATGCTCATTGAAGATAATACTAAATCT  
ATTGAAAAATTTGGTTGGAGTTATTTGCTTTTATTGAATCGAGTCAAGCCGA  
GGCTGCCAATCGTCAAGCCACTTACAACAAGAAATCTAGCATTAGATA  
GCCAAACGTCGGAATATCAAAATTAAGTAACCAATTAGCCGGAATGACT  
GAAGTTATCAATACCTCGAACAGCAACATACGGAATATGTCAGCCGCTCT  
CTACGTTGCATGGGCAACAACACCAGATGCGAACTTGGTCAAAGTAT  
CGTCAGATATGCGTCAGAACTTGGTATGTTACGTCGAAATACCAATCCCA  
ACAATGAACTCTCAATCGCTCAGTTAGGCATGATGCAACATCTGTCAA  
ATCCGGTGTCACTGCTGATGCTATTTGTCAACGCTAATAATGCAGCATTCG  
AATGCTGGCTGAAACTAGTAAAGAGCGATTCCGATGTTAGAGAAGACC  
GCACAAAGCCCACTGTTTCTATTAAATCTGTCACTGCATTAGCTGAAAG  
CTTAGTGGCTCAAAATAATGGTATTATCGCTGCCATAGACAAAGGACGTA  
AGGAACGTCGCCAATTAGAATCTGCTGTTATTAAATCGGCTGAAACAATC  
AATGATTCTGTCAAAATTCGTGATAAAAAAATAGTTGAAGCCTTACTCAA  
CGAAGGTAAATCTACCCAAGAAAAAGTTGATGAGTCT

SEQ ID NO. 5208

STRAIN CJB110

TTTTGATATTGACCAAATTCAGACAATGCTATCACTAAAACAGATAAAA  
CAACAGAAATTATTTCCAACAGACAACAGCCAACTGGGCAAATTGCC  
TTTTTTGAAAACTAACACCAGCACAAAAGTCTGCTATCTCTGAAAAAAC  
ACCAGCTTTGGTAGATACTTTTGTGGGTGACCAAAATGGCGTCTCTGATT  
TTGGACAATCCGAGTAGAAGGCGTTAATACTACTGTTAATCATATCTTG  
TCTGAGCAGAAAAAATTCAAATTCCTCAAGTTGATGATTTACTAAAAAA  
TGCTAATCGGAACTAAATGGATTATTTGCCAAATATAAGATGCTACTC  
CGGCAGAAATAGAGAAAAAACCAACTTGATTCAAAATTTATCAAAACAA  
AGCAAGACCTCGCTACAGGAATTTTATTTGACTCACAAAACATCGAGCA  
AAAAATGGATATGATGGCAGCAAAATGTTGTCAAACAAGAGATACCTTGG  
CAAGAAATATCGTCTCTGCTGAAATGCTCATTGAAGATAATACTAAATCT  
ATTGAAAAATTTGGTTGGAGTTATTTGCTTTTATTGAATCGAGTCAAGCCGA  
GGCTGCTAATCGTCAAGCCACTTACAACAAGAAATCTAGCATTAGATA  
GCCAAACGTCGAGTATCAAAATTAAGTAACCAATTAGCTCGAATGACT  
GAAGTTATCAATACCTCGAACAGCAACATCTGAATATGTCAGCCGCTCT  
CTACGTTGCATGGGCaCaCaCACCACAGATGCGAACTTGGTCAAAGTAT  
CGTCAGATATGCGTCAGAACTTGGCATGTTACGTCGAAATACCAATCCCA  
ACAATGAACTCTCAATCGCTCAGTTAGGCATGATGCAACATCTGTCAA  
ATCCGGTGTCACTGCTGATGCTATTTGTCAACGCTAATAATGCAGCATTCG  
AGATGCTGGCTGAAACTAGTAAAGAGCGATTCCGATGTTAGAGAAGACC  
GCACAAAGCCCACTGTTTCTATTAAATCTGTCACTGCATTAGCTGAAAG  
CTTAGTGGCTCAAAATAATGGTATTATCGCTGCCATAGACAAAGGACGTA  
AGGAACGTCGCCAATTGGAATCTGCTGTTATTAAATCGGCTGAAACAATC  
AATGATTCTGTCAAAATTCGTGATaAAAAAATAGTTGAAGCCTTACTCAA  
CGAAGGTAAATCTACCCAAGAAAAAGTTGATGAGTCT

SEQ ID NO. 5209

STRAIN 1169NT

GCAGACAATGCTATCACTAAAACAGATAAAAACACAGAAATTATTTCCAA  
CCAGACAACAGCCAACTGGGCAAATTGCCCTTTTTGAAAACTAACAC  
CAGCACAAAAGTCTGCTATCTCTGAAAAAACACCAGCTTTGGTAGATACT  
TTTGTGGGTGACCAAAATGGCGTCTCTGATTTTTGGACAATCCGAGTAGA  
AGGCGTTAATACCACTGTTAATCATATCTTGTCTGAGCAGAAAAAATTC  
AAATTCCTCAAGTTGATGATTACTAAAAAATGCTAATCGGAACTAAAT  
GGATTATTTGCCAAATATAAGATGCTACTCCGGCAGAAATAGAGAAAAA  
ACCAAACTTGATCCAAAAATTATTCAAACAAAGCAAGACCTCACTACAGG  
AATTTTATTGACTCACAAAACATCGAGCAAAAAATGGATATGATGGCA  
GCCAAATGTTGTCAAACAAGAGATACCTTTGGCAAGAAATATCGTCTCTGC  
TGAAATGCTCATTGAAGATAATACTAAATCTATTGAAAAATTTGGTTGGAG  
TTATTGCTTTTATTGAATCGAGTCAAGCCGAGGCTGCCAATCGTCAAGC  
CACTTACAACAAGAAATCTAGCATTAGATAGCCAAACGTCGAGTATCA  
AATTAAGTAACCAATTAGCTCGAATGACTGAAGTTATCAATACCTCG  
AaCAGCAACATACTGAATATGTCAGCCGCTCTCTACGTTGCATGGGCAACA  
aCACCACAGATGCGAAACCTTGGTCAAAGTATCGTCAGATATGCGTCAAAA  
ACTTGGCATGTTACGTCGAAATACCAATCCACAATGAAGACTCTCAATCG  
CTCAGTTAGGCATGATGCAACAATCTGTCAAATCCGGTGTCACTGCTGAT  
GCTATTGTCAACGCTAATAATGCAGCATTCAGATGCTGGCTGAAACTAG

Table 52: Comparative Sequences relating to SAG 1823

TAAAGAAGCGATTCCGATGTTAGAGAAGACCGCACAAAGCCCCACTGTTT  
CTATTAATCTGTCACTGCATTAGCTGAAAGCTTAGTGGCTCAAAATAAT  
GGTATTATCGCTGCCATAGACAAAGGACGTAAGGAACGTGCCCAATTAGA  
ATCTGCTGTTATTAAATCGGCTGAAACAATCAATGATTCTGTCAAAATTC  
GTGATAAAAAAATAGTTGAAGCCTTACTCAACGAAGGTAAATCTACCCAA  
GAAAAAGTTGATGAGTCT

SEQ ID NO. 5210

STRAIN JM9130013

AGCGATACCTTTAATTTTGATATTGACCAATTCAGAC  
AATGCTATCACTAAAACAGATAAAACAAACAGAAATTATTTCCAACCAGAC  
AACAAGCCAAACTGGGCAAAATTCCTTTTGGAAAACTAACACCAGCAC  
AAAAGTCTGCTATCTCTGAAAAAACACCCAGCTTTGGTAGATACTTTTGTCTC  
GGTGACCAAAATGCGCTCCTTGATTTTGACAAATCGCAGTAGAAGGCGT  
TAATACCACTGTTAATCATATCTGTCTGAGCAGAAAAAATTCAAATTC  
CTCAAGTGTATGATTACTAAAAATGCTAATCGCGAACTAAATGGATT  
ATTGCCAAATATAAAGATGCTACTCGGCGAATTAGAGAAAAACCAAA  
CTTGATTCAAAATATTCAAAACAAAGCAAGACCTCGCTACAGGAATTTT  
ATTTTGACTCACAAACATCGAGCAAAAAATGATATGATGCGAGCGAAT  
GTTGTCAAACAAGAAGATACTTTGGCAAGAAATATCGTCTCTGCTGAAAT  
GCTCATTAAGATAACTAAATCTATTGAAAAATTTGGTTGGAGTTATTG  
CTTTTATTGAATCGAGTCAAGCGAGGCTGCCAATCGTGCAAGCCACTTA  
CAACAAGAAATCTAGCATTAGATAGCCAAACGTGCGAGTATCAATTA  
AAGTAACCAATTAGCTCGAATGACTGAAGTTATCAATACCCCTCGAACAGC  
AACATATGAATATGTCAGCGCTCTCTACGTTGCATGGGCAACACCA  
CAGATGCGAACTTGGTCAAAGTATCGTCAGATATGCTCAAAAACTTGG  
CATGTTAGCTCGAAATACCATTCACCAATGAACTCTCAATCGCTCAGT  
TAGGCATGATGCAACAATCTGTCAAATCCGGTGTCTGCTGATGCTATT  
GTCAACGCTAATTAATGCAGCATTGCGATGCTGGCTGAACTAGTAAAGA  
AGCGATTCCGATGTTAGAGAAGACCGCACAAAGCCCCACTGTTTCTATTA  
AATCTGTCACTGCATTAGCTGAAAGCTTAGTGGCTCAAAATATGTTATT  
ATCGCTGCCATAGACAAAGGACGTAAGGAACGTGCCCAATTAGAACTGTC  
TGTTATTAATCGGCTGAAACAATCAATGATTCTGTCAAAATTCGTGATA  
AAAAAATAGTTGAAGCCTTACTCAACGAAGGTAAATCTACCCAAAGAAAA  
GTTGATGAGTCT

SEQ ID NO. 5211

STRAIN 2603

agcgatacctttaattttgatattgaccaaattgcagacaatgctatcac  
taaaacagataaaaacacagaaattatttccaaccagacaaacagccaaa  
ctgggcaaatgacctttttgaaaaactaacaccagcacaaaagtctgct  
atctctgaaaaaacaccagctttggtagatacttttgcggcgatcaaaa  
tgcgctccttgattttggacaatccgcagtagaaggcggttaataccactg  
ttaatcatactctgtctgagcagaaaaaattcaaatcctcaagttgat  
gatttactaaaaaatgctaatcggaactaaatggatttattgccaaata  
taaagatgctactccggcagaattagagaaaaaaccaacttgattcaaaa  
aattattcaaacaaagcaagacctcgctacaggaattttattttgactca  
caaaacatcgagcaaaaatggatgatggcgagcgaatggttcaaaaca  
agaagatactttggcaagaaatctgctctgctgaaatgctcattgaag  
ataaactaaaatctattgaaaattgggtggagttattgcttttattgaa  
tcgagtcgaagccgaggtgctaatcggtgcaagccacttacaacaagaaat  
cttagcattagatagccaaacgtccgagtagtcaaatataaagtaaccaat  
tagctcgaatgactgaagttatcaataccctcgaacagcaacatcctgaa  
tatgtcagcgtctctacgttgcatgggcaacaacaccacagatgcaaaa  
cttggtcaagtagtctgagatagcgtagaactggcatgttacgtc  
gaaataccattccaacaatgaaactctcaatcgctcagttaggcatgatg  
caacaatctgtcaaatccggtgtcactgctgatgctattgtcaacgctaa  
taatgcagcattgcagatgctggctgaaactagtaagaagcgattccga  
tgtagagaagaccgcacaaagcccaactgtttctattaaatctgtcact  
gcattagctgaaagcttagtggtcaaaaataatggattatcgctgccat  
agacaagagcgtgaaggaacgtgcccaattgggaatctgctgttataaat  
cggctgaacaatcaatgattctgtcaaaattcgtgataaaaaaatagtt  
gaagccttactcaacgaaggttaattctacccaagaaaagttgatgagtc  
t

PRETTY of: /biotmp/msa13607.2{\*} April 22, 2002 03:55 ..

	1	50
msa13607.2{201_COH1}	-----	-----C
msa13607.2{201_M781}	-----	-----
msa13607.2{201_090}	AGCGATACCT TTAATTTTGA TATTGACCAA ATTGCAGACA ATGCTATCAC	
msa13607.2{201_CJB110}	-----	-----
msa13607.2{201_18RS21}	-----	-----
msa13607.2{201_2603}	AGCGATACCT TTAATTTTGA TATTGACCAA ATTGCAGACA ATGCTATCAC	
msa13607.2{201_A909}	AGCGATACCT TTAATTTTGA TATTGACCAA ATTGCAGACA ATGCTATCAC	
msa13607.2{201_H36B}	AGCGATACCT TTAATTTTGA TATTGACCAA ATTGCAGACA ATGCTATCAC	
msa13607.2{201_JM9130013}	AGCGATACCT TTAATTTTGA TATTGACCAA ATTGCAGACA ATGCTATCAC	
msa13607.2{201_1169NT}	-----	---GCAGACA ATGCTATCAC
msa13607.2{201_M732}	AGCGATACCT TTAATTTTGA TATTGACCAA ATTGCAGACA ATGCTATCAC	
Consensus	*****	*****

Table 52: Comparative Sequences relating to SAG 1823

	51		100
msa13607.2{201_COH1}	TAAACAGAT AAAACAACAG AAATTATTTC CAACCAGACA ACAaGCCAAA		
msa13607.2{201_M781}	TAAACAGAT AAAACAACAG AAATTATTTC CAACCAGACA ACAaGCCAAA		
msa13607.2{201_090}	TAAACAGAT AAAACAACAG AAATTATTTC CAACCAGACA ACAaGCCAAA		
msa13607.2{201_CJB110}	TAAACAGAT AAAACAACAG AAATTATTTC CAACCAGACA ACAaGCCAAA		
msa13607.2{201_18RS21}	TAAACAGAT AAAACAACAG AAATTATTTC CAACCAGACA ACAaGCCAAA		
msa13607.2{201_2603}	TAAACAGAT AAAACAACAG AAATTATTTC CAACCAGACA ACAaGCCAAA		
msa13607.2{201_A909}	TAAACAGAT AAAACAACAG AAATTATTTC CAACCAGACA ACAaGCCAAA		
msa13607.2{201_H36B}	TAAACAGAT AAAACAACAG AAATTATTTC CAACCAGACA ACAaGCCAAA		
msa13607.2{201_JM9130013}	TAAACAGAT AAAACAACAG AAATTATTTC CAACCAGACA ACAaGCCAAA		
msa13607.2{201_1169NT}	TAAACAGAT AAAACAACAG AAATTATTTC CAACCAGACA ACAaGCCAAA		
msa13607.2{201_M732}	TAAACAGAT AAAACAACAG AAATTATTTC CAACCAGACA ACAaGCCAAA		
Consensus	*****	*****	*****
	101		150
msa13607.2{201_COH1}	CTGGGCAAAT TGCCTTTTTT GAAAAACTAA CACCAGCACA AAAGTCTGCT		
msa13607.2{201_M781}	CTGGGCAAAT TGCCTTTTTT GAAAAACTAA CACCAGCACA AAAGTCTGCT		
msa13607.2{201_090}	CTGGGCAAAT TGCCTTTTTT GAAAAACTAA CACCAGCACA AAAGTCTGCT		
msa13607.2{201_CJB110}	CTGGGCAAAT TGCCTTTTTT GAAAAACTAA CACCAGCACA AAAGTCTGCT		
msa13607.2{201_18RS21}	CTGGGCAAAT TGCCTTTTTT GAAAAACTAA CACCAGCACA AAAGTCTGCT		
msa13607.2{201_2603}	CTGGGCAAAT TGCCTTTTTT GAAAAACTAA CACCAGCACA AAAGTCTGCT		
msa13607.2{201_A909}	CTGGGCAAAT TGCCTTTTTT GAAAAACTAA CACCAGCACA AAAGTCTGCT		
msa13607.2{201_H36B}	CTGGGCAAAT TGCCTTTTTT GAAAAACTAA CACCAGCACA AAAGTCTGCT		
msa13607.2{201_JM9130013}	CTGGGCAAAT TGCCTTTTTT GAAAAACTAA CACCAGCACA AAAGTCTGCT		
msa13607.2{201_1169NT}	CTGGGCAAAT TGCCTTTTTT GAAAAACTAA CACCAGCACA AAAGTCTGCT		
msa13607.2{201_M732}	CTGGGCAAAT TGCCTTTTTT GAAAAACTAA CACCAGCACA AAAGTCTGCT		
Consensus	*****	*****	*****
	151		200
msa13607.2{201_COH1}	WTCTCTGAAA AAACACCAGC TTTGGTAGAT ACTTTTGTCG GtGAcCAAAA		
msa13607.2{201_M781}	aTCTCTGAAA AAACACCAGC TTTGGTAGAT ACTTTTGTCG GtGAcCAAAA		
msa13607.2{201_090}	aTCTCTGAAA AAACACCAGC TTTGGTAGAT ACTTTTGTCG GcGatCAAAA		
msa13607.2{201_CJB110}	aTCTCTGAAA AAACACCAGC TTTGGTAGAT ACTTTTGTCG GcGatCAAAA		
msa13607.2{201_18RS21}	aTCTCTGAAA AAACACCAGC TTTGGTAGAT ACTTTTGTCG GcGatCAAAA		
msa13607.2{201_2603}	aTCTCTGAAA AAACACCAGC TTTGGTAGAT ACTTTTGTCG GcGatCAAAA		
msa13607.2{201_A909}	aTCTCTGAAA AAACACCAGC TTTGGTAGAT ACTTTTGTCG GtGAcCAAAA		
msa13607.2{201_H36B}	aTCTCTGAAA AAACACCAGC TTTGGTAGAT ACTTTTGTCG GtGAcCAAAA		
msa13607.2{201_JM9130013}	aTCTCTGAAA AAACACCAGC TTTGGTAGAT ACTTTTGTCG GtGAcCAAAA		
msa13607.2{201_1169NT}	aTCTCTGAAA AAACACCAGC TTTGGTAGAT ACTTTTGTCG GtGAcCAAAA		
msa13607.2{201_M732}	aTCTCTGAAA AAACACCAGC TTTGGTAGAT ACTTTTGTCG GtGAcCAAAA		
Consensus	*****	*****	*****
	201		250
msa13607.2{201_COH1}	TGCGCTCCTT GATTTTGGAC AATCCGCAGT AGAAGGCGTT AATACtACTG		
msa13607.2{201_M781}	TGCGCTCCTT GATTTTGGAC AATCCGCAGT AGAAGGCGTT AATACtACTG		
msa13607.2{201_090}	TGCGCTCCTT GATTTTGGAC AATCCGCAGT AGAAGGCGTT AATACcACTG		
msa13607.2{201_CJB110}	TGCGCTCCTT GATTTTGGAC AATCCGCAGT AGAAGGCGTT AATACcACTG		
msa13607.2{201_18RS21}	TGCGCTCCTT GATTTTGGAC AATCCGCAGT AGAAGGCGTT AATACcACTG		
msa13607.2{201_2603}	TGCGCTCCTT GATTTTGGAC AATCCGCAGT AGAAGGCGTT AATACcACTG		
msa13607.2{201_A909}	TGCGCTCCTT GATTTTGGAC AATCCGCAGT AGAAGGCGTT AATACcACTG		
msa13607.2{201_H36B}	TGCGCTCCTT GATTTTGGAC AATCCGCAGT AGAAGGCGTT AATACcACTG		
msa13607.2{201_JM9130013}	TGCGCTCCTT GATTTTGGAC AATCCGCAGT AGAAGGCGTT AATACcACTG		
msa13607.2{201_1169NT}	TGCGCTCCTT GATTTTGGAC AATCCGCAGT AGAAGGCGTT AATACcACTG		
msa13607.2{201_M732}	TGCGCTCCTT GATTTTGGAC AATCCGCAGT AGAAGGCGTT AATACtACTG		
Consensus	*****	*****	*****
	251		300
msa13607.2{201_COH1}	TTAATCATAT CTGTCTGAG CAGAAAAAAA TTCAAATTCC TCAAGTTGAT		
msa13607.2{201_M781}	TTAATCATAT CTGTCTGAG CAGAAAAAAA TTCAAATTCC TCAAGTTGAT		
msa13607.2{201_090}	TTAATCATAT CTGTCTGAG CAGAAAAAAA TTCAAATTCC TCAAGTTGAT		
msa13607.2{201_CJB110}	TTAATCATAT CTGTCTGAG CAGAAAAAAA TTCAAATTCC TCAAGTTGAT		
msa13607.2{201_18RS21}	TTAATCATAT CTGTCTGAG CAGAAAAAAA TTCAAATTCC TCAAGTTGAT		
msa13607.2{201_2603}	TTAATCATAT CTGTCTGAG CAGAAAAAAA TTCAAATTCC TCAAGTTGAT		
msa13607.2{201_A909}	TTAATCATAT CTGTCTGAG CAGAAAAAAA TTCAAATTCC TCAAGTTGAT		
msa13607.2{201_H36B}	TTAATCATAT CTGTCTGAG CAGAAAAAAA TTCAAATTCC TCAAGTTGAT		
msa13607.2{201_JM9130013}	TTAATCATAT CTGTCTGAG CAGAAAAAAA TTCAAATTCC TCAAGTTGAT		
msa13607.2{201_1169NT}	TTAATCATAT CTGTCTGAG CAGAAAAAAA TTCAAATTCC TCAAGTTGAT		
msa13607.2{201_M732}	TTAATCATAT CTGTCTGAG CAGAAAAAAA TTCAAATTCC TCAAGTTGAT		
Consensus	*****	*****	*****
	301		350
msa13607.2{201_COH1}	GATTTACTAA AAAATGCTAA TCGCGAATAA AATGGATTAA TTGCCAAATA		

Table 52: Comparative Sequences relating to SAG 1823

msa13607.2{201_M781}	GATTACTAA AAAATGCTAA TCGCGAACTA AATGGATTTA TTGCCAAATA	
msa13607.2{201_090}	GATTACTAA AAAATGCTAA TCGCGAACTA AATGGATTTA TTGCCAAATA	
msa13607.2{201_CJB110}	GATTACTAA AAAATGCTAA TCGCGAACTA AATGGATTTA TTGCCAAATA	
msa13607.2{201_18RS21}	GATTACTAA AAAATGCTAA TCGCGAACTA AATGGATTTA TTGCCAAATA	
msa13607.2{201_2603}	GATTACTAA AAAATGCTAA TCGCGAACTA AATGGATTTA TTGCCAAATA	
msa13607.2{201_A909}	GATTACTAA AAAATGCTAA TCGCGAACTA AATGGATTTA TTGCCAAATA	
msa13607.2{201_H36B}	GATTACTAA AAAATGCTAA TCGCGAACTA AATGGATTTA TTGCCAAATA	
msa13607.2{201_JM9130013}	GATTACTAA AAAATGCTAA TCGCGAACTA AATGGATTTA TTGCCAAATA	
msa13607.2{201_1169NT}	GATTACTAA AAAATGCTAA TCGCGAACTA AATGGATTTA TTGCCAAATA	
msa13607.2{201_M732}	GATTACTAA AAAATGCTAA TCGCGAACTA AATGGATTTA TTGCCAAATA	
Consensus	*****	*****
msa13607.2{201_COH1}	351 TAAAGATGCT ACTCCGGCAG AATTAGAGAA AAAACCAAAC TTGATtCAAA	400
msa13607.2{201_M781}	TAAAGATGCT ACTCCGGCAG AATTAGAGAA AAAACCAAAC TTGATtCAAA	
msa13607.2{201_090}	TAAAGATGCT ACTCCGGCAG AATTAGAGAA AAAACCAAAC TTGATtCAAA	
msa13607.2{201_CJB110}	TAAAGATGCT ACTCCGGCAG AATTAGAGAA AAAACCAAAC TTGATtCAAA	
msa13607.2{201_18RS21}	TAAAGATGCT ACTCCGGCAG AATTAGAGAA AAAACCAAAC TTGATtCAAA	
msa13607.2{201_2603}	TAAAGATGCT ACTCCGGCAG AATTAGAGAA AAAACCAAAC TTGATtCAAA	
msa13607.2{201_A909}	TAAAGATGCT ACTCCGGCAG AATTAGAGAA AAAACCAAAC TTGATtCAAA	
msa13607.2{201_H36B}	TAAAGATGCT ACTCCGGCAG AATTAGAGAA AAAACCAAAC TTGATtCAAA	
msa13607.2{201_JM9130013}	TAAAGATGCT ACTCCGGCAG AATTAGAGAA AAAACCAAAC TTGATtCAAA	
msa13607.2{201_1169NT}	TAAAGATGCT ACTCCGGCAG AATTAGAGAA AAAACCAAAC TTGATtCAAA	
msa13607.2{201_M732}	TAAAGATGCT ACTCCGGCAG AATTAGAGAA AAAACCAAAC TTGATtCAAA	
Consensus	*****	*****
msa13607.2{201_COH1}	401 AATTATTCAA ACAAGCAAG ACCTCgCTAC AGGAATTTTA TTTTGACTCA	450
msa13607.2{201_M781}	AATTATTCAA ACAAGCAAG ACCTCgCTAC AGGAATTTTA TTTTGACTCA	
msa13607.2{201_090}	AATTATTCAA ACAAGCAAG ACCTCgCTAC AGGAATTTTA TTTTGACTCA	
msa13607.2{201_CJB110}	AATTATTCAA ACAAGCAAG ACCTCgCTAC AGGAATTTTA TTTTGACTCA	
msa13607.2{201_18RS21}	AATTATTCAA ACAAGCAAG ACCTCgCTAC AGGAATTTTA TTTTGACTCA	
msa13607.2{201_2603}	AATTATTCAA ACAAGCAAG ACCTCgCTAC AGGAATTTTA TTTTGACTCA	
msa13607.2{201_A909}	AATTATTCAA ACAAGCAAG ACCTCgCTAC AGGAATTTTA TTTTGACTCA	
msa13607.2{201_H36B}	AATTATTCAA ACAAGCAAG ACCTCgCTAC AGGAATTTTA TTTTGACTCA	
msa13607.2{201_JM9130013}	AATTATTCAA ACAAGCAAG ACCTCgCTAC AGGAATTTTA TTTTGACTCA	
msa13607.2{201_1169NT}	AATTATTCAA ACAAGCAAG ACCTCaCTAC AGGAATTTTA TTTTGACTCA	
msa13607.2{201_M732}	AATTATTCAA ACAAGCAAG ACCTCgCTAC AGGAATTTTA TTTTGACTCA	
Consensus	*****	*****
msa13607.2{201_COH1}	451 CAAAACATCG AGCAAAAAAT GGATATGATG GCAGCaAATG TTGTCAAACA	500
msa13607.2{201_M781}	CAAAACATCG AGCAAAAAAT GGATATGATG GCAGCaAATG TTGTCAAACA	
msa13607.2{201_090}	CAAAACATCG AGCAAAAAAT GGATATGATG GCAGCaAATG TTGTCAAACA	
msa13607.2{201_CJB110}	CAAAACATCG AGCAAAAAAT GGATATGATG GCAGCaAATG TTGTCAAACA	
msa13607.2{201_18RS21}	CAAAACATCG AGCAAAAAAT GGATATGATG GCAGCaAATG TTGTCAAACA	
msa13607.2{201_2603}	CAAAACATCG AGCAAAAAAT GGATATGATG GCAGCaAATG TTGTCAAACA	
msa13607.2{201_A909}	CAAAACATCG AGCAAAAAAT GGATATGATG GCAGCaAATG TTGTCAAACA	
msa13607.2{201_H36B}	CAAAACATCG AGCAAAAAAT GGATATGATG GCAGCaAATG TTGTCAAACA	
msa13607.2{201_JM9130013}	CAAAACATCG AGCAAAAAAT GGATATGATG GCAGCaAATG TTGTCAAACA	
msa13607.2{201_1169NT}	CAAAACATCG AGCAAAAAAT GGATATGATG GCAGCaAATG TTGTCAAACA	
msa13607.2{201_M732}	CAAAACATCG AGCAAAAAAT GGATATGATG GCAGCaAATG TTGTCAAACA	
Consensus	*****	*****
msa13607.2{201_COH1}	501 AGAAGATACT TTGGCAAGAA ATATCGTCTC TGCTGAAATG CTCATTGAAG	550
msa13607.2{201_M781}	AGAAGATACT TTGGCAAGAA ATATCGTCTC TGCTGAAATG CTCATTGAAG	
msa13607.2{201_090}	AGAAGATACT TTGGCAAGAA ATATCGTCTC TGCTGAAATG CTCATTGAAG	
msa13607.2{201_CJB110}	AGAAGATACT TTGGCAAGAA ATATCGTCTC TGCTGAAATG CTCATTGAAG	
msa13607.2{201_18RS21}	AGAAGATACT TTGGCAAGAA ATATCGTCTC TGCTGAAATG CTCATTGAAG	
msa13607.2{201_2603}	AGAAGATACT TTGGCAAGAA ATATCGTCTC TGCTGAAATG CTCATTGAAG	
msa13607.2{201_A909}	AGAAGATACT TTGGCAAGAA ATATCGTCTC TGCTGAAATG CTCATTGAAG	
msa13607.2{201_H36B}	AGAAGATACT TTGGCAAGAA ATATCGTCTC TGCTGAAATG CTCATTGAAG	
msa13607.2{201_JM9130013}	AGAAGATACT TTGGCAAGAA ATATCGTCTC TGCTGAAATG CTCATTGAAG	
msa13607.2{201_1169NT}	AGAAGATACT TTGGCAAGAA ATATCGTCTC TGCTGAAATG CTCATTGAAG	
msa13607.2{201_M732}	AGAAGATACT TTGGCAAGAA ATATCGTCTC TGCTGAAATG CTCATTGAAG	
Consensus	*****	*****
msa13607.2{201_COH1}	551 ATAATACTAA ATCTATTGAA AATTGGTTG GAGTTAtTGC TTTTATTGAA	600
msa13607.2{201_M781}	ATAATACTAA ATCTATTGAA AATTGGTTG GAGTTAtTGC TTTTATTGAA	
msa13607.2{201_090}	ATAATACTAA ATCTATTGAA AATTGGTTG GAGTTAtTGC TTTTATTGAA	
msa13607.2{201_CJB110}	ATAATACTAA ATCTATTGAA AATTGGTTG GAGTTAtTGC TTTTATTGAA	
msa13607.2{201_18RS21}	ATAATACTAA ATCTATTGAA AATTGGTTG GAGTTAtTGC TTTTATTGAA	



Table 52: Comparative Sequences relating to SAG 1823

msa13607.2{201_2603}	ATAATACTAA	ATCTATTGAA	AATTTGGTTG	GAGTTATGTC	TTTTATTGAA
msa13607.2{201_A909}	ATAATACTAA	ATCTATTGAA	AATTTGGTTG	GAGTTATGTC	TTTTATTGAA
msa13607.2{201_H36B}	ATAATACTAA	ATCTATTGAA	AATTTGGTTG	GAGTTATGTC	TTTTATTGAA
msa13607.2{201_JM9130013}	ATAATACTAA	ATCTATTGAA	AATTTGGTTG	GAGTTATGTC	TTTTATTGAA
msa13607.2{201_1169NT}	ATAATACTAA	ATCTATTGAA	AATTTGGTTG	GAGTTATGTC	TTTTATTGAA
msa13607.2{201_M732}	ATAATACTAA	ATCTATTGAA	AATTTGGTTG	GAGTTATGTC	TTTTATTGAA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
601					650
msa13607.2{201_COH1}	TCGAGTCAAG	CCGAGGCTGC	CAATCGTGCA	AGCCACTTAC	AACAAGAAAT
msa13607.2{201_M781}	TCGAGTCAAG	CCGAGGCTGC	CAATCGTGCA	AGCCACTTAC	AACAAGAAAT
msa13607.2{201_090}	TCGAGTCAAG	CCGAGGCTGC	CAATCGTGCA	AGCCACTTAC	AACAAGAAAT
msa13607.2{201_CJB110}	TCGAGTCAAG	CCGAGGCTGC	CAATCGTGCA	AGCCACTTAC	AACAAGAAAT
msa13607.2{201_18RS21}	TCGAGTCAAG	CCGAGGCTGC	CAATCGTGCA	AGCCACTTAC	AACAAGAAAT
msa13607.2{201_2603}	TCGAGTCAAG	CCGAGGCTGC	CAATCGTGCA	AGCCACTTAC	AACAAGAAAT
msa13607.2{201_A909}	TCGAGTCAAG	CCGAGGCTGC	CAATCGTGCA	AGCCACTTAC	AACAAGAAAT
msa13607.2{201_H36B}	TCGAGTCAAG	CCGAGGCTGC	CAATCGTGCA	AGCCACTTAC	AACAAGAAAT
msa13607.2{201_JM9130013}	TCGAGTCAAG	CCGAGGCTGC	CAATCGTGCA	AGCCACTTAC	AACAAGAAAT
msa13607.2{201_1169NT}	TCGAGTCAAG	CCGAGGCTGC	CAATCGTGCA	AGCCACTTAC	AACAAGAAAT
msa13607.2{201_M732}	TCGAGTCAAG	CCGAGGCTGC	CAATCGTGCA	AGCCACTTAC	AACAAGAAAT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
651					700
msa13607.2{201_COH1}	TCTAGCATT	GATAGCCAAA	CGTCCGAATA	TCAAATTAAA	AGTAACCAAT
msa13607.2{201_M781}	TCTAGCATT	GATAGCCAAA	CGTCCGAATA	TCAAATTAAA	AGTAACCAAT
msa13607.2{201_090}	TCTAGCATT	GATAGCCAAA	CGTCCGAATA	TCAAATTAAA	AGTAACCAAT
msa13607.2{201_CJB110}	TCTAGCATT	GATAGCCAAA	CGTCCGAATA	TCAAATTAAA	AGTAACCAAT
msa13607.2{201_18RS21}	TCTAGCATT	GATAGCCAAA	CGTCCGAATA	TCAAATTAAA	AGTAACCAAT
msa13607.2{201_2603}	TCTAGCATT	GATAGCCAAA	CGTCCGAATA	TCAAATTAAA	AGTAACCAAT
msa13607.2{201_A909}	TCTAGCATT	GATAGCCAAA	CGTCCGAATA	TCAAATTAAA	AGTAACCAAT
msa13607.2{201_H36B}	TCTAGCATT	GATAGCCAAA	CGTCCGAATA	TCAAATTAAA	AGTAACCAAT
msa13607.2{201_JM9130013}	TCTAGCATT	GATAGCCAAA	CGTCCGAATA	TCAAATTAAA	AGTAACCAAT
msa13607.2{201_1169NT}	TCTAGCATT	GATAGCCAAA	CGTCCGAATA	TCAAATTAAA	AGTAACCAAT
msa13607.2{201_M732}	TCTAGCATT	GATAGCCAAA	CGTCCGAATA	TCAAATTAAA	AGTAACCAAT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
701					750
msa13607.2{201_COH1}	TAGCtCGAAT	GACTGAAGTT	ATCAATACCC	TCGAACAGCA	ACATaCgGAA
msa13607.2{201_M781}	TAGCtCGAAT	GACTGAAGTT	ATCAATACCC	TCGAACAGCA	ACATaCgGAA
msa13607.2{201_090}	TAGCtCGAAT	GACTGAAGTT	ATCAATACCC	TCGAACAGCA	ACATaCtGAA
msa13607.2{201_CJB110}	TAGCtCGAAT	GACTGAAGTT	ATCAATACCC	TCGAACAGCA	ACATaCtGAA
msa13607.2{201_18RS21}	TAGCtCGAAT	GACTGAAGTT	ATCAATACCC	TCGAACAGCA	ACATaCtGAA
msa13607.2{201_2603}	TAGCtCGAAT	GACTGAAGTT	ATCAATACCC	TCGAACAGCA	ACATaCtGAA
msa13607.2{201_A909}	TAGCtCGAAT	GACTGAAGTT	ATCAATACCC	TCGAACAGCA	ACATaCtGAA
msa13607.2{201_H36B}	TAGCtCGAAT	GACTGAAGTT	ATCAATACCC	TCGAACAGCA	ACATaCtGAA
msa13607.2{201_JM9130013}	TAGCtCGAAT	GACTGAAGTT	ATCAATACCC	TCGAACAGCA	ACATaCtGAA
msa13607.2{201_1169NT}	TAGCtCGAAT	GACTGAAGTT	ATCAATACCC	TCGAACAGCA	ACATaCtGAA
msa13607.2{201_M732}	TAGCtCGAAT	GACTGAAGTT	ATCAATACCC	TCGAACAGCA	ACATaCgGAA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
751					800
msa13607.2{201_COH1}	TATGTCAGCC	GTCTCTACGT	TGCATGGGCA	ACAACACCAC	AGATGCGAAA
msa13607.2{201_M781}	TATGTCAGCC	GTCTCTACGT	TGCATGGGCA	ACAACACCAC	AGATGCGAAA
msa13607.2{201_090}	TATGTCAGCC	GTCTCTACGT	TGCATGGGCA	ACAACACCAC	AGATGCGAAA
msa13607.2{201_CJB110}	TATGTCAGCC	GTCTCTACGT	TGCATGGGCA	ACAACACCAC	AGATGCGAAA
msa13607.2{201_18RS21}	TATGTCAGCC	GTCTCTACGT	TGCATGGGCA	ACAACACCAC	AGATGCGAAA
msa13607.2{201_2603}	TATGTCAGCC	GTCTCTACGT	TGCATGGGCA	ACAACACCAC	AGATGCGAAA
msa13607.2{201_A909}	TATGTCAGCC	GTCTCTACGT	TGCATGGGCA	ACAACACCAC	AGATGCGAAA
msa13607.2{201_H36B}	TATGTCAGCC	GTCTCTACGT	TGCATGGGCA	ACAACACCAC	AGATGCGAAA
msa13607.2{201_JM9130013}	TATGTCAGCC	GTCTCTACGT	TGCATGGGCA	ACAACACCAC	AGATGCGAAA
msa13607.2{201_1169NT}	TATGTCAGCC	GTCTCTACGT	TGCATGGGCA	ACAACACCAC	AGATGCGAAA
msa13607.2{201_M732}	TATGTCAGCC	GTCTCTACGT	TGCATGGGCA	ACAACACCAC	AGATGCGAAA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
801					850
msa13607.2{201_COH1}	CTTGGTCAAA	GTATCGTCAG	ATATGCGTCA	gAAACTTGGt	ATGTTACGTC
msa13607.2{201_M781}	CTTGGTCAAA	GTATCGTCAG	ATATGCGTCA	gAAACTTGGt	ATGTTACGTC
msa13607.2{201_090}	CTTGGTCAAA	GTATCGTCAG	ATATGCGTCA	gAAACTTGGc	ATGTTACGTC
msa13607.2{201_CJB110}	CTTGGTCAAA	GTATCGTCAG	ATATGCGTCA	gAAACTTGGc	ATGTTACGTC
msa13607.2{201_18RS21}	CTTGGTCAAA	GTATCGTCAG	ATATGCGTCA	gAAACTTGGc	ATGTTACGTC
msa13607.2{201_2603}	CTTGGTCAAA	GTATCGTCAG	ATATGCGTCA	gAAACTTGGc	ATGTTACGTC
msa13607.2{201_A909}	CTTGGTCAAA	GTATCGTCAG	ATATGCGTCA	gAAACTTGGc	ATGTTACGTC

Table 52: Comparative Sequences relating to SAG 1823

msa13607.2{201_H36B}	CTTGGTCAAA	GTATCGTCAG	ATATGCGTCA	aAAACTTGGc	ATGTTACGTC
msa13607.2{201_JM9130013}	CTTGGTCAAA	GTATCGTCAG	ATATGCGTCA	aAAACTTGGc	ATGTTACGTC
msa13607.2{201_1169NT}	CTTGGTCAAA	GTATCGTCAG	ATATGCGTCA	aAAACTTGGc	ATGTTACGTC
msa13607.2{201_M732}	CTTGGTCAAA	GTATCGTCAG	ATATGCGTCA	gAAACTTGGt	ATGTTACGTC
Consensus	*****	*****	*****	-*****	*****
msa13607.2{201_COH1}	GAAATACCAT	TCCAACAATG	AAACTCTCAA	TCGCTCAGTT	AGGCATGATG
msa13607.2{201_M781}	GAAATACCAT	TCCAACAATG	AAACTCTCAA	TCGCTCAGTT	AGGCATGATG
msa13607.2{201_090}	GAAATACCAT	TCCAACAATG	AAACTCTCAA	TCGCTCAGTT	AGGCATGATG
msa13607.2{201_CJB110}	GAAATACCAT	TCCAACAATG	AAACTCTCAA	TCGCTCAGTT	AGGCATGATG
msa13607.2{201_18RS21}	GAAATACCAT	TCCAACAATG	AAACTCTCAA	TCGCTCAGTT	AGGCATGATG
msa13607.2{201_2603}	GAAATACCAT	TCCAACAATG	AAACTCTCAA	TCGCTCAGTT	AGGCATGATG
msa13607.2{201_A909}	GAAATACCAT	TCCAACAATG	AAACTCTCAA	TCGCTCAGTT	AGGCATGATG
msa13607.2{201_H36B}	GAAATACCAT	TCCAACAATG	AAACTCTCAA	TCGCTCAGTT	AGGCATGATG
msa13607.2{201_JM9130013}	GAAATACCAT	TCCAACAATG	AAACTCTCAA	TCGCTCAGTT	AGGCATGATG
msa13607.2{201_1169NT}	GAAATACCAT	TCCAACAATG	AAACTCTCAA	TCGCTCAGTT	AGGCATGATG
msa13607.2{201_M732}	GAAATACCAT	TCCAACAATG	AAACTCTCAA	TCGCTCAGTT	AGGCATGATG
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa13607.2{201_COH1}	CAACAATCTG	TCAAATCCGG	TGTCACGTCT	GATGCTATTG	TCAACGCTAA
msa13607.2{201_M781}	CAACAATCTG	TCAAATCCGG	TGTCACGTCT	GATGCTATTG	TCAACGCTAA
msa13607.2{201_090}	CAACAATCTG	TCAAATCCGG	TGTCACGTCT	GATGCTATTG	TCAACGCTAA
msa13607.2{201_CJB110}	CAACAATCTG	TCAAATCCGG	TGTCACGTCT	GATGCTATTG	TCAACGCTAA
msa13607.2{201_18RS21}	CAACAATCTG	TCAAATCCGG	TGTCACGTCT	GATGCTATTG	TCAACGCTAA
msa13607.2{201_2603}	CAACAATCTG	TCAAATCCGG	TGTCACGTCT	GATGCTATTG	TCAACGCTAA
msa13607.2{201_A909}	CAACAATCTG	TCAAATCCGG	TGTCACGTCT	GATGCTATTG	TCAACGCTAA
msa13607.2{201_H36B}	CAACAATCTG	TCAAATCCGG	TGTCACGTCT	GATGCTATTG	TCAACGCTAA
msa13607.2{201_JM9130013}	CAACAATCTG	TCAAATCCGG	TGTCACGTCT	GATGCTATTG	TCAACGCTAA
msa13607.2{201_1169NT}	CAACAATCTG	TCAAATCCGG	TGTCACGTCT	GATGCTATTG	TCAACGCTAA
msa13607.2{201_M732}	CAACAATCTG	TCAAATCCGG	TGTCACGTCT	GATGCTATTG	TCAACGCTAA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa13607.2{201_COH1}	TAATGCAGCA	TTGCAaATGC	TGGCTGAAAC	TAGTAAAGAA	GCGATTCCGA
msa13607.2{201_M781}	TAATGCAGCA	TTGCAaATGC	TGGCTGAAAC	TAGTAAAGAA	GCGATTCCGA
msa13607.2{201_090}	TAATGCAGCA	TTGCAgATGC	TGGCTGAAAC	TAGTAAAGAA	GCGATTCCGA
msa13607.2{201_CJB110}	TAATGCAGCA	TTGCagATGC	TGGCTGAAAC	TAGTAAAGAA	GCGATTCCGA
msa13607.2{201_18RS21}	TAATGCAGCA	TTGCagATGC	TGGCTGAAAC	TAGTAAAGAA	GCGATTCCGA
msa13607.2{201_2603}	TAATGCAGCA	TTGCagATGC	TGGCTGAAAC	TAGTAAAGAA	GCGATTCCGA
msa13607.2{201_A909}	TAATGCAGCA	TTGCagATGC	TGGCTGAAAC	TAGTAAAGAA	GCGATTCCGA
msa13607.2{201_H36B}	TAATGCAGCA	TTGCagATGC	TGGCTGAAAC	TAGTAAAGAA	GCGATTCCGA
msa13607.2{201_JM9130013}	TAATGCAGCA	TTGCagATGC	TGGCTGAAAC	TAGTAAAGAA	GCGATTCCGA
msa13607.2{201_1169NT}	TAATGCAGCA	TTGCagATGC	TGGCTGAAAC	TAGTAAAGAA	GCGATTCCGA
msa13607.2{201_M732}	TAATGCAGCA	TTGCaaATGC	TGGCTGAAAC	TAGTAAAGAA	GCGATTCCGA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa13607.2{201_COH1}	TGTTAGAGAA	GACCGCACAA	AGCCCCACTG	TTTCTATTAA	ATCTGTCACT
msa13607.2{201_M781}	TGTTAGAGAA	GACCGCACAA	AGCCCCACTG	TTTCTATTAA	ATCTGTCACT
msa13607.2{201_090}	TGTTAGAGAA	GACCGCACAA	AGCCCCACTG	TTTCTATTAA	ATCTGTCACT
msa13607.2{201_CJB110}	TGTTAGAGAA	GACCGCACAA	AGCCCCACTG	TTTCTATTAA	ATCTGTCACT
msa13607.2{201_18RS21}	TGTTAGAGAA	GACCGCACAA	AGCCCCACTG	TTTCTATTAA	ATCTGTCACT
msa13607.2{201_2603}	TGTTAGAGAA	GACCGCACAA	AGCCCCACTG	TTTCTATTAA	ATCTGTCACT
msa13607.2{201_A909}	TGTTAGAGAA	GACCGCACAA	AGCCCCACTG	TTTCTATTAA	ATCTGTCACT
msa13607.2{201_H36B}	TGTTAGAGAA	GACCGCACAA	AGCCCCACTG	TTTCTATTAA	ATCTGTCACT
msa13607.2{201_JM9130013}	TGTTAGAGAA	GACCGCACAA	AGCCCCACTG	TTTCTATTAA	ATCTGTCACT
msa13607.2{201_1169NT}	TGTTAGAGAA	GACCGCACAA	AGCCCCACTG	TTTCTATTAA	ATCTGTCACT
msa13607.2{201_M732}	TGTTAGAGAA	GACCGCACAA	AGCCCCACTG	TTTCTATTAA	ATCTGTCACT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa13607.2{201_COH1}	GCATTAGCTG	AAAGCTTAGT	GGCTCAAAAT	AATGGTATTA	TCGCTGCCAT
msa13607.2{201_M781}	GCATTAGCTG	AAAGCTTAGT	GGCTCAAAAT	AATGGTATTA	TCGCTGCCAT
msa13607.2{201_090}	GCATTAGCTG	AAAGCTTAGT	GGCTCAAAAT	AATGGTATTA	TCGCTGCCAT
msa13607.2{201_CJB110}	GCATTAGCTG	AAAGCTTAGT	GGCTCAAAAT	AATGGTATTA	TCGCTGCCAT
msa13607.2{201_18RS21}	GCATTAGCTG	AAAGCTTAGT	GGCTCAAAAT	AATGGTATTA	TCGCTGCCAT
msa13607.2{201_2603}	GCATTAGCTG	AAAGCTTAGT	GGCTCAAAAT	AATGGTATTA	TCGCTGCCAT
msa13607.2{201_A909}	GCATTAGCTG	AAAGCTTAGT	GGCTCAAAAT	AATGGTATTA	TCGCTGCCAT
msa13607.2{201_H36B}	GCATTAGCTG	AAAGCTTAGT	GGCTCAAAAT	AATGGTATTA	TCGCTGCCAT
msa13607.2{201_JM9130013}	GCATTAGCTG	AAAGCTTAGT	GGCTCAAAAT	AATGGTATTA	TCGCTGCCAT
msa13607.2{201_1169NT}	GCATTAGCTG	AAAGCTTAGT	GGCTCAAAAT	AATGGTATTA	TCGCTGCCAT

Table 52: Comparative Sequences relating to SAG 1823

msa13607.2{201_M732}	GCATTAGCTG	AAAGCTTAGT	GGCTCAAAAT	AATGGTATTA	TCGCTGCCAT
Consensus	*****-***	*****	*****	*****	*****
	1101				1150
msa13607.2{201_COH1}	AGACAAAGGA	CGTAAgGAAC	GTGCCCCAATT	aGAATCTGCT	GTTATTAAAT
msa13607.2{201_M781}	AGACAAAGGA	CGTAAgGAAC	GTGCCCCAATT	aGAATCTGCT	GTTATTAAAT
msa13607.2{201_090}	AGACAAAGGA	CGTAAgGAAC	GTGCCCCAATT	gGAATCTGCT	GTTATTAAAT
msa13607.2{201_CJB110}	AGACAAAGGA	CGTAAgGAAC	GTGCCCCAATT	gGAATCTGCT	GTTATTAAAT
msa13607.2{201_18RS21}	AGACAAAGGA	CGTAAgGAAC	GTGCCCCAATT	gGAATCTGCT	GTTATTAAAT
msa13607.2{201_2603}	AGACAAAGGA	CGTAAgGAAC	GTGCCCCAATT	gGAATCTGCT	GTTATTAAAT
msa13607.2{201_A909}	AGACAAAGGA	CGTAAaGAAC	GTGCCCCAATT	aGAATCTGCT	GTTATTAAAT
msa13607.2{201_H36B}	AGACAAAGGA	CGTAAaGAAC	GTGCCCCAATT	aGAATCTGCT	GTTATTAAAT
msa13607.2{201_JM9130013}	AGACAAAGGA	CGTAAgGAAC	GTGCCCCAATT	aGAATCTGCT	GTTATTAAAT
msa13607.2{201_1169NT}	AGACAAAGGA	CGTAAgGAAC	GTGCCCCAATT	aGAATCTGCT	GTTATTAAAT
msa13607.2{201_M732}	AGACAAAGGA	CGTAAgGAAC	GTGCCCCAATT	aGAATCTGCT	GTTATTAAAT
Consensus	*****	*****-***	*****	-*****	*****
	1151				1200
msa13607.2{201_COH1}	CGGCTGAAAC	AATCAATGAT	TCTGTCAAAA	TTCGTGATAA	AAAAATAGTT
msa13607.2{201_M781}	CGGCTGAAAC	AATCAATGAT	TCTGTCAAAA	TTCGTGATAA	AAAAATAGTT
msa13607.2{201_090}	CGGCTGAAAC	AATCAATGAT	TCTGTCAAAA	TTCGTGATAA	AAAAATAGTT
msa13607.2{201_CJB110}	CGGCTGAAAC	AATCAATGAT	TCTGTCAAAA	TTCGTGATAA	AAAAATAGTT
msa13607.2{201_18RS21}	CGGCTGAAAC	AATCAATGAT	TCTGTCAAAA	TTCGTGATAA	AAAAATAGTT
msa13607.2{201_2603}	CGGCTGAAAC	AATCAATGAT	TCTGTCAAAA	TTCGTGATAA	AAAAATAGTT
msa13607.2{201_A909}	CGGCTGAAAC	AATCAATGAT	TCTGTCAAAA	TTCGTGATAA	AAAAATAGTT
msa13607.2{201_H36B}	CGGCTGAAAC	AATCAATGAT	TCTGTCAAAA	TTCGTGATAA	AAAAATAGTT
msa13607.2{201_JM9130013}	CGGCTGAAAC	AATCAATGAT	TCTGTCAAAA	TTCGTGATAA	AAAAATAGTT
msa13607.2{201_1169NT}	CGGCTGAAAC	AATCAATGAT	TCTGTCAAAA	TTCGTGATAA	AAAAATAGTT
msa13607.2{201_M732}	CGGCTGAAAC	AATCAATGAT	TCTGTCAAAA	TTCGTGATAA	AAAAATAGTT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
	1201				1250
msa13607.2{201_COH1}	GAAGCCTTAC	TCAACGAAGG	TAAATCTACC	CAAGAAAAAG	ttgatgagtc
msa13607.2{201_M781}	GAAGCCTTAC	TCAACGAAGG	TAAATCTACC	CAAGAAAAAG	ttgatgagtc
msa13607.2{201_090}	GAAGCCTTAC	TCAACGAAGG	TAAATCTACC	CAAGAAAAAG	ttgatgagtc
msa13607.2{201_CJB110}	GAAGCCTTAC	TCAACGAAGG	TAAATCTACC	CAAGAAAAAG	ttgatgagtc
msa13607.2{201_18RS21}	GAAGCCTTAC	TCAACGAAGG	TAAATCTACC	CAAGAAAAAG	ttgatgagtc
msa13607.2{201_2603}	GAAGCCTTAC	TCAACGAAGG	TAAATCTACC	CAAGAAAAAG	ttgatgagtc
msa13607.2{201_A909}	GAAGCCTTAC	TCAACGAAGG	TAAATCTACC	CAAGAAAAAG	ttgatgagtc
msa13607.2{201_H36B}	GAAGCCTTAC	TCAACGAAGG	TAAATCTACC	CAAGAAAAAG	ttgatgagtc
msa13607.2{201_JM9130013}	GAAGCCTTAC	TCAACGAAGG	TAAATCTACC	CAAGAAAAAG	ttgatgagtc
msa13607.2{201_1169NT}	GAAGCCTTAC	TCAACGAAGG	TAAATCTACC	CAAGAAAAAG	ttgatgagtc
msa13607.2{201_M732}	GAAGCCTTAC	TCAACGAAGG	TAAATCTACC	CAAGAAAAAG	ttgatgagtc
Consensus	*****	*****	*****	*****	-----
	1251				
msa13607.2{201_COH1}	t				
msa13607.2{201_M781}	t				
msa13607.2{201_090}	t				
msa13607.2{201_CJB110}	t				
msa13607.2{201_18RS21}	t				
msa13607.2{201_2603}	t				
msa13607.2{201_A909}	t				
msa13607.2{201_H36B}	t				
msa13607.2{201_JM9130013}	t				
msa13607.2{201_1169NT}	t				
msa13607.2{201_M732}	-				
Consensus	-				

## SEQ ID NO. 5212

STRAIN 090 frame: 1

SDTFNFDIDQIADNAITKTDKITEIISNQTTSQTGQIAFFEKLTTPAQKSAISEKTPALVD  
TFVGDQNALDFFGQSAVSGVNTTVNHILSEQKKI QI PQVDDLLKNANRELNGFIKQYKDA  
TPAELEKKPNLIQKLFQKSKTSLQSFYFDSQNI EQKMDMAANVVKQEDTLARNIVSAEM  
LI EDNFKSIENLVGVIAFIESSQABAANRASHLQOEILALDSQTSSEYQIKSNQLARMTEV  
INTLEQQHTYRYSRLYVAVATTPQMRNLVKVSSDMRQKLGMLRRNTIPTMKLSIAQLGMM  
QQSVKSGVTADAI VNANNAALQMLAETSKEAI PMLBKTAQSPTVSIKSVTALABSLVAQN  
NGIIAIDKGRKERAQLES AVIKSAETINDSVKIRDKKIVBALLNEGKSTQEKVDES

## SEQ ID NO. 52013

STRAIN A909 frame: 1

SDTFNFDIDQIADNAITKTDKITEIISNQTTSQTGQIAFFEKLTTPAQKSAISEKTPALVD  
TFVGDQNALDFFGQSAVSGVNTTVNHILSEQKKI QI PQVDDLLKNANRELNGFIKQYKDA  
TPAELEKKPNLIQKLFQKSKTSLQSFYFDSQNI EQKMDMAANVVKQEDTLARNIVSAEM

Table 52: Comparative Sequences relating to SAG 1823

LIEDNTKSIENLVGVXAFIESSQAEANRASHLQOEILALDSQTSEYQIKSNQLARMTEV  
INTLEQQHTEYVSRLYVAVATTQPMRNLVKVSSDMRQKLGMLRRNTIPTMKLSIAQLGMM  
QQSVKSGVTADAI VNANNAALQMLAETSKEAIPMLEKTAQSPTVSIKSVTALAESLVAQN  
NGIIAAIDKGRKERAQLES AVIKSAETINDSVKIRDKKIVEALLNEGKSTQEKVDES

## SEQ ID NO. 5214

STRAIN H36B frame: 1

SDTFNFDIDQIADNAITKTDKTEIISNQTTSTGTGQIAFFFEKLTTPAKSAISEKTPALVD  
TFVGDQNALDQFQSAVEGVNTTVNHILSEQKKIQIPQVDDLLKNANRELNGFIAKYKDA  
TPAELEKKPNLIQKLFQKSKTSLQEFYFDSQNI EQKMDMAANVVQEDTLARNIVSAEM  
LIEDNTKSIENLVGVIAFIESSQAEANRASHLQOEILALDSQTSEYQIKSNQLARMTEV  
INTLEQQHTEYVSRLYVAVATTQPMRNLVKVSSDMRQKLGMLRRNTIPTMKLSIAQLGMM  
QQSVKSGVTADAI VNANNAALQMLAETSKEAIPMLEKTAQSPTVSIKSVTALAESLVAQN  
NGIIAAIDKGRKERAQLES AVIKSAETINDSVKIRDKKIVEALLNEGKSTQEKVDES

## SEQ ID NO. 5215

STRAIN 18RS21 frame: 2

FDIDQIADNAITKTDKTEIISNQTTSTGTGQIAFFFEKLTTPAKSAISEKTPALVDTFVGD  
QNALDQFQSAVEGVNTTVNHILSEQKKIQIPQVDDLLKNANRELNGFIAKYKDATPAEL  
EKKPNLIQKLFQKSKTSLQEFYFDSQNI EQKMDMAANVVQEDTLARNIVSAEMLI EDN  
TKSIENLVGVIAFIESSQAEANRASHLQOEILALDSQTSEYQIKSNQLARMTEVINTLE  
QQHTEYVSRLYVAVATTQPMRNLVKVSSDMRQKLGMLRRNTIPTMKLSIAQLGMMQQSVK  
SGVTADAI VNANNAALQMLAETSKEAIPMLEKTAQSPTVSIKSVTALAESLVAQNNGII AA  
AIDKGRKERAQLES AVIKSAETINDSVKIRDKKIVEALLNEGKSTQEKVDES

## SEQ ID NO. 5216

STRAIN M732 frame: 1

SDTFNFDIDQIADNAITKTDKTEIISNQTTSTGTGQIAFFFEKLTTPAKSAISEKTPALVD  
TFVGDQNALDQFQSAVEGVNTTVNHILSEQKKIQIPQVDDLLKNANRELNGFIAKYKDA  
TPAELEKKPNLIQKLFQKSKTSLQEFYFDSQNI EQKMDMAANVVQEDTLARNIVSAEM  
LIEDNTKSIENLVGVIAFIESSQAEANRASHLQOEILALDSQTSEYQIKSNQLARMTEV  
INTLEQQHTEYVSRLYVAVATTQPMRNLVKVSSDMRQKLGMLRRNTIPTMKLSIAQLGMM  
QQSVKSGVTADAI VNANNAALQMLAETSKEAIPMLEKTAQSPTVSIKSVTALAESLVAQN  
NGIIAAIDKGRKERAQLES AVIKSAETINDSVKIRDKKIVEALLNEGKSTQEKVDES

## SEQ ID NO. 5217

STRAIN COH1 frame: 3

KTDKTEIISNQTTCTGTGQIAFFFEKLTTPAKSAXSEKTPALVDTFVGDQNALDQFQSAV  
EGVNTTVNHILSEQKKIQIPQVDDLLKNANRELNGFIAKYKDATPAELEKKPNLIQKLFK  
QSKTSLQEFYFDSQNI EQKMDMAANVVQEDTLARNIVSAEMLI EDNTKSIENLVGVIA  
FIESSQAEANRASHLQOEILALDSQTSEYQIKSNQLARMTEVINTLEQQHTEYVSRLYV  
AVATTQPMRNLVKVSSDMRQKLGMLRRNTIPTMKLSIAQLGMMQQSVKSGVTADAI VNAN  
NAALQMLAETSKEAIPMLEKTAQSPTVSIKSVTALAESLVAQNNGII AAIDKGRKERAQ  
LES AVIKSAETINDSVKIRDKKIVEALLNEGKSTQEKVDES

## SEQ ID NO. 5218

STRAIN COH1 frame: 3

KTDKTEIISNQTTCTGTGQIAFFFEKLTTPAKSAXSEKTPALVDTFVGDQNALDQFQSAV  
EGVNTTVNHILSEQKKIQIPQVDDLLKNANRELNGFIAKYKDATPAELEKKPNLIQKLFK  
QSKTSLQEFYFDSQNI EQKMDMAANVVQEDTLARNIVSAEMLI EDNTKSIENLVGVIA  
FIESSQAEANRASHLQOEILALDSQTSEYQIKSNQLARMTEVINTLEQQHTEYVSRLYV  
AVATTQPMRNLVKVSSDMRQKLGMLRRNTIPTMKLSIAQLGMMQQSVKSGVTADAI VNAN  
NAALQMLAETSKEAIPMLEKTAQSPTVSIKSVTALAESLVAQNNGII AAIDKGRKERAQ  
LES AVIKSAETINDSVKIRDKKIVEALLNEGKSTQEKVDES

## SEQ ID NO. 5219

STRAIN M781 frame: 2

FDIDQIADNAITKTDKTEIISNQTTSTGTGQIAFFFEKLTTPAKSAISEKTPALVDTFVGD  
QNALDQFQSAVEGVNTTVNHILSEQKKIQIPQVDDLLKNANRELNGFIAKYKDATPAEL  
EKKPNLIQKLFQKSKTSLQEFYFDSQNI EQKMDMAANVVQEDTLARNIVSAEMLI EDN  
TKSIENLVGVIAFIESSQAEANRASHLQOEILALDSQTSEYQIKSNQLARMTEVINTLE  
QQHTEYVSRLYVAVATTQPMRNLVKVSSDMRQKLGMLRRNTIPTMKLSIAQLGMMQQSVK  
SGVTADAI VNANNAALQMLAETSKEAIPMLEKTAQSPTVSIKSVTALAESLVAQNNGII AA  
AIDKGRKERAQLES AVIKSAETINDSVKIRDKKIVEALLNEGKSTQEKVDES

## SEQ ID NO. 5220

STRAIN CJB110 frame: 2

FDIDQIADNAITKTDKTEIISNQTTSTGTGQIAFFFEKLTTPAKSAISEKTPALVDTFVGD  
QNALDQFQSAVEGVNTTVNHILSEQKKIQIPQVDDLLKNANRELNGFIAKYKDATPAEL  
EKKPNLIQKLFQKSKTSLQEFYFDSQNI EQKMDMAANVVQEDTLARNIVSAEMLI EDN  
TKSIENLVGVIAFIESSQAEANRASHLQOEILALDSQTSEYQIKSNQLARMTEVINTLE  
QQHTEYVSRLYVAVATTQPMRNLVKVSSDMRQKLGMLRRNTIPTMKLSIAQLGMMQQSVK  
SGVTADAI VNANNAALQMLAETSKEAIPMLEKTAQSPTVSIKSVTALAESLVAQNNGII AA  
AIDKGRKERAQLES AVIKSAETINDSVKIRDKKIVEALLNEGKSTQEKVDES

## SEQ ID NO. 5221

STRAIN 1169NT frame: 1

ADNAITKTDKTEIISNQTTSTGTGQIAFFFEKLTTPAKSAISEKTPALVDTFVGDQNALD  
FQSAVEGVNTTVNHILSEQKKIQIPQVDDLLKNANRELNGFIAKYKDATPAELEKKPNLI  
QKLFQKSKTSLQEFYFDSQNI EQKMDMAANVVQEDTLARNIVSAEMLI EDNTKSIEN  
LVGVIAFIESSQAEANRASHLQOEILALDSQTSEYQIKSNQLARMTEVINTLEQQHTEY  
VSRLYVAVATTQPMRNLVKVSSDMRQKLGMLRRNTIPTMKLSIAQLGMMQQSVKSGVTAD  
AI VNANNAALQMLAETSKEAIPMLEKTAQSPTVSIKSVTALAESLVAQNNGII AAIDGR

Table 52: Comparative Sequences relating to SAG 1823

KERAQLESAVIKSAETINDSVKIRDKKIVEALLNEGKSTQEKVDES

SEQ ID NO. 5222

STRAIN JM9130013 frame: 1

SDTFNFDIDQIADNAITKTDKTTTEIISNQTTSTQGIQIAFFFEKLTPAQKSAISEKTPALVD  
 TFVGDQNALLDGQSAVEGVNTTVNHILSEQKKIQIPQVDDLLKNANRELNGFIQKDA  
 TPAELEKKPNLIQKLFQKSKTSLQEFYFDSQNIQKMDMMANVVKQEDTLARNIVSAEM  
 LIEDNTKSIE NLVGVIAFIESSQAEANRASHLQOEILALDSQTSYQIKSNQLARMTEV  
 INTLEQQHTFEYVSRLYVAWATTPQMRNLVKVSSDMRQKLGMLRRNTIPTMKLSIAQLGMM  
 QQSVKSGVTADAI VNANNAALQMLAETSKEAIPMLEKTAQSPVTSIKSVTALAESLVAQN  
 NGIIAAIDKGRKERAQLESAVIKSAETINDSVKIRDKKIVEALLNEGKSTQEKVDES

SEQ ID NO. 5223

STRAIN 2603 frame: 1

SDTFNFDIDQIADNAITKTDKTTTEIISNQTTSTQGIQIAFFFEKLTPAQKSAISEKTPALVD  
 TFVGDQNALLDGQSAVEGVNTTVNHILSEQKKIQIPQVDDLLKNANRELNGFIQKDA  
 TPAELEKKPNLIQKLFQKSKTSLQEFYFDSQNIQKMDMMANVVKQEDTLARNIVSAEM  
 LIEDNTKSIE NLVGVIAFIESSQAEANRASHLQOEILALDSQTSYQIKSNQLARMTEV  
 INTLEQQHPEYVSRLYVAWATTPQMRNLVKVSSDMRQKLGMLRRNTIPTMKLSIAQLGMM  
 QQSVKSGVTADAI VNANNAALQMLAETSKEAIPMLEKTAQSPVTSIKSVTALAESLVAQN  
 NGIIAAIDKGRKERAQLESAVIKSAETINDSVKIRDKKIVEALLNEGKSTQEKVDES

PRETTY of: /biotmp/msa28369.2{\*} April 22, 2002 04:27 ..

	1				50
msa28369.2{201_090}	sdtfnfdidq	iadnaitKTD	KTTEIISNQT	TsQTGQIAFF	EKLTPAQKSA
msa28369.2{201_1169NT}	-----	-adnaitKTD	KTTEIISNQT	TsQTGQIAFF	EKLTPAQKSA
msa28369.2{201_A909}	sdtfnfdidq	iadnaitKTD	KTTEIISNQT	TsQTGQIAFF	EKLTPAQKSA
msa28369.2{201_JM9130013}	sdtfnfdidq	iadnaitKTD	KTTEIISNQT	TsQTGQIAFF	EKLTPAQKSA
msa28369.2{201_COH1}	-----	-----KTD	KTTEIISNQT	TcQTGQIAFF	EKLTPAQKSA
msa28369.2{201_CJB110}	-----	fdidq	iadnaitKTD	KTTEIISNQT	TsQTGQIAFF
msa28369.2{201_M781}	-----	fdidq	iadnaitKTD	KTTEIISNQT	TsQTGQIAFF
msa28369.2{201_2603}	sdtfnfdidq	iadnaitKTD	KTTEIISNQT	TsQTGQIAFF	EKLTPAQKSA
msa28369.2{201_H36B}	sdtfnfdidq	iadnaitKTD	KTTEIISNQT	TsQTGQIAFF	EKLTPAQKSA
msa28369.2{201_18RS21}	-----	fdidq	iadnaitKTD	KTTEIISNQT	TsQTGQIAFF
msa28369.2{201_M732}	sdtfnfdidq	iadnaitKTD	KTTEIISNQT	TsQTGQIAFF	EKLTPAQKSA
Consensus	-----	-----	*****	*****	*****
	51				100
msa28369.2{201_090}	iSEKTPALVD	TFVGDQNAL	DFGQSAVEGV	NTTVNHILSE	QKKIQIPQVD
msa28369.2{201_1169NT}	iSEKTPALVD	TFVGDQNAL	DFGQSAVEGV	NTTVNHILSE	QKKIQIPQVD
msa28369.2{201_A909}	iSEKTPALVD	TFVGDQNAL	DFGQSAVEGV	NTTVNHILSE	QKKIQIPQVD
msa28369.2{201_JM9130013}	iSEKTPALVD	TFVGDQNAL	DFGQSAVEGV	NTTVNHILSE	QKKIQIPQVD
msa28369.2{201_COH1}	xSEKTPALVD	TFVGDQNAL	DFGQSAVEGV	NTTVNHILSE	QKKIQIPQVD
msa28369.2{201_CJB110}	iSEKTPALVD	TFVGDQNAL	DFGQSAVEGV	NTTVNHILSE	QKKIQIPQVD
msa28369.2{201_M781}	iSEKTPALVD	TFVGDQNAL	DFGQSAVEGV	NTTVNHILSE	QKKIQIPQVD
msa28369.2{201_2603}	iSEKTPALVD	TFVGDQNAL	DFGQSAVEGV	NTTVNHILSE	QKKIQIPQVD
msa28369.2{201_H36B}	iSEKTPALVD	TFVGDQNAL	DFGQSAVEGV	NTTVNHILSE	QKKIQIPQVD
msa28369.2{201_18RS21}	iSEKTPALVD	TFVGDQNAL	DFGQSAVEGV	NTTVNHILSE	QKKIQIPQVD
msa28369.2{201_M732}	iSEKTPALVD	TFVGDQNAL	DFGQSAVEGV	NTTVNHILSE	QKKIQIPQVD
Consensus	-----	-----	*****	*****	*****
	101				150
msa28369.2{201_090}	DLLKNANREL	NGFIQKDA	TPAELEKKPN	LIQKLFQSK	TSLQEFYFDS
msa28369.2{201_1169NT}	DLLKNANREL	NGFIQKDA	TPAELEKKPN	LIQKLFQSK	TSLQEFYFDS
msa28369.2{201_A909}	DLLKNANREL	NGFIQKDA	TPAELEKKPN	LIQKLFQSK	TSLQEFYFDS
msa28369.2{201_JM9130013}	DLLKNANREL	NGFIQKDA	TPAELEKKPN	LIQKLFQSK	TSLQEFYFDS
msa28369.2{201_COH1}	DLLKNANREL	NGFIQKDA	TPAELEKKPN	LIQKLFQSK	TSLQEFYFDS
msa28369.2{201_CJB110}	DLLKNANREL	NGFIQKDA	TPAELEKKPN	LIQKLFQSK	TSLQEFYFDS
msa28369.2{201_M781}	DLLKNANREL	NGFIQKDA	TPAELEKKPN	LIQKLFQSK	TSLQEFYFDS
msa28369.2{201_2603}	DLLKNANREL	NGFIQKDA	TPAELEKKPN	LIQKLFQSK	TSLQEFYFDS
msa28369.2{201_H36B}	DLLKNANREL	NGFIQKDA	TPAELEKKPN	LIQKLFQSK	TSLQEFYFDS
msa28369.2{201_18RS21}	DLLKNANREL	NGFIQKDA	TPAELEKKPN	LIQKLFQSK	TSLQEFYFDS
msa28369.2{201_M732}	DLLKNANREL	NGFIQKDA	TPAELEKKPN	LIQKLFQSK	TSLQEFYFDS
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
	151				200
msa28369.2{201_090}	QNIQKMDMM	AANVVKQEDT	LARNIVSAEM	LIEDNTKSIE	NLVGVIAFIE
msa28369.2{201_1169NT}	QNIQKMDMM	AANVVKQEDT	LARNIVSAEM	LIEDNTKSIE	NLVGVIAFIE
msa28369.2{201_A909}	QNIQKMDMM	AANVVKQEDT	LARNIVSAEM	LIEDNTKSIE	NLVGVIAFIE
msa28369.2{201_JM9130013}	QNIQKMDMM	AANVVKQEDT	LARNIVSAEM	LIEDNTKSIE	NLVGVIAFIE
msa28369.2{201_COH1}	QNIQKMDMM	AANVVKQEDT	LARNIVSAEM	LIEDNTKSIE	NLVGVIAFIE
msa28369.2{201_CJB110}	QNIQKMDMM	AANVVKQEDT	LARNIVSAEM	LIEDNTKSIE	NLVGVIAFIE
msa28369.2{201_M781}	QNIQKMDMM	AANVVKQEDT	LARNIVSAEM	LIEDNTKSIE	NLVGVIAFIE
msa28369.2{201_2603}	QNIQKMDMM	AANVVKQEDT	LARNIVSAEM	LIEDNTKSIE	NLVGVIAFIE
msa28369.2{201_H36B}	QNIQKMDMM	AANVVKQEDT	LARNIVSAEM	LIEDNTKSIE	NLVGVIAFIE

Table 52: Comparative Sequences relating to SAG 1823

msa28369.2{201_18RS21}	QNIEQKMDMM	AANVVKQEDT	LARNIVSAEM	LIEDNTKSIE	NLVGVIAFIE
msa28369.2{201_M732}	QNIEQKMDMM	AANVVKQEDT	LARNIVSAEM	LIEDNTKSIE	NLVGVIAFIE
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa28369.2{201_090}	SSQAEAAANRA	SHLQQEILAL	DSQTSEYQIK	SNQLARMTEV	INTLEQQHTE
msa28369.2{201_1169NT}	SSQAEAAANRA	SHLQQEILAL	DSQTSEYQIK	SNQLARMTEV	INTLEQQHTE
msa28369.2{201_A909}	SSQAEAAANRA	SHLQQEILAL	DSQTSEYQIK	SNQLARMTEV	INTLEQQHTE
msa28369.2{201_JM9130013}	SSQAEAAANRA	SHLQQEILAL	DSQTSEYQIK	SNQLARMTEV	INTLEQQHTE
msa28369.2{201_COH1}	SSQAEAAANRA	SHLQQEILAL	DSQTSEYQIK	SNQLARMTEV	INTLEQQHTE
msa28369.2{201_CJB110}	SSQAEAAANRA	SHLQQEILAL	DSQTSEYQIK	SNQLARMTEV	INTLEQQHTE
msa28369.2{201_M781}	SSQAEAAANRA	SHLQQEILAL	DSQTSEYQIK	SNQLARMTEV	INTLEQQHTE
msa28369.2{201_2603}	SSQAEAAANRA	SHLQQEILAL	DSQTSEYQIK	SNQLARMTEV	INTLEQQHTE
msa28369.2{201_H36B}	SSQAEAAANRA	SHLQQEILAL	DSQTSEYQIK	SNQLARMTEV	INTLEQQHTE
msa28369.2{201_18RS21}	SSQAEAAANRA	SHLQQEILAL	DSQTSEYQIK	SNQLARMTEV	INTLEQQHTE
msa28369.2{201_M732}	SSQAEAAANRA	SHLQQEILAL	DSQTSEYQIK	SNQLARMTEV	INTLEQQHTE
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa28369.2{201_090}	YVSRLYVAVA	TTPQMRNLVK	VSSDMRQKLG	MLRRNTIPTM	KLSTIAQLGMM
msa28369.2{201_1169NT}	YVSRLYVAVA	TTPQMRNLVK	VSSDMRQKLG	MLRRNTIPTM	KLSTIAQLGMM
msa28369.2{201_A909}	YVSRLYVAVA	TTPQMRNLVK	VSSDMRQKLG	MLRRNTIPTM	KLSTIAQLGMM
msa28369.2{201_JM9130013}	YVSRLYVAVA	TTPQMRNLVK	VSSDMRQKLG	MLRRNTIPTM	KLSTIAQLGMM
msa28369.2{201_COH1}	YVSRLYVAVA	TTPQMRNLVK	VSSDMRQKLG	MLRRNTIPTM	KLSTIAQLGMM
msa28369.2{201_CJB110}	YVSRLYVAVA	TTPQMRNLVK	VSSDMRQKLG	MLRRNTIPTM	KLSTIAQLGMM
msa28369.2{201_M781}	YVSRLYVAVA	TTPQMRNLVK	VSSDMRQKLG	MLRRNTIPTM	KLSTIAQLGMM
msa28369.2{201_2603}	YVSRLYVAVA	TTPQMRNLVK	VSSDMRQKLG	MLRRNTIPTM	KLSTIAQLGMM
msa28369.2{201_H36B}	YVSRLYVAVA	TTPQMRNLVK	VSSDMRQKLG	MLRRNTIPTM	KLSTIAQLGMM
msa28369.2{201_18RS21}	YVSRLYVAVA	TTPQMRNLVK	VSSDMRQKLG	MLRRNTIPTM	KLSTIAQLGMM
msa28369.2{201_M732}	YVSRLYVAVA	TTPQMRNLVK	VSSDMRQKLG	MLRRNTIPTM	KLSTIAQLGMM
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa28369.2{201_090}	QOSVKSGVTA	DAIVNANNAA	LQMLAETSKE	AIPMLEKTAQ	SPTVSIKSVT
msa28369.2{201_1169NT}	QOSVKSGVTA	DAIVNANNAA	LQMLAETSKE	AIPMLEKTAQ	SPTVSIKSVT
msa28369.2{201_A909}	QOSVKSGVTA	DAIVNANNAA	LQMLAETSKE	AIPMLEKTAQ	SPTVSIKSVT
msa28369.2{201_JM9130013}	QOSVKSGVTA	DAIVNANNAA	LQMLAETSKE	AIPMLEKTAQ	SPTVSIKSVT
msa28369.2{201_COH1}	QOSVKSGVTA	DAIVNANNAA	LQMLAETSKE	AIPMLEKTAQ	SPTVSIKSVT
msa28369.2{201_CJB110}	QOSVKSGVTA	DAIVNANNAA	LQMLAETSKE	AIPMLEKTAQ	SPTVSIKSVT
msa28369.2{201_M781}	QOSVKSGVTA	DAIVNANNAA	LQMLAETSKE	AIPMLEKTAQ	SPTVSIKSVT
msa28369.2{201_2603}	QOSVKSGVTA	DAIVNANNAA	LQMLAETSKE	AIPMLEKTAQ	SPTVSIKSVT
msa28369.2{201_H36B}	QOSVKSGVTA	DAIVNANNAA	LQMLAETSKE	AIPMLEKTAQ	SPTVSIKSVT
msa28369.2{201_18RS21}	QOSVKSGVTA	DAIVNANNAA	LQMLAETSKE	AIPMLEKTAQ	SPTVSIKSVT
msa28369.2{201_M732}	QOSVKSGVTA	DAIVNANNAA	LQMLAETSKE	AIPMLEKTAQ	SPTVSIKSVT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa28369.2{201_090}	ALaESLVAQN	NGIIAAIDKG	RKERAQLESA	VIKSAETIND	SVKIRDKKIV
msa28369.2{201_1169NT}	ALaESLVAQN	NGIIAAIDKG	RKERAQLESA	VIKSAETIND	SVKIRDKKIV
msa28369.2{201_A909}	ALaESLVAQN	NGIIAAIDKG	RKERAQLESA	VIKSAETIND	SVKIRDKKIV
msa28369.2{201_JM9130013}	ALaESLVAQN	NGIIAAIDKG	RKERAQLESA	VIKSAETIND	SVKIRDKKIV
msa28369.2{201_COH1}	ALaESLVAQN	NGIIAAIDKG	RKERAQLESA	VIKSAETIND	SVKIRDKKIV
msa28369.2{201_CJB110}	ALaESLVAQN	NGIIAAIDKG	RKERAQLESA	VIKSAETIND	SVKIRDKKIV
msa28369.2{201_M781}	ALaESLVAQN	NGIIAAIDKG	RKERAQLESA	VIKSAETIND	SVKIRDKKIV
msa28369.2{201_2603}	ALaESLVAQN	NGIIAAIDKG	RKERAQLESA	VIKSAETIND	SVKIRDKKIV
msa28369.2{201_H36B}	ALaESLVAQN	NGIIAAIDKG	RKERAQLESA	VIKSAETIND	SVKIRDKKIV
msa28369.2{201_18RS21}	ALaESLVAQN	NGIIAAIDKG	RKERAQLESA	VIKSAETIND	SVKIRDKKIV
msa28369.2{201_M732}	ALaESLVAQN	NGIIAAIDKG	RKERAQLESA	VIKSAETIND	SVKIRDKKIV
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa28369.2{201_090}	EALLNEGKST	QEKvdes			
msa28369.2{201_1169NT}	EALLNEGKST	QEKvdes			
msa28369.2{201_A909}	EALLNEGKST	QEKvdes			
msa28369.2{201_JM9130013}	EALLNEGKST	QEKvdes			
msa28369.2{201_COH1}	EALLNEGKST	QEKvdes			
msa28369.2{201_CJB110}	EALLNEGKST	QEKvdes			
msa28369.2{201_M781}	EALLNEGKST	QEKvdes			
msa28369.2{201_2603}	EALLNEGKST	QEKvdes			
msa28369.2{201_H36B}	EALLNEGKST	QEKvdes			
msa28369.2{201_18RS21}	EALLNEGKST	QEKvdes			
msa28369.2{201_M732}	EALLNEGKST	QEKvdes			
Consensus	*****	*****			

Table 53: Comparative Sequences relating to SAG 0755

## SEQ ID NO. 5301

## STRAIN 2603

acaaatactttgaaaaagaattagttgaagctaaaaagacaattccatc  
cgtaaaagcttcaaaagtaccgcaaaaatcaacatcatcgaagataaag  
agtttggtcttaaacaggattatcgatgtctctggttggaacttccaaag  
gagattgattacgatacgtcttcaaaaaatatttcagggtgtgtatttcg  
tgtctttggtggatcaaagatatctaaagactaataacgctgcttatacaa  
ctggaaatcgataaaatcgtttaagaccatatacaagaatttcaaaagcga  
aatatcccagtagctgtctacagttatgcacttgggtcaagtggttaaaga  
aatgaaagaagaggctcagatattttataagaatgcagctccttacaac  
caactttttattggattgacgtagaagaggagacaatgtctaactgaat  
aaaggtgtccaagcattccgaaaaagaattaaaaagacttgggtgctaaaaa  
tggtggatctacattgggtacttactttatgactgagcaaggcatctctg  
taaaaggatttgacgctgtttggattccaacttatggtagcgattctgga  
tactatgaagcggctccgcaaaactgaacttaaatacgatttacaccaata  
cacctctcaaggttatctaccaggawtcaatcaaccgcttgatttaaatc  
aaattgcagtttaataagacaagaagaaaacttatgagaaactttttgga  
aaagtaaaagag

## SEQ ID NO. 5302

## STRAIN 090

ACAAATACCTTTGAAAAAGAATTAG

TTGAAGCTAAAAAGACAATTCCATCCGTAAAAGCTTCAAAAGTACCGCAA  
AAATCAACATCATCGAAAGATAAAGAGTTTGTCTTAAACCGATTATCGA  
TGCTCTGGTTGGCAACTTCCTAAGGAGATTGATTACGATACGCTTTCAA  
AAAATATTTCAGGTGTGTGTATTCGTGTCTTTGGTGGATCAAAGATATCT  
AAGACTAATAACGCTGCTTATACAACCTGGAATCGATAAATCGTTTAAAGAC  
CCATATCAAAGAATTTCAAAAGCGAAATATCCAGTAGCTGTCTACAGTT  
ATGCACCTTGGTTCAAGTGTAAAGAAATGAAAGAAGAGGCTCAGATATTT  
TATAAGAATGCAGCTCCTTACAAACCAACTTTTATTGGATTGACGTAGA  
AGAGGAGACAATGTCTAACATGAATAAAGGTGTCCAAGCATTCCGAAAAG  
AATTAAAAAGACTTGGTGCTAAAAATGTTGGTATCTACATTGGTACTTAC  
TTTATGACTGAGCAAGGCATCTCTGTAAAAGGATTGACGCTGTTTGGAT  
TCCAACCTTATGGTAGCGATTCTGGATACATGAAGCGGCTCCGCAAACTG  
AACTTAAATACGATTACACCAATACACCTCTCAAGGTTATCTACCAGGA  
TTCAATCAACCGCTTGATTAAATCAAATTCAGTTAATAAAGACAAGAA  
GAAAACCTATGAGAACTTTTGGAAAAGTAAAAGAG

## SEQ ID NO. 5303

## STRAIN A909

ACAAATACCTTTGAAAAAGAATTAGTTGAAGCTAAAA

AGACAATTCCATCCGTAAAAGCTTCAAAAGTACCGCAAAATCAACATCA  
TCGAAAGATAAAGAGTTTGTCTTAAACCGATTATCGATGTCTCTGGTTG  
GCAACTTCTAAGGAGATTGATTACGATACGCTTTCAAAAATATTTTCA  
GTGTGTATTTCGTGTCTTTGGTGGATCAAAGATATCTAAGACTAATAAC  
GCTGCTTATACAACCTGGAATCGATAAATCGTTTAAAGACCATATCAAAGA  
ATTTCAAAAGCGAAATATCCAGTAGCTGTCTACAGTTATGCACTTGGTT  
CAAGTGTTAAAGAAATGAAAGAAGAGGCTCAGATATTTTATAAGAATGCA  
GCTCCTTACAAACCAACTTTTATTGGATTGACGTAGAAGAGGAGACAAT  
GTCTAACATGAATAAAGGTGTCCAAGCATTCCGAAAAGAATTAAAAAGAC  
TTGGTGCTAAAAATGTTGGTATCTACATTGGTACTTACTTTATGACTGAG  
CAAGGCATCTCTGTAAAAGGATTGACGCTGTTTGGATTCCAACCTATGG  
TAGCGATTCTGGATACATGAAGCGGCTCCGCAAACTGAACCTTAAATACG  
ATTTACACCAATACACCTCTCAAGGTTATCTACCAGGATTCAATCAACCG  
CTTGATTAAATCAAATTCAGTTAATAAAGACAAGAAAGAACTTATGA  
GAAACCTTTTGGAAAAGTAAAAGAG

## SEQ ID NO. 5304

## STRAIN H36B

ACAAATACCTTTGAAAAAGAATTAG

TTGAAGCTAAAAAGACAATTCCATCCGTAAAAGCTTCAAAAGTACCGCAA  
AAATCAACATCATCGAAAGATAAAGAGTTTGTCTTAAACCGATTATCGA  
TGCTCTGGTTGGCAACTTCCTAAGGAGATTGATTACGATACGCTTTCAA  
AAAATATTTCAGGTGTGTGTATTCGTGTCTTTGGTGGATCAAAGATATCT  
AAGACTAATAACGCTGCTTATACAACCTGGAATCGATAAATCGTTTAAAGAC  
CCATATCAAAGAATTTCAAAAGCGAAATATCCAGTAGCTGTCTACAGTT  
ATGCACCTTGGTTCAAGTGTAAAGAAATGAAAGAAGAGGCTCAGATATTT  
TATAAGAATGCAGCTCCTTACAAACCAACTTTTATTGGATTGACGTAGA  
AGAGGAGACAATGTCTAACATGAATAAAGGTGTCCAAGCATTCCGAAAAG  
AATTAAAAAGACTTGGTGCTAAAAATGTTGGTATCTACATTGGTACTTAC  
TTTATGACTGAGCAAGGCATCTCTGTAAAAGGATTGACGCTGTTTGGAT  
TCCAACCTTATGGTAGCGATTCTGGATACATGAAGCGGCTCCGCAAACTG  
AACTTAAATACGATTACACCAATACACCTCTCAAGGTTATCTACCAGGA  
TTCAATCAACCGCTTGATTAAATCAAATTCAGTTAATAAAGACAAGAA  
GAAAACCTATGAGAACTTTTGGAAAAGTAAAAGAG

## SEQ ID NO. 5305

## STRAIN 18R821

ACAAATACCTTTGAAAAAGAATTAGTTGAAGCTAAAA

GACAATTCATCCGTAAAAGCTTCAAAAGTACCGCAAAATCAACATCAT  
CGAAAGATAAAGAGTTTGTCTTAAACCGATTATCGATGTCTCTGGTTGG  
CAACTTCTAAGGAGATTGATTACGATACGCTTTCAAAAATATTTTCAAG  
TGTTGTATTTCGTGTCTTTGGTGGATCAAAGATATCTAAGACTAATAACG

Table 53: Comparative Sequences relating to SAG 0755

CTGCTTATACAACTGGAATCGATAAATCGTTTAAAGACCCATATCAAAGAA  
 TTTCAAAAGCGAAATATCCAGTAGCTGTCTACAGTTATGCACCTTGGTT  
 AAGTGTAAAGAAATGAAAGAAGAGGCTCAGATATTTTATAAGAAATGCAG  
 CTCCTTACAAACCAACTTTTATTGGATTGACGTAGAAGAGGAGACAATG  
 TCTAACATGAATAAAGGTGTCCAAGCATTCCGAAAAGAAATTAAGAACT  
 TGGTGTCAAAATGTTGGTATCTACATTGGTACTTACTTTATGACTGAGC  
 AAGGCATCTCTGTAAAGGATTGACGCTGTTTGGATTCCAACCTATGGT  
 AGCGATTCTGGATCTATGAAGCGGCTCCGCAAACTGAACTTAAATACGA  
 TTACACCAATACACCTCTCAAGGTTATCTACCAGGATTCAATCAACCGC  
 TTGATTTAAATCAAATTCAGTTAATAAGACAAGAAGAAAACCTTATGAG  
 AAACCTTTTGGAAAAGTAAAAGAG

SEQ ID NO. 5306

STRAIN M732

ACAAATACCTTTGAAAAAGAATTAGTTGAAGCTAAA  
 AAGACAATTCATCCGTAAAAGCTTCAAAGTACCGCAAAATCAACATC  
 ATCGAAGATAAAGAGTTTGTCTTAAACCGATTATCGATGTCTCTGGTT  
 GGCAACTTCTTAAGGAGATTGATTACGATACGCTTCAAAAAATATTTC  
 GGTGTTGTTATTCGTATCTTGGTGGATCAAAGATATCTAAGACTAATAA  
 CGCTGCTTATACAACTGGAATCGATAAATCGTTTAAAGACCCATATCAAAG  
 AATTTCAAAAGCGAAATATCCAGTAGCTGTCTACAGTTATGCACCTTGGT  
 TCAAGTGTAAAGAAATGAAAGAAGAGGCTCAGATATTTATAAGAAATGC  
 AGCTCCTTACAAACCAACTTTTATTGGATTGACGTAGAAGAGGAGACAA  
 TGCTAACATGAATAAAGGTGTCCAAGCATTCCGAAAAGAGTTAAAAAGA  
 CTTGGTGTCAAAATGTTGGTATCTACATCGGTACTTACTTTATGACTGA  
 GCAAGGTATCTCTGTAAAGGATTGACGCTGTTTGGATTCCAACCTATG  
 GTAGCGATTCTGGATCTATGAAGCAGCTCCCAAACTGAACTTAAATAC  
 GATTACACCAATACACCTCTCAAGGTTATCTACCAGGATTCAATCAACC  
 GCTTGATTAAATCAAATTCAGTTAATAAGACAAGAAGAAAACCTTATG  
 AGAACTTTTGGAAAAGTAAAAGAG

SEQ ID NO. 5307

STRAIN COH1

ACAAATACCTTTGAAAAAGAATTAGTTGAAGCTAAA  
 AGACAATTCATCCGTAAAAGCTTCAAAGTACCGCAAAATCAACATCA  
 TCGAAGATAAAGAGTTTGTCTTAAACCGATTATCGATGTCTCTGGTT  
 GCAACTTCTTAAGGAGATTGATTACGATACGCTTCAAAAAATATTTCAG  
 GTGTTGTTATTCGTATCTTGGTGGATCAAAGATATCTAAGACTAATAAC  
 GCTGCTTATACAACTGGAATCGATAAATCGTTTAAAGACCCATATCAAAGA  
 ATTTCAAAGCGAAATATCCAGTAGCTGTCTACAGTTATGCACCTTGGTT  
 CRAAGTGTAAAGAAATGAAAGAAGAGGCTCAGATATTTATAAGAAATGCA  
 GCTCCTTACAAACCAACTTTTATTGGATTGACGTAGAAGAGGAGACAAT  
 GTCTAACATGAATAAAGGTGTCCAAGCATTCCGAAAAGAGTTAAAAAGAC  
 TTGGTGTCAAAAAATGTTGGTATCTACATCGGTACTTACTTTATGACTGAG  
 CRAAGTATCTCTGTAAAGGATTGACGCTGTTTGGATTCCAACCTATGG  
 TAGCGATTCTGGATCTATGAAGCAGCTCCCAAACTGAACTTAAATACG  
 ATTTACACCAATACACCTCTCAAGGTTATCTACCAGGATTCAATCAACCG  
 CTTGATTTAAATCAAATTCAGTTAATAAGACAAGAAGAAAACCTTATGA  
 GAACTTTTGGAAAAGTAAAAGAG

SEQ ID NO. 5308

STRAIN M781

ACAAATACCTTTGAAAAAGAATTAGTTGAAGCTAAA  
 AAGACAATTCATCCATCCTAAAAGCTTCAAAGTACCGCAAAATCAACATC  
 ATCGAAGATAAAGAGTTTGTCTTAAACCGATTATCGATGTCTCTGGTT  
 GGCAACTTCTTAAGGAGATTGATTACGATACGCTTCAAAAAATATTTC  
 GGTGTTGTTATTCGTATCTTGGTGGATCAAAGATATCTAAGACTAATAA  
 CGCTGCTTATACAACTGGAATCGATAAATCGTTTAAAGACCCATATCAAAG  
 AATTTCAAAGCGAAATATCCAGTAGCTGTCTACAGTTATGCACCTTGGT  
 TCAAGTGTAAAGAAATGAAAGAAGAGGCTCAGATATTTATAAGAAATGC  
 AGCTCCTTACAAACCAACTTTTATTGGATTGACGTAGAAGAGGAGACAA  
 TGCTAACATGAATAAAGGTGTCCAAGCATTCCGAAAAGAGTTAAAAAGA  
 CTTGGTGTCAAAAAATGTTGGTATCTACATCGGTACTTACTTTATGACTGA  
 GCAAGGTATCTCTGTAAAGGATTGACGCTGTTTGGATTCCAACCTATG  
 GTAGCGATTCTGGATCTATGAAGCAGCTCCCAAACTGAACTTAAATAC  
 GATTACACCAATACACCTCTCAAGGTTATCTACCAGGATTCAATCAACC  
 GCTTGATTAAATCAAATTCAGTTAATAAGACAAGAAGAAAACCTTATG  
 AGAACTTTTGGAAAAGTAAAAGAG

SEQ ID NO. 5309

STRAIN CJB110

AAATACCTTTGAAAAAGAATTAGTTGAAGCTAAAAGACAATTCATCCG  
 TAAAAGCTTCAAAGTACCGCAAAATCAACATCATCGAAGATAAAGAG  
 TTTGTTCTTAAACCGATTATCGATGTCTCTGGTTGGCAACTTCTTAAGGA  
 GATTGATTACGATACGCTTCAAAAAATTTTCAAGTGTGTTATTCGTG  
 TCTTGGTGGATCAAAGATATCTAAGACTAATAACGCTGCTTATACAACT  
 GGAATCGATAAATCGTTTAAAGACCCATATCAAAGAAATTTCAAAGCGAAA  
 TATCCAGTAGCTGTCTACAGTTATGCACCTTGGTTCAAGTGTAAAGAAA  
 TGAAGAAGAGGCTCAGATATTTATAAGAAATGCAGCTCCTTACAAACCA  
 ACTTTTATTGGATTGACGTAGAAGAGGAGACAATGTCTAACATGAATAA  
 AGGTGTCGAAGCATTCCGAAAAGAAATTAAGAAAGACTTGGTGTAAAAATG  
 TTGGTATCTACATTGGTACTTACTTTATGACTGAGCAAGGCATCTCTGTA  
 AAAGGATTGACGCTGTTTGGATTCCAACCTTATGGTAGCGATTCTGGATA



Table 53: Comparative Sequences relating to SAG 0755

CTATGAAGCGGCTCCGCAAACTGAACCTTAAATACGATTTACACCAATACA  
CCTCTCAAGGTTATCTACCAGGATTCAATCAACCGCTTGATTTAAATCAA  
ATTACAGTTAATAAGACAAGAAGAACTTATGAGAACTTTTGGAAA  
AGTAAAGAG

SEQ ID NO. 5310

STRAIN 1169NT

ACAAATACTTTGAAAAAGAATTAGTTGAAGCTAAAAAGACAATTCC  
ATCCGTAAGAGCTTCAAAAGTACCGCAAAATCAACATCATCGAAAGATA  
AAGAGTTTGTCTTAAACCGATTATCGATGTCTCTGGTTGGCAACTTCT  
AAGGAGATTGATTACGATACGCTTTCAAAAAATATTTCAGGTGTGTAT  
TCGTGTCTTGGTGGATCAAAGATATCTAAGACTAATAACGCTGTCTATA  
CAACTGGAATCGATAAATCGTTTAAAGCCATATCAAAGAATTTCAAAAG  
CGAAATATCCAGTAGCTGTCTACAGTTATGCACCTGGTTCAAGTGTAA  
AGAAATGAAAGAAGAGGCTCAGATATTTATAAGAATGCAGCTCCTTACA  
AACCACTTTTATTGGATTGACGTAGAAGAGGAGACAATGTCTAACATG  
AATAAAGGTGTCCAAGCATTCGCAAAAGAAATTAAGAAGACTTGGCGCTAA  
AAGTGTGGTATCTACATCGGTACTTACTTTATGACTGAGCAAGGTATCT  
CTGTAAAGGATTGACGCTGTGTGGATTCCAACCTATGGTAGCGATTCT  
GGTACTATGAGCAGCTCCGCAAACTGAACCTTAAATACGATTTACACCA  
ATACACCTCTCAAGGTTATCTACCAGGATTCAATCAACCGCTTGATTTAA  
ATCAAAATGCGATTATAAGACAAGAAGAACTTATGAGAACTTTT  
GGAAAAGTAAAGAG

SEQ ID NO. 5311

STRAIN JM9130013

ACAAATACTTTGAAAAAGAATTAG  
TTGAAGCTAAAAAGACAATTCCATCGTAAAGCTTCAAAAGTACCGCAA  
AAATCAACATCATCGAAAGATAAGAGTTTGTCTTAAACCGATTATCGA  
TGTCTCTGGTTGGCAACTTCTCAAGGAGATTGATTACGATACGCTTTCAA  
AAAATATTTCAGGTGTGTATTCGTGTCTTGGTGGATCAAAGATATCT  
AAGACTAATAACGCTGTCTTACAACCTGGAATCGATAAATCGTTAAGAC  
CCATATCAAAGAATTTCAAAAGCGAAATATCCAGTAGCTGTCTACAGTT  
ATGCACCTTGGTTCAAGTGTAAAGAAATGAAAGAAGAGGCTCAGATATTT  
TATAAGAATGCGCTCTTACAACCAACTTTTATTGGATTGACGTAGA  
AGAGGAGACAATGTCTAACATGAATAAAGGTGTCCAAGCATTCGCAAAAG  
AATTAAAAAGACTTGGTGCTAAAAATGTTGGTATCTACATTGGTACTTAC  
TTTATGACTGAGCAAGGCATCTCTGTAAGAGGATTGACGCTGTGTGGAT  
TCCAACCTATGGTAGCGATTCTGGTACTATGAAGCGCTCCGCAAACTG  
AACTTAAATACGATTTACACCAATACACCTCTCAAGGTTATCTACCAGGA  
TTCAATCAACCGCTTGATTTAAATCAAATGCGATTATAAGACAAGAA  
GAAACTTTATGAGAACTTTTGGAAAAGTAAAGAG

PRETTY of: /biotmp/msa21441.2{\*} January 20, 2003 03:46 ...

	1		50
msa21441.2{206_090}	acAAATACTT	TGAAAAAGA	ATTAGTTGAA
msa21441.2{206_18RS21}	acAAATACTT	TGAAAAAGA	ATTAGTTGAA
msa21441.2{206_2603}	acAAATACTT	TGAAAAAGA	ATTAGTTGAA
msa21441.2{206_A909}	acAAATACTT	TGAAAAAGA	ATTAGTTGAA
msa21441.2{206_H36B}	acAAATACTT	TGAAAAAGA	ATTAGTTGAA
msa21441.2{206_JM9130013}	acAAATACTT	TGAAAAAGA	ATTAGTTGAA
msa21441.2{206_CJB110}	--AAATACTT	TGAAAAAGA	ATTAGTTGAA
msa21441.2{206_COH1}	acAAATACTT	TGAAAAAGA	ATTAGTTGAA
msa21441.2{206_M732}	acAAATACTT	TGAAAAAGA	ATTAGTTGAA
msa21441.2{206_M781}	acAAATACTT	TGAAAAAGA	ATTAGTTGAA
msa21441.2{206_1169NT}	acAAATACTT	TGAAAAAGA	ATTAGTTGAA
Consensus	-----	*****	*****
	51		100
msa21441.2{206_090}	CGTAAAAGCT	TCAAAAGTAC	CGCAAAAATC
msa21441.2{206_18RS21}	CGTAAAAGCT	TCAAAAGTAC	CGCAAAAATC
msa21441.2{206_2603}	CGTAAAAGCT	TCAAAAGTAC	CGCAAAAATC
msa21441.2{206_A909}	CGTAAAAGCT	TCAAAAGTAC	CGCAAAAATC
msa21441.2{206_H36B}	CGTAAAAGCT	TCAAAAGTAC	CGCAAAAATC
msa21441.2{206_JM9130013}	CGTAAAAGCT	TCAAAAGTAC	CGCAAAAATC
msa21441.2{206_CJB110}	CGTAAAAGCT	TCAAAAGTAC	CGCAAAAATC
msa21441.2{206_COH1}	CGTAAAAGCT	TCAAAAGTAC	CGCAAAAATC
msa21441.2{206_M732}	CGTAAAAGCT	TCAAAAGTAC	CGCAAAAATC
msa21441.2{206_M781}	CGTAAAAGCT	TCAAAAGTAC	CGCAAAAATC
msa21441.2{206_1169NT}	CGTAAAAGCT	TCAAAAGTAC	CGCAAAAATC
Consensus	*****	*****	*****
	101		150
msa21441.2{206_090}	AGTTTGTCT	TAAACCGATT	ATCGATGTCT
msa21441.2{206_18RS21}	AGTTTGTCT	TAAACCGATT	ATCGATGTCT
msa21441.2{206_2603}	AGTTTGTCT	TAAACCGATT	ATCGATGTCT
msa21441.2{206_A909}	AGTTTGTCT	TAAACCGATT	ATCGATGTCT
msa21441.2{206_H36B}	AGTTTGTCT	TAAACCGATT	ATCGATGTCT
msa21441.2{206_JM9130013}	AGTTTGTCT	TAAACCGATT	ATCGATGTCT
msa21441.2{206_CJB110}	AGTTTGTCT	TAAACCGATT	ATCGATGTCT
msa21441.2{206_COH1}	AGTTTGTCT	TAAACCGATT	ATCGATGTCT
msa21441.2{206_M732}	AGTTTGTCT	TAAACCGATT	ATCGATGTCT

Table 53: Comparative Sequences relating to SAG 0755

msa21441.2{206_M781}	AGTTTGTCT	TAAACCGATT	ATCGATGTCT	CTGGTTGGCA	ACTTCCTAAG
msa21441.2{206_1169NT}	AGTTTGTCT	TAAACCGATT	ATCGATGTCT	CTGGTTGGCA	ACTTCCTAAG
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa21441.2{206_090}	GAGATTGATT	ACGATACGCT	TTCAAAAAAT	ATTTCAGGTG	TGTTATTTCG
msa21441.2{206_18RS21}	GAGATTGATT	ACGATACGCT	TTCAAAAAAT	ATTTCAGGTG	TGTTATTTCG
msa21441.2{206_2603}	GAGATTGATT	ACGATACGCT	TTCAAAAAAT	ATTTCAGGTG	TGTTATTTCG
msa21441.2{206_A909}	GAGATTGATT	ACGATACGCT	TTCAAAAAAT	ATTTCAGGTG	TGTTATTTCG
msa21441.2{206_H36B}	GAGATTGATT	ACGATACGCT	TTCAAAAAAT	ATTTCAGGTG	TGTTATTTCG
msa21441.2{206_JM9130013}	GAGATTGATT	ACGATACGCT	TTCAAAAAAT	ATTTCAGGTG	TGTTATTTCG
msa21441.2{206_CJB110}	GAGATTGATT	ACGATACGCT	TTCAAAAAAT	ATTTCAGGTG	TGTTATTTCG
msa21441.2{206_COH1}	GAGATTGATT	ACGATACGCT	TTCAAAAAAT	ATTTCAGGTG	TGTTATTTCG
msa21441.2{206_M732}	GAGATTGATT	ACGATACGCT	TTCAAAAAAT	ATTTCAGGTG	TGTTATTTCG
msa21441.2{206_M781}	GAGATTGATT	ACGATACGCT	TTCAAAAAAT	ATTTCAGGTG	TGTTATTTCG
msa21441.2{206_1169NT}	GAGATTGATT	ACGATACGCT	TTCAAAAAAT	ATTTCAGGTG	TGTTATTTCG
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa21441.2{206_090}	TgTCTTTGGT	GGATCAAAGA	TATCTAAGAC	TAATAACGCT	GCTTATACAA
msa21441.2{206_18RS21}	TgTCTTTGGT	GGATCAAAGA	TATCTAAGAC	TAATAACGCT	GCTTATACAA
msa21441.2{206_2603}	TgTCTTTGGT	GGATCAAAGA	TATCTAAGAC	TAATAACGCT	GCTTATACAA
msa21441.2{206_A909}	TgTCTTTGGT	GGATCAAAGA	TATCTAAGAC	TAATAACGCT	GCTTATACAA
msa21441.2{206_H36B}	TgTCTTTGGT	GGATCAAAGA	TATCTAAGAC	TAATAACGCT	GCTTATACAA
msa21441.2{206_JM9130013}	TgTCTTTGGT	GGATCAAAGA	TATCTAAGAC	TAATAACGCT	GCTTATACAA
msa21441.2{206_CJB110}	TgTCTTTGGT	GGATCAAAGA	TATCTAAGAC	TAATAACGCT	GCTTATACAA
msa21441.2{206_COH1}	TgTCTTTGGT	GGATCAAAGA	TATCTAAGAC	TAATAACGCT	GCTTATACAA
msa21441.2{206_M732}	TgTCTTTGGT	GGATCAAAGA	TATCTAAGAC	TAATAACGCT	GCTTATACAA
msa21441.2{206_M781}	TgTCTTTGGT	GGATCAAAGA	TATCTAAGAC	TAATAACGCT	GCTTATACAA
msa21441.2{206_1169NT}	TgTCTTTGGT	GGATCAAAGA	TATCTAAGAC	TAATAACGCT	GCTTATACAA
Consensus	*-*****	*****	*****	*****	*****
msa21441.2{206_090}	CTGGAATCGA	TAAATCGTTT	AAGACCCATA	TCAAAGAATT	TCAAAGCGA
msa21441.2{206_18RS21}	CTGGAATCGA	TAAATCGTTT	AAGACCCATA	TCAAAGAATT	TCAAAGCGA
msa21441.2{206_2603}	CTGGAATCGA	TAAATCGTTT	AAGACCCATA	TCAAAGAATT	TCAAAGCGA
msa21441.2{206_A909}	CTGGAATCGA	TAAATCGTTT	AAGACCCATA	TCAAAGAATT	TCAAAGCGA
msa21441.2{206_H36B}	CTGGAATCGA	TAAATCGTTT	AAGACCCATA	TCAAAGAATT	TCAAAGCGA
msa21441.2{206_JM9130013}	CTGGAATCGA	TAAATCGTTT	AAGACCCATA	TCAAAGAATT	TCAAAGCGA
msa21441.2{206_CJB110}	CTGGAATCGA	TAAATCGTTT	AAGACCCATA	TCAAAGAATT	TCAAAGCGA
msa21441.2{206_COH1}	CTGGAATCGA	TAAATCGTTT	AAGACCCATA	TCAAAGAATT	TCAAAGCGA
msa21441.2{206_M732}	CTGGAATCGA	TAAATCGTTT	AAGACCCATA	TCAAAGAATT	TCAAAGCGA
msa21441.2{206_M781}	CTGGAATCGA	TAAATCGTTT	AAGACCCATA	TCAAAGAATT	TCAAAGCGA
msa21441.2{206_1169NT}	CTGGAATCGA	TAAATCGTTT	AAGACCCATA	TCAAAGAATT	TCAAAGCGA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa21441.2{206_090}	AATATCCAG	TAGCTGTCTA	CAGTTATGCA	CTTGGTTCAA	GTGTTAAAGA
msa21441.2{206_18RS21}	AATATCCAG	TAGCTGTCTA	CAGTTATGCA	CTTGGTTCAA	GTGTTAAAGA
msa21441.2{206_2603}	AATATCCAG	TAGCTGTCTA	CAGTTATGCA	CTTGGTTCAA	GTGTTAAAGA
msa21441.2{206_A909}	AATATCCAG	TAGCTGTCTA	CAGTTATGCA	CTTGGTTCAA	GTGTTAAAGA
msa21441.2{206_H36B}	AATATCCAG	TAGCTGTCTA	CAGTTATGCA	CTTGGTTCAA	GTGTTAAAGA
msa21441.2{206_JM9130013}	AATATCCAG	TAGCTGTCTA	CAGTTATGCA	CTTGGTTCAA	GTGTTAAAGA
msa21441.2{206_CJB110}	AATATCCAG	TAGCTGTCTA	CAGTTATGCA	CTTGGTTCAA	GTGTTAAAGA
msa21441.2{206_COH1}	AATATCCAG	TAGCTGTCTA	CAGTTATGCA	CTTGGTTCAA	GTGTTAAAGA
msa21441.2{206_M732}	AATATCCAG	TAGCTGTCTA	CAGTTATGCA	CTTGGTTCAA	GTGTTAAAGA
msa21441.2{206_M781}	AATATCCAG	TAGCTGTCTA	CAGTTATGCA	CTTGGTTCAA	GTGTTAAAGA
msa21441.2{206_1169NT}	AATATCCAG	TAGCTGTCTA	CAGTTATGCA	CTTGGTTCAA	GTGTTAAAGA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa21441.2{206_090}	AATGAAAGAA	GAGGCTCAGA	TATTTTATAA	GAATGCAGCT	CCTTACAAAC
msa21441.2{206_18RS21}	AATGAAAGAA	GAGGCTCAGA	TATTTTATAA	GAATGCAGCT	CCTTACAAAC
msa21441.2{206_2603}	AATGAAAGAA	GAGGCTCAGA	TATTTTATAA	GAATGCAGCT	CCTTACAAAC
msa21441.2{206_A909}	AATGAAAGAA	GAGGCTCAGA	TATTTTATAA	GAATGCAGCT	CCTTACAAAC
msa21441.2{206_H36B}	AATGAAAGAA	GAGGCTCAGA	TATTTTATAA	GAATGCAGCT	CCTTACAAAC
msa21441.2{206_JM9130013}	AATGAAAGAA	GAGGCTCAGA	TATTTTATAA	GAATGCAGCT	CCTTACAAAC
msa21441.2{206_CJB110}	AATGAAAGAA	GAGGCTCAGA	TATTTTATAA	GAATGCAGCT	CCTTACAAAC
msa21441.2{206_COH1}	AATGAAAGAA	GAGGCTCAGA	TATTTTATAA	GAATGCAGCT	CCTTACAAAC
msa21441.2{206_M732}	AATGAAAGAA	GAGGCTCAGA	TATTTTATAA	GAATGCAGCT	CCTTACAAAC
msa21441.2{206_M781}	AATGAAAGAA	GAGGCTCAGA	TATTTTATAA	GAATGCAGCT	CCTTACAAAC
msa21441.2{206_1169NT}	AATGAAAGAA	GAGGCTCAGA	TATTTTATAA	GAATGCAGCT	CCTTACAAAC
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa21441.2{206_090}	CAACTTTTAA	TTGGATTGAC	GTAGAAGAGG	AGACAATGTC	TAACATGAAT
msa21441.2{206_18RS21}	CAACTTTTAA	TTGGATTGAC	GTAGAAGAGG	AGACAATGTC	TAACATGAAT
msa21441.2{206_2603}	CAACTTTTAA	TTGGATTGAC	GTAGAAGAGG	AGACAATGTC	TAACATGAAT
msa21441.2{206_A909}	CAACTTTTAA	TTGGATTGAC	GTAGAAGAGG	AGACAATGTC	TAACATGAAT
msa21441.2{206_H36B}	CAACTTTTAA	TTGGATTGAC	GTAGAAGAGG	AGACAATGTC	TAACATGAAT
msa21441.2{206_JM9130013}	CAACTTTTAA	TTGGATTGAC	GTAGAAGAGG	AGACAATGTC	TAACATGAAT
msa21441.2{206_CJB110}	CAACTTTTAA	TTGGATTGAC	GTAGAAGAGG	AGACAATGTC	TAACATGAAT
msa21441.2{206_COH1}	CAACTTTTAA	TTGGATTGAC	GTAGAAGAGG	AGACAATGTC	TAACATGAAT

Table 53: Comparative Sequences relating to SAG 0755

msa21441.2{206_M732}	CAACTTTTTA	TTGGATTGAC	GTAGAAGAGG	AGACAATGTC	TAACATGAAT		
msa21441.2{206_M781}	CAACTTTTTA	TTGGATTGAC	GTAGAAGAGG	AGACAATGTC	TAACATGAAT		
msa21441.2{206_1169NT}	CAACTTTTTA	TTGGATTGAC	GTAGAAGAGG	AGACAATGTC	TAACATGAAT		
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****		
msa21441.2{206_090}	451	AAAGGTGTCC	AAGCATTCCG	AAAAGAAATTA	AAAAGACTTG	GtGCTAAAAA	500
msa21441.2{206_18RS21}	AAAGGTGTCC	AAGCATTCCG	AAAAGAAATTA	AAAAGACTTG	GtGCTAAAAA		
msa21441.2{206_2603}	AAAGGTGTCC	AAGCATTCCG	AAAAGAAATTA	AAAAGACTTG	GtGCTAAAAA		
msa21441.2{206_A909}	AAAGGTGTCC	AAGCATTCCG	AAAAGAAATTA	AAAAGACTTG	GtGCTAAAAA		
msa21441.2{206_H36B}	AAAGGTGTCC	AAGCATTCCG	AAAAGAAATTA	AAAAGACTTG	GtGCTAAAAA		
msa21441.2{206_JM9130013}	AAAGGTGTCC	AAGCATTCCG	AAAAGAAATTA	AAAAGACTTG	GtGCTAAAAA		
msa21441.2{206_CJB110}	AAAGGTGTCC	AAGCATTCCG	AAAAGAAATTA	AAAAGACTTG	GtGCTAAAAA		
msa21441.2{206_COH1}	AAAGGTGTCC	AAGCATTCCG	AAAAGAAATTA	AAAAGACTTG	GtGCTAAAAA		
msa21441.2{206_M732}	AAAGGTGTCC	AAGCATTCCG	AAAAGAAATTA	AAAAGACTTG	GtGCTAAAAA		
msa21441.2{206_M781}	AAAGGTGTCC	AAGCATTCCG	AAAAGAAATTA	AAAAGACTTG	GtGCTAAAAA		
msa21441.2{206_1169NT}	AAAGGTGTCC	AAGCATTCCG	AAAAGAAATTA	AAAAGACTTG	GtGCTAAAAA		
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****	*****	
msa21441.2{206_090}	501	TGTTGGTATC	TACATtGGTA	CTTACTTTAT	GACTGAGCAA	GGcATCTCTG	550
msa21441.2{206_18RS21}	TGTTGGTATC	TACATtGGTA	CTTACTTTAT	GACTGAGCAA	GGcATCTCTG		
msa21441.2{206_2603}	TGTTGGTATC	TACATtGGTA	CTTACTTTAT	GACTGAGCAA	GGcATCTCTG		
msa21441.2{206_A909}	TGTTGGTATC	TACATtGGTA	CTTACTTTAT	GACTGAGCAA	GGcATCTCTG		
msa21441.2{206_H36B}	TGTTGGTATC	TACATtGGTA	CTTACTTTAT	GACTGAGCAA	GGcATCTCTG		
msa21441.2{206_JM9130013}	TGTTGGTATC	TACATtGGTA	CTTACTTTAT	GACTGAGCAA	GGcATCTCTG		
msa21441.2{206_CJB110}	TGTTGGTATC	TACATtGGTA	CTTACTTTAT	GACTGAGCAA	GGcATCTCTG		
msa21441.2{206_COH1}	TGTTGGTATC	TACATtGGTA	CTTACTTTAT	GACTGAGCAA	GGcATCTCTG		
msa21441.2{206_M732}	TGTTGGTATC	TACATtGGTA	CTTACTTTAT	GACTGAGCAA	GGcATCTCTG		
msa21441.2{206_M781}	TGTTGGTATC	TACATtGGTA	CTTACTTTAT	GACTGAGCAA	GGcATCTCTG		
msa21441.2{206_1169NT}	TGTTGGTATC	TACATtGGTA	CTTACTTTAT	GACTGAGCAA	GGcATCTCTG		
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****	*****	
msa21441.2{206_090}	551	TAAAAGGATT	TGACGCTGTT	TGGATTCCAA	CTTATGGTAG	CGATTCTGGA	600
msa21441.2{206_18RS21}	TAAAAGGATT	TGACGCTGTT	TGGATTCCAA	CTTATGGTAG	CGATTCTGGA		
msa21441.2{206_2603}	TAAAAGGATT	TGACGCTGTT	TGGATTCCAA	CTTATGGTAG	CGATTCTGGA		
msa21441.2{206_A909}	TAAAAGGATT	TGACGCTGTT	TGGATTCCAA	CTTATGGTAG	CGATTCTGGA		
msa21441.2{206_H36B}	TAAAAGGATT	TGACGCTGTT	TGGATTCCAA	CTTATGGTAG	CGATTCTGGA		
msa21441.2{206_JM9130013}	TAAAAGGATT	TGACGCTGTT	TGGATTCCAA	CTTATGGTAG	CGATTCTGGA		
msa21441.2{206_CJB110}	TAAAAGGATT	TGACGCTGTT	TGGATTCCAA	CTTATGGTAG	CGATTCTGGA		
msa21441.2{206_COH1}	TAAAAGGATT	TGACGCTGTT	TGGATTCCAA	CTTATGGTAG	CGATTCTGGA		
msa21441.2{206_M732}	TAAAAGGATT	TGACGCTGTT	TGGATTCCAA	CTTATGGTAG	CGATTCTGGA		
msa21441.2{206_M781}	TAAAAGGATT	TGACGCTGTT	TGGATTCCAA	CTTATGGTAG	CGATTCTGGA		
msa21441.2{206_1169NT}	TAAAAGGATT	TGACGCTGTT	TGGATTCCAA	CTTATGGTAG	CGATTCTGGA		
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****	*****	
msa21441.2{206_090}	601	TACTATGAAG	CgGCTCCgCA	AACTGAACTT	AAATACGATT	TACACCAATA	650
msa21441.2{206_18RS21}	TACTATGAAG	CgGCTCCgCA	AACTGAACTT	AAATACGATT	TACACCAATA		
msa21441.2{206_2603}	TACTATGAAG	CgGCTCCgCA	AACTGAACTT	AAATACGATT	TACACCAATA		
msa21441.2{206_A909}	TACTATGAAG	CgGCTCCgCA	AACTGAACTT	AAATACGATT	TACACCAATA		
msa21441.2{206_H36B}	TACTATGAAG	CgGCTCCgCA	AACTGAACTT	AAATACGATT	TACACCAATA		
msa21441.2{206_JM9130013}	TACTATGAAG	CgGCTCCgCA	AACTGAACTT	AAATACGATT	TACACCAATA		
msa21441.2{206_CJB110}	TACTATGAAG	CgGCTCCgCA	AACTGAACTT	AAATACGATT	TACACCAATA		
msa21441.2{206_COH1}	TACTATGAAG	CgGCTCCgCA	AACTGAACTT	AAATACGATT	TACACCAATA		
msa21441.2{206_M732}	TACTATGAAG	CgGCTCCgCA	AACTGAACTT	AAATACGATT	TACACCAATA		
msa21441.2{206_M781}	TACTATGAAG	CgGCTCCgCA	AACTGAACTT	AAATACGATT	TACACCAATA		
msa21441.2{206_1169NT}	TACTATGAAG	CgGCTCCgCA	AACTGAACTT	AAATACGATT	TACACCAATA		
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****	*****	
msa21441.2{206_090}	651	CACCTCTCAA	GGTTATCTAC	CAGGATTCAA	TCAACCGCTT	GATTTAAATC	700
msa21441.2{206_18RS21}	CACCTCTCAA	GGTTATCTAC	CAGGATTCAA	TCAACCGCTT	GATTTAAATC		
msa21441.2{206_2603}	CACCTCTCAA	GGTTATCTAC	CAGGATTCAA	TCAACCGCTT	GATTTAAATC		
msa21441.2{206_A909}	CACCTCTCAA	GGTTATCTAC	CAGGATTCAA	TCAACCGCTT	GATTTAAATC		
msa21441.2{206_H36B}	CACCTCTCAA	GGTTATCTAC	CAGGATTCAA	TCAACCGCTT	GATTTAAATC		
msa21441.2{206_JM9130013}	CACCTCTCAA	GGTTATCTAC	CAGGATTCAA	TCAACCGCTT	GATTTAAATC		
msa21441.2{206_CJB110}	CACCTCTCAA	GGTTATCTAC	CAGGATTCAA	TCAACCGCTT	GATTTAAATC		
msa21441.2{206_COH1}	CACCTCTCAA	GGTTATCTAC	CAGGATTCAA	TCAACCGCTT	GATTTAAATC		
msa21441.2{206_M732}	CACCTCTCAA	GGTTATCTAC	CAGGATTCAA	TCAACCGCTT	GATTTAAATC		
msa21441.2{206_M781}	CACCTCTCAA	GGTTATCTAC	CAGGATTCAA	TCAACCGCTT	GATTTAAATC		
msa21441.2{206_1169NT}	CACCTCTCAA	GGTTATCTAC	CAGGATTCAA	TCAACCGCTT	GATTTAAATC		
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****	*****	
msa21441.2{206_090}	701	AAATTgCAGT	TAATAAAGAC	AAGAAGAAAA	CTTATGAGAA	ACTTTTGGGA	750
msa21441.2{206_18RS21}	AAATTgCAGT	TAATAAAGAC	AAGAAGAAAA	CTTATGAGAA	ACTTTTGGGA		
msa21441.2{206_2603}	AAATTgCAGT	TAATAAAGAC	AAGAAGAAAA	CTTATGAGAA	ACTTTTGGGA		
msa21441.2{206_A909}	AAATTgCAGT	TAATAAAGAC	AAGAAGAAAA	CTTATGAGAA	ACTTTTGGGA		
msa21441.2{206_H36B}	AAATTgCAGT	TAATAAAGAC	AAGAAGAAAA	CTTATGAGAA	ACTTTTGGGA		
msa21441.2{206_JM9130013}	AAATTgCAGT	TAATAAAGAC	AAGAAGAAAA	CTTATGAGAA	ACTTTTGGGA		
msa21441.2{206_CJB110}	AAATTgCAGT	TAATAAAGAC	AAGAAGAAAA	CTTATGAGAA	ACTTTTGGGA		

Table 53: Comparative Sequences relating to SAG 0755

msa21441.2{206_COH1}	AAATTgCAGT TAATAAAGAC AAGAAGAAAA CTTATGAGAA ACTTTTGTGA
msa21441.2{206_M732}	AAATTgCAGT TAATAAAGAC AAGAAGAAAA CTTATGAGAA ACTTTTGTGA
msa21441.2{206_M781}	AAATTgCAGT TAATAAAGAC AAGAAGAAAA CTTATGAGAA ACTTTTGTGA
msa21441.2{206_1169NT}	AAATTgCAGT TAATAAAGAC AAGAAGAAAA CTTATGAGAA ACTTTTGTGA
Consensus	*****

  

	751	762
msa21441.2{206_090}	AAAGTAAAAG AG	
msa21441.2{206_18RS21}	AAAGTAAAAG AG	
msa21441.2{206_2603}	AAAGTAAAAG AG	
msa21441.2{206_A909}	AAAGTAAAAG AG	
msa21441.2{206_H36B}	AAAGTAAAAG AG	
msa21441.2{206_JM9130013}	AAAGTAAAAG AG	
msa21441.2{206_CJB110}	AAAGTAAAAG AG	
msa21441.2{206_COH1}	AAAGTAAAAG AG	
msa21441.2{206_M732}	AAAGTAAAAG AG	
msa21441.2{206_M781}	AAAGTAAAAG AG	
msa21441.2{206_1169NT}	AAAGTAAAAG AG	
Consensus	*****	**

## SEQ ID NO. 5312

STRAIN 2603 frame: 1

TNTLKKELVEAKKTI PSVKASKVPQKSTSSKDKFVLKPI IDVSGWQLPKEIDYDTLSKN  
 ISGVVIRVFGGSKI SKTNNAAYTTGIDKSFKTHI KEFQKRNI PVAVYSYALGSSVKEMKE  
 EAQIFYKNAAPYKPTFYWIDVEEETMSNMNKGVAFRKELKRLGAKNVGIYIGTYFMTEQ  
 GISVKGFDVAVWIPTYGSDSGYYEAPQTELKYDLHQYTSQGYLPGFNQPLDLNQIAVNKD  
 KKCTYEKLFQKVKKE

## SEQ ID NO. 5313

STRAIN 090 frame: 1

TNTLKKELVEAKKTI PSVKASKVPQKSTSSKDKFVLKPI IDVSGWQLPKEIDYDTLSKN  
 ISGVVIRVFGGSKI SKTNNAAYTTGIDKSFKTHI KEFQKRNI PVAVYSYALGSSVKEMKE  
 EAQIFYKNAAPYKPTFYWIDVEEETMSNMNKGVAFRKELKRLGAKNVGIYIGTYFMTEQ  
 GISVKGFDVAVWIPTYGSDSGYYEAPQTELKYDLHQYTSQGYLPGFNQPLDLNQIAVNKD  
 KKCTYEKLFQKVKKE

## SEQ ID NO. 5314

STRAIN A909 frame: 1

TNTLKKELVEAKKTI PSVKASKVPQKSTSSKDKFVLKPI IDVSGWQLPKEIDYDTLSKN  
 ISGVVIRVFGGSKI SKTNNAAYTTGIDKSFKTHI KEFQKRNI PVAVYSYALGSSVKEMKE  
 EAQIFYKNAAPYKPTFYWIDVEEETMSNMNKGVAFRKELKRLGAKNVGIYIGTYFMTEQ  
 GISVKGFDVAVWIPTYGSDSGYYEAPQTELKYDLHQYTSQGYLPGFNQPLDLNQIAVNKD  
 KKCTYEKLFQKVKKE

## SEQ ID NO. 5315

STRAIN H36B frame: 1

TNTLKKELVEAKKTI PSVKASKVPQKSTSSKDKFVLKPI IDVSGWQLPKEIDYDTLSKN  
 ISGVVIRVFGGSKI SKTNNAAYTTGIDKSFKTHI KEFQKRNI PVAVYSYALGSSVKEMKE  
 EAQIFYKNAAPYKPTFYWIDVEEETMSNMNKGVAFRKELKRLGAKNVGIYIGTYFMTEQ  
 GISVKGFDVAVWIPTYGSDSGYYEAPQTELKYDLHQYTSQGYLPGFNQPLDLNQIAVNKD  
 KKCTYEKLFQKVKKE

## SEQ ID NO. 5316

STRAIN 18RS21 frame: 1

TNTLKKELVEAKKTI PSVKASKVPQKSTSSKDKFVLKPI IDVSGWQLPKEIDYDTLSKN  
 ISGVVIRVFGGSKI SKTNNAAYTTGIDKSFKTHI KEFQKRNI PVAVYSYALGSSVKEMKE  
 EAQIFYKNAAPYKPTFYWIDVEEETMSNMNKGVAFRKELKRLGAKNVGIYIGTYFMTEQ  
 GISVKGFDVAVWIPTYGSDSGYYEAPQTELKYDLHQYTSQGYLPGFNQPLDLNQIAVNKD  
 KKCTYEKLFQKVKKE

## SEQ ID NO. 5317

STRAIN M732 frame: 1

TNTLKKELVEAKKTI PSVKASKVPQKSTSSKDKFVLKPI IDVSGWQLPKEIDYDTLSKN  
 ISGVVIRVFGGSKI SKTNNAAYTTGIDKSFKTHI KEFQKRNI PVAVYSYALGSSVKEMKE  
 EAQIFYKNAAPYKPTFYWIDVEEETMSNMNKGVAFRKELKRLGAKNVGIYIGTYFMTEQ  
 GISVKGFDVAVWIPTYGSDSGYYEAPQTELKYDLHQYTSQGYLPGFNQPLDLNQIAVNKD  
 KKCTYEKLFQKVKKE

## SEQ ID NO. 5318

STRAIN COH1 frame: 1

TNTLKKELVEAKKTI PSVKASKVPQKSTSSKDKFVLKPI IDVSGWQLPKEIDYDTLSKN  
 ISGVVIRVFGGSKI SKTNNAAYTTGIDKSFKTHI KEFQKRNI PVAVYSYALGSSVKEMKE  
 EAQIFYKNAAPYKPTFYWIDVEEETMSNMNKGVAFRKELKRLGAKNVGIYIGTYFMTEQ  
 GISVKGFDVAVWIPTYGSDSGYYEAPQTELKYDLHQYTSQGYLPGFNQPLDLNQIAVNKD  
 KKCTYEKLFQKVKKE

## SEQ ID NO. 5319

STRAIN M781 frame: 1

TNTLKKELVEAKKTI PSVKASKVPQKSTSSKDKFVLKPI IDVSGWQLPKEIDYDTLSKN  
 ISGVVIRVFGGSKI SKTNNAAYTTGIDKSFKTHI KEFQKRNI PVAVYSYALGSSVKEMKE  
 EAQIFYKNAAPYKPTFYWIDVEEETMSNMNKGVAFRKELKRLGAKNVGIYIGTYFMTEQ  
 GISVKGFDVAVWIPTYGSDSGYYEAPQTELKYDLHQYTSQGYLPGFNQPLDLNQIAVNKD  
 KKCTYEKLFQKVKKE

Table 53: Comparative Sequences relating to SAG 0755

SEQ ID NO. 5320

STRAIN CJB110 frame: 2

NTLKKELVEAKKTIPSVKASKVPQKSTSSKDKEFVLKPIIDVSGWQLPKEIDYDTLSKNI  
 ISGVVIRVFGGSKI SKTNNAAAYTTGIDKSFKTHIKEFQKRNI PVAVYSYALGSSVKEMKEE  
 AQIFYKNAAPYKPTFYWIDVEEETMSNMNKGVAFRKELKRLGAKNVGIYIGTYFMTEQG  
 ISVKGFDVAVWIPTYGSDSGYYEAPQTELKYLHQTYSQGYLPGFNQPLDLNQIATVKNKK  
 KKTTEKLFQKVKKE

SEQ ID NO. 5321

STRAIN 1169NT frame: 1

TNTLKKELVEAKKTIPSVKASKVPQKSTSSKDKEFVLKPIIDVSGWQLPKEIDYDTLSKNI  
 ISGVVIRVFGGSKI SKTNNAAAYTTGIDKSFKTHIKEFQKRNI PVAVYSYALGSSVKEMKEE  
 EAQIFYKNAAPYKPTFYWIDVEEETMSNMNKGVAFRKELKRLGAKNVGIYIGTYFMTEQG  
 GISVKGFDVAVWIPTYGSDSGYYEAPQTELKYLHQTYSQGYLPGFNQPLDLNQIATVKNKK  
 KKTTEKLFQKVKKE

SEQ ID NO. 5322

STRAIN JM9130013 frame: 1

TNTLKKELVEAKKTIPSVKASKVPQKSTSSKDKEFVLKPIIDVSGWQLPKEIDYDTLSKNI  
 ISGVVIRVFGGSKI SKTNNAAAYTTGIDKSFKTHIKEFQKRNI PVAVYSYALGSSVKEMKEE  
 EAQIFYKNAAPYKPTFYWIDVEEETMSNMNKGVAFRKELKRLGAKNVGIYIGTYFMTEQG  
 GISVKGFDVAVWIPTYGSDSGYYEAPQTELKYLHQTYSQGYLPGFNQPLDLNQIATVKNKK  
 KKTTEKLFQKVKKE

PRETTY of: /biotmp/msa21641.2{\*} January 20, 2003 03:59 ..

	1		50
msa21641.2{206_090}	1	NTLKKELVE AKKTIPSVKA SKVPQKSTSS KDKEFVLKPI IDVSGWQLPK	
msa21641.2{206_1169NT}	1	TNTLKKELVE AKKTIPSVKA SKVPQKSTSS KDKEFVLKPI IDVSGWQLPK	
msa21641.2{206_18RS21}	1	TNTLKKELVE AKKTIPSVKA SKVPQKSTSS KDKEFVLKPI IDVSGWQLPK	
msa21641.2{206_2603}	1	TNTLKKELVE AKKTIPSVKA SKVPQKSTSS KDKEFVLKPI IDVSGWQLPK	
msa21641.2{206_A909}	1	TNTLKKELVE AKKTIPSVKA SKVPQKSTSS KDKEFVLKPI IDVSGWQLPK	
msa21641.2{206_H36B}	1	TNTLKKELVE AKKTIPSVKA SKVPQKSTSS KDKEFVLKPI IDVSGWQLPK	
msa21641.2{206_JM9130013}	1	TNTLKKELVE AKKTIPSVKA SKVPQKSTSS KDKEFVLKPI IDVSGWQLPK	
msa21641.2{206_COH1}	1	TNTLKKELVE AKKTIPSVKA SKVPQKSTSS KDKEFVLKPI IDVSGWQLPK	
msa21641.2{206_M732}	1	TNTLKKELVE AKKTIPSVKA SKVPQKSTSS KDKEFVLKPI IDVSGWQLPK	
msa21641.2{206_M781}	1	TNTLKKELVE AKKTIPSVKA SKVPQKSTSS KDKEFVLKPI IDVSGWQLPK	
msa21641.2{206_CJB110}	1	-NTLKKELVE AKKTIPSVKA SKVPQKSTSS KDKEFVLKPI IDVSGWQLPK	
Consensus		*****	
	51		100
msa21641.2{206_090}	51	EIDYDTLSKN ISGVVIRvFG GSKISKTNNA AYTTGIDKSF KTHIKEFQKR	
msa21641.2{206_1169NT}	51	EIDYDTLSKN ISGVVIRvFG GSKISKTNNA AYTTGIDKSF KTHIKEFQKR	
msa21641.2{206_18RS21}	51	EIDYDTLSKN ISGVVIRvFG GSKISKTNNA AYTTGIDKSF KTHIKEFQKR	
msa21641.2{206_2603}	51	EIDYDTLSKN ISGVVIRvFG GSKISKTNNA AYTTGIDKSF KTHIKEFQKR	
msa21641.2{206_A909}	51	EIDYDTLSKN ISGVVIRvFG GSKISKTNNA AYTTGIDKSF KTHIKEFQKR	
msa21641.2{206_H36B}	51	EIDYDTLSKN ISGVVIRvFG GSKISKTNNA AYTTGIDKSF KTHIKEFQKR	
msa21641.2{206_JM9130013}	51	EIDYDTLSKN ISGVVIRvFG GSKISKTNNA AYTTGIDKSF KTHIKEFQKR	
msa21641.2{206_COH1}	51	EIDYDTLSKN ISGVVIRvFG GSKISKTNNA AYTTGIDKSF KTHIKEFQKR	
msa21641.2{206_M732}	51	EIDYDTLSKN ISGVVIRvFG GSKISKTNNA AYTTGIDKSF KTHIKEFQKR	
msa21641.2{206_M781}	51	EIDYDTLSKN ISGVVIRvFG GSKISKTNNA AYTTGIDKSF KTHIKEFQKR	
msa21641.2{206_CJB110}	51	EIDYDTLSKN ISGVVIRvFG GSKISKTNNA AYTTGIDKSF KTHIKEFQKR	
Consensus		*****	
	101		150
msa21641.2{206_090}	101	NIPVAVYSYA LGSSVKEMKE EAQIFYKNAA PYKPTFYWID VEEETMSNMN	
msa21641.2{206_1169NT}	101	NIPVAVYSYA LGSSVKEMKE EAQIFYKNAA PYKPTFYWID VEEETMSNMN	
msa21641.2{206_18RS21}	101	NIPVAVYSYA LGSSVKEMKE EAQIFYKNAA PYKPTFYWID VEEETMSNMN	
msa21641.2{206_2603}	101	NIPVAVYSYA LGSSVKEMKE EAQIFYKNAA PYKPTFYWID VEEETMSNMN	
msa21641.2{206_A909}	101	NIPVAVYSYA LGSSVKEMKE EAQIFYKNAA PYKPTFYWID VEEETMSNMN	
msa21641.2{206_H36B}	101	NIPVAVYSYA LGSSVKEMKE EAQIFYKNAA PYKPTFYWID VEEETMSNMN	
msa21641.2{206_JM9130013}	101	NIPVAVYSYA LGSSVKEMKE EAQIFYKNAA PYKPTFYWID VEEETMSNMN	
msa21641.2{206_COH1}	101	NIPVAVYSYA LGSSVKEMKE EAQIFYKNAA PYKPTFYWID VEEETMSNMN	
msa21641.2{206_M732}	101	NIPVAVYSYA LGSSVKEMKE EAQIFYKNAA PYKPTFYWID VEEETMSNMN	
msa21641.2{206_M781}	101	NIPVAVYSYA LGSSVKEMKE EAQIFYKNAA PYKPTFYWID VEEETMSNMN	
msa21641.2{206_CJB110}	101	NIPVAVYSYA LGSSVKEMKE EAQIFYKNAA PYKPTFYWID VEEETMSNMN	
Consensus		*****	
	151		200
msa21641.2{206_090}	151	KGVAQFRKEL KRLGAKNVGI YIGTYFMTEQ GISVKGFDVAV WIPTYGSDSG	
msa21641.2{206_1169NT}	151	KGVAQFRKEL KRLGAKNVGI YIGTYFMTEQ GISVKGFDVAV WIPTYGSDSG	
msa21641.2{206_18RS21}	151	KGVAQFRKEL KRLGAKNVGI YIGTYFMTEQ GISVKGFDVAV WIPTYGSDSG	
msa21641.2{206_2603}	151	KGVAQFRKEL KRLGAKNVGI YIGTYFMTEQ GISVKGFDVAV WIPTYGSDSG	
msa21641.2{206_A909}	151	KGVAQFRKEL KRLGAKNVGI YIGTYFMTEQ GISVKGFDVAV WIPTYGSDSG	
msa21641.2{206_H36B}	151	KGVAQFRKEL KRLGAKNVGI YIGTYFMTEQ GISVKGFDVAV WIPTYGSDSG	
msa21641.2{206_JM9130013}	151	KGVAQFRKEL KRLGAKNVGI YIGTYFMTEQ GISVKGFDVAV WIPTYGSDSG	
msa21641.2{206_COH1}	151	KGVAQFRKEL KRLGAKNVGI YIGTYFMTEQ GISVKGFDVAV WIPTYGSDSG	
msa21641.2{206_M732}	151	KGVAQFRKEL KRLGAKNVGI YIGTYFMTEQ GISVKGFDVAV WIPTYGSDSG	
msa21641.2{206_M781}	151	KGVAQFRKEL KRLGAKNVGI YIGTYFMTEQ GISVKGFDVAV WIPTYGSDSG	
msa21641.2{206_CJB110}	151	KGVAQFRKEL KRLGAKNVGI YIGTYFMTEQ GISVKGFDVAV WIPTYGSDSG	
Consensus		*****	

Table 53: Comparative Sequences relating to SAG 0755

	201		250
msa21641.2{206_090}	YYEAAPQTEL KYDLHQYTSQ GYLPGFNQPL DLNQIaVNKD KKKTYEKLFG		
msa21641.2{206_1169NT}	YYEAAPQTEL KYDLHQYTSQ GYLPGFNQPL DLNQIaVNKD KKKTYEKLFG		
msa21641.2{206_18RS21}	YYEAAPQTEL KYDLHQYTSQ GYLPGFNQPL DLNQIaVNKD KKKTYEKLFG		
msa21641.2{206_2603}	YYEAAPQTEL KYDLHQYTSQ GYLPGFNQPL DLNQIaVNKD KKKTYEKLFG		
msa21641.2{206_A909}	YYEAAPQTEL KYDLHQYTSQ GYLPGFNQPL DLNQIaVNKD KKKTYEKLFG		
msa21641.2{206_H36B}	YYEAAPQTEL KYDLHQYTSQ GYLPGFNQPL DLNQIaVNKD KKKTYEKLFG		
msa21641.2{206_JM9130013}	YYEAAPQTEL KYDLHQYTSQ GYLPGFNQPL DLNQIaVNKD KKKTYEKLFG		
msa21641.2{206_COH1}	YYEAAPQTEL KYDLHQYTSQ GYLPGFNQPL DLNQIaVNKD KKKTYEKLFG		
msa21641.2{206_M732}	YYEAAPQTEL KYDLHQYTSQ GYLPGFNQPL DLNQIaVNKD KKKTYEKLFG		
msa21641.2{206_M781}	YYEAAPQTEL KYDLHQYTSQ GYLPGFNQPL DLNQIaVNKD KKKTYEKLFG		
msa21641.2{206_CJB110}	YYEAAPQTEL KYDLHQYTSQ GYLPGFNQPL DLNQIaVNKD KKKTYEKLFG		
Consensus	*****	*****	*****
	251		
msa21641.2{206_090}	KVKE		
msa21641.2{206_1169NT}	KVKE		
msa21641.2{206_18RS21}	KVKE		
msa21641.2{206_2603}	KVKE		
msa21641.2{206_A909}	KVKE		
msa21641.2{206_H36B}	KVKE		
msa21641.2{206_JM9130013}	KVKE		
msa21641.2{206_COH1}	KVKE		
msa21641.2{206_M732}	KVKE		
msa21641.2{206_M781}	KVKE		
msa21641.2{206_CJB110}	KVKE		
Consensus	****		

Table 54: Comparative Sequences relating to SAG0949

## SEQ ID NO. 5401

## STRAIN 2603

TTGACTCACAAAATATATTATTAACCATATATTTGGATTATTT  
 ATGATTATATTTATCAGCATGTGGTATGTCTAATAAGGAAATGGCTGGTATTGATAATTGG  
 GAACATTATCAAAAGGAAAAGAAAATTACTATTGGATTGATAATACTTTTGTTCCTATG  
 GGATTGAAAGTCGTTCTGGTGACTATACCGGCTTTGATATTGATTAGCTAATGCTGTT  
 TTTAAGAATAACGGTATTTCACTGAAATGGCAGCCTATTAACTGGGATATGAAAGAACT  
 GAACCTTAATAATGGTAAATATAGACCTTATTGGAAATGGTTATTCAAAAACCGCAGAACGT  
 GCTAAAAAGTCGCTTTTCAAAACCCATATATGAATAATCATCAAGTAATTTGTTACTAAA  
 ACTTCATCACATATTAAAGTATTAAAGGATATGAAGGGGAAAAAACTAGGAGCCCAAGTCG  
 GGTTTCATCTGGTTTGTATGCTTTTAAACGCTAAACCTGATATTTAAAAAAGTTTGTAAAA  
 GGAAAAGAAGCAGTTCAATACGATACCTTCACTCAGGCTTTGATTGATTAAAAAATAAC  
 CGTATTGATGGTCTTTGATTGATGAAGTTTATGCTAACTATTATTAAAGCAAGAAGGA  
 AATATAAAGCTTATTATTTTGTAAAACTGCTTATCAAGGAGAAAAATTTGTAGTAGGA  
 GCTCGTAAAGTTGATCGTAGACTAATTGAAAAGATTAAACAAAGCTTTCAACAGCTTCAT  
 AATAAGGGAGATTTCAAAAAATCTCTTACAAATGGTTTGGTGAAGATGTTTATAGTAAA  
 GAA

## SEQ ID NO. 5402

## STRAIN 090

## ATTGGGaaCATTATC

AAAAGGAAAAGAAAATTACTATTGGATTGATAATACTTTTGTTCCTATG  
 GGATTGAAAGCCGTTCTGGTGACTALACCGGCTTTGATATTGATTAGC  
 TAATGCTGTTTTTAAAGAATACGGTATTTCACTGAAATGGCAGCCTATTA  
 ACTGGGATATGAAAGAACTGAACCTTAATAATGGTAAATAGACCTTATT  
 TGGAAATGGTTATTCAAAAACCGGCAGAACGTGCTAAAAAAGTCGCTTTTAC  
 AAACCCATATATGAATAATCATCAAGTAATTTGTTACTAAAACTTCATCAC  
 ATATTAAAGTATTAAAGGATATGAAGGGGAAAAAACTAGGAGCCCAAGTCG  
 GGTTTCATCTGGTTTGTATGCTTTTAAATGCTAAACCTGATATTTAAAAAA  
 GTTTGTAAGGAAAAGAACAGCAGTTCAATACGATACCTTCACTCAGGCTT  
 TGATTGATTAAAAAATAACCGTATTGATGGTCTTTTGAATTGATGAAGTT  
 TATGCTAACTATTATTAAAGCAAGAAGGAAATATAAAGCTTATTATT  
 TGTAAAACTGCTTATCAAGGAGAAAAATTTGTAGTAGGAGCTCGCAAAG  
 TTGATCGTAGACTAATTGAAAAGATTAAACAAAGCTTTCAACAGCTTCAT  
 AATAAGGAAAATTTCAAAAAATCTCTTACAAATGGTTTGGTGAAGATGT  
 TTATAGTAAAGAA

## SEQ ID NO. 5403

## STRAIN A909

## ATTGGG

aACATTATCAAAAGGAAAAGAAAATTACTATTGGATTGATAATACTTTT  
 GTTCCTATGGGATTGAAAAGTCGTTCTGGTGACTATACCGGCTTTGATAT  
 TGATTAGCTAATGCTGTTTTTAAAGAATACGGTATTTCACTGAAATGGC  
 AGCCTATTAACTGGGATATgAAAGAACTGAACCTTAATAATGGTAAATATA  
 GACCTTATTGGAATGGTTATTCAAAAACCGGCAGAACGTGCTAAAAAAGT  
 CGCTTTTACAAACCCATATATGAATAATCATCAAGTAATTTGTTACTAAAA  
 CTTCATCACATATTAATAGTATTAAGGATATGAAGGGGAAAAAACTAGGA  
 GCCCAGTCGGGTTTCATCTGGTTTGTATGCTTTTAAACGCTAAACCTGATAT  
 TTTAAAAAAGTTTGTAAAAGGAAAAGAACAGCAGTCAATACGATACCTTCA  
 CTCAGGCTTTGATTGATTAAAAAATAACCGTATTGATGGTCTTTTGTATT  
 GATGAAGTTTATGCTAACTATTATTAAAGCAAGAAGGAAATATAAAGC  
 TTATTATTTTGTAAAACTGCTTATCAAGGAGAAAAATTTGTAGTAGGAG  
 CTCGTAAAGTTGATCGTAGACTAATTGAAAAGATTAAACAAAGCTTTCAAA  
 CAGCTTCATAATAAGGGAGATTTCAAAAAATCTCTTACAAATGGTTTGG  
 TGAAGATGTTTATAGTAAAGaa

## SEQ ID NO. 5404

## STRAIN H36B

## ATTGGGAACATTAT

CAAAAGGAAAAGAAAATTACTATTGGATT  
 TGATAATACTTTTGTTCCTATGGGATTGAAAAGTCGTTCTGGTGACTATA  
 CCGGCTTTGATATTGATTAGCTAATGCTGTTTTTAAAGAATACGGTATT  
 TCAGTGAAATGGCAGCCTATTAACTGGGATATGAAAGAACTGAACCTTAA  
 TAATGGTAAATAGACCTTATTGGAATGGTTATTCAAAAACCGGCAGAAC  
 GTGCTAAAAAAGTCGCTTTTACAAACCCATATATGAATAATCATCAAGTA  
 ATTGTTACTAAAACTTCATCACATATTAAAGTATTAAAGGATATGAAGGG  
 GAAAAAATAGGAGCCCAAGTCGGGTTTCATCTGGTTTGTATGCTTTTAAAG  
 CTAACCTGATATTTAAAAAAGTTTGTAAAAGGAAAAGAACAGCAGTCAA  
 TACGATACCTTCACTCAGGCTTTGATTGATTAAAAAATAACCGTATTGA  
 TGGTCTTTTGTATTGATGAAGTCTATGCTAACTATTATTAAAGCAAGAAG  
 GAAATATAAAGCTTATTATTGTTTAAACCTGCTTATCAAGGAGAAAAAT  
 TTTGTAGTAGGAGCTCGTAAAGTTGATCGTAGACTAATTGAAAAGATTAA  
 CAAAGCTTTCAACAGCTTCATAATAAGGGAGATTTCAAAAAATCTCTT  
 ACAAATGGTTTGGTGAAGATGTTTATAGTAAAGAA

## SEQ ID NO. 5405

## STRAIN 18RS21

## ATTGGGAACATTAT

TCAAAAGGAAAAGAAAATTACTATTGGATTGATAATACTTTTGTTCCTA  
 TGGGATTGAAAAGTCGTTCTGGTGACTALACCGGCTTTGATATTGATTTA  
 GCTAATGCTGTTTTTAAAGAATACGGTATTTCACTGAAATGGCAGCCTAT  
 TAACCTGGGATATGAAAGAACTGAACCTTAATAATGGTAAATAGACCTTA  
 TTTGGAATGGTTATTCAAAAACCGGCAGAACGTGCTAAAAAAGTCGCTTTT  
 ACAAACCCATATATGAATAATCATCAAGTAATTTGTTACTAAAACTTCATC

Table 54: Comparative Sequences relating to SAG0949

ACATATTAAAGTATTAAGGATATGAAGGGGAAAAAACTAGGAGCCAGT  
CGGGTTCATCTGGTTTGTATGCTTTTAAACGCTAAACCTGATATTTAAAA  
AAGTTTGTAAAGGAAAAGAGCAGTTCAATACGATCTTCACTCAGGC  
TTTGATTTGATTTAAAAAATAACCGTATTGATGGTCTTTTGATTGATGAAG  
TTTATGCTAACTATTATTTAAAGCAAGAAGGAAATATAAAGCTTATTAT  
TTTGTAAAACTGCTTATCAAGGAGAAAAATTTGTAGTAGGAGCTCGTAA  
AGTTGATCGTAGACTAATTGAAAAGATTAAACAAAGCTTTCAAACAGCTTC  
ATAATAAGGGGAGATTTCAAAAAATCTCTTACAAATGGTTTGGTGAAGAT  
GTTTATAGTAAAGAA

SEQ ID NO. 5406

STRAIN M732

ATTGGGAACATTATCAAAAGGAAAAAGAAAATTACTATTGGATTGATAA  
TACTTTTGTTCCTATGGGATTGAAAGTCGTTCTGGTGACTATACCGGCT  
TTGATATTGATTTAGCTAATGCTGTTTAAAGAAATACGGTATTTCAGTG  
AAATGGCAGCCTATTAACTGGGATATGAAAGAACTGAACCTTAATAATGG  
TAATATAGACCTTATTTGGAATGGTTATTCAAAAACGGCAGAACGTGCTA  
AAAAAGTCGCTTTTACAAACCCATATATGAATAATCATCAAGTAATTGTT  
ACTAAAACCTTCATCACAATTAATAGTATTAAGGATATGAAGGGGAAAAA  
CTAGGAGCCCGAGTCGGGTTTCATCTGGTTTGTATGCTTTTAAACGCTAAAC  
CTGATATTTTAAAAAAGTTTGTAAAGGAAAAAGAGCAGTTCAATACGAT  
ACTTTCACCTCAGGCTTTGATTGATTAAAAAATAACCGTATTGATGGTCT  
TTTGATTGATGAAGTTTATGCTAATCTATTATTAAAGCAAGAAGGAAATA  
TAAAGCTTATTATTTGTTAAACCTGCTTATCAAGGAGAAAAATTTGTA  
GTAGGAGCTCGTAAAGTTGATCGTAGACTAATTGAAAAGATTAAACAAAGC  
TTTCAAACAGCTTCATAATAAGGGGAGATTTCAAAAAATCTCTTACAAAT  
GGTTTGGTGAAGATGTTTATAGTAAAGAA

SEQ ID NO. 5407

STRAIN COH1

ATTGGGAACATTATCAAAAGGAAAAAGAAAATTACTATTGGATTGATAA  
TACTTTTGTTCCTATGGGATTGAAAGTCGTTCTGGTGACTATACCGGCT  
TTGATATTGATTTAGCTAATGCTGTTTAAAGAAATACGGTATTTCAGTG  
AAATGGCAGCCTATTAACTGGGATATGAAAGAACTGAACCTTAATAATGG  
TAATATAGACCTTATTTGGAATGGTTATTCAAAAACGGCAGAACGTGCTA  
AAAAAGTCGCTTTTACAAACCCATATATGAATAATCATCAAGTAATTGTT  
ACTAAAACCTTCATCACAATTAATAGTATTAAGGATATGAAGGGGAAAAA  
CTAGGAGCCCGAGTCGGGTTTCATCTGGTTTGTATGCTTTTAAACGCTAAAC  
CTGATATTTTAAAAAAGTTTGTAAAGGAAAAAGAGCAGTTCAATACGAT  
ACTTTCACCTCAGGCTTTGATTGATTAAAAAATAACCGTATTGATGGTCT  
TTTGATTGATGAAGTTTATGCTAATCTATTATTAAAGCAAGAAGGAAATA  
TAAAGCTTATTATTTGTTAAACCTGCTTATCAAGGAGAAAAATTTGTA  
GTAGGAGCTCGTAAAGTTGATCGTAGACTAATTGAAAAGATTAAACAAAGC  
TTTCAAACAGCTTCATAATAAGGGGAGATTTCAAAAAATCTCTTACAAAT  
GGTTTGGTGAAGATGTTTATAGTAAAGAA

SEQ ID NO. 5408

STRAIN M781

ATTGGGAACATTATCAAAAGGAAAAAGAAAATTACTATTGGATTGATAA  
TACTTTTGTTCCTATGGGATTGAAAGTCGTTCTGGTGACTATACCGGCT  
TTTGATATTGATTTAGCTAATGCTGTTTAAAGAAATACGGTATTTCAGTG  
GAAATGGCAGCCTATTAACTGGGATATGAAAGAACTGAACCTTAATAATGG  
GTAATATAGACCTTATTTGGAATGGTTATTCAAAAACGGCAGAACGTGCT  
AAAAAGTCGCTTTTACAAACCCATATATGAATAATCATCAAGTAATTGTT  
TACTAAAACCTTCATCACAATTAATAGTATTAAGGATATGAAGGGGAAAAA  
AACTAGGAGCCCGAGTCGGGTTTCATCTGGTTTGTATGCTTTTAAACGCTAAAC  
CCTGATATTTTAAAAAAGTTTGTAAAGGAAAAAGAGCAGTTCAATACGA  
TACTTTCACCTCAGGCTTTGATTGATTAAAAAATAACCGTATTGATGGTCT  
TTTGATTGATGAAGTTTATGCTAATCTATTATTAAAGCAAGAAGGAAAT  
ATAAAGCTTATTATTTGTTAAACCTGCTTATCAAGGAGAAAAATTTGTT  
AGTAGGAGCTCGTAAAGTTGATCGTAGACTAATTGAAAAGATTAAACAAAG  
CTTTCAAACAGCTTCATAATAAGGGGAGATTTCAAAAAATCTCTTACAAAT  
TGGTTTGGTGAAGATGTTTATAGTAAAGAA

SEQ ID NO. 5409

STRAIN CJB110

ATTGGGAACATTATCAAAAGGAAAAAGAAAATTACTATTGGATTGATAAT  
ACTTTTGTTCCTATGGGATTGAAAGTCGTTCTGGTGACTATACCGGCT  
TGATATTGATTTAGCTAATGCTGTTTAAAGAAATACGGTATTTCAGTGA  
AATGGCAGCCTATTAACTGGGATATGAAAGAACTGAACCTTAATAATGGT  
AATATAGACCTTATTTGGAATGGTTATTCAAAAACGGCAGAACGTGCTAA  
AAAAAGTCGCTTTTACAAACCCATATATGAATAATCATCAAGTAATTGTTA  
CTAAAACCTTCATCACAATTAATAGTATTAAGGATATGAAGGGGAAAAA  
CTAGGAGCCCGAGTCGGGTTTCATCTGGTTTGTATGCTTTTAAACGCTAAACC  
TGATATTTTAAAAAAGTTTGTAAAGGAAAAAGAGCAGTTCAATACGATA  
CTTTCACCTCAGGCTTTGATTGATTAAAAAATAACCGTATTGATGGTCTT  
TTGATTGATGAAGTTTATGCTAATCTATTATTAAAGCAAGAAGGAAATAT  
AAAAGCTTATTATTTGTTAAACCTGCTTATCAAGGAGAAAAATTTGTAG  
TAGGAGCTCGTAAAGTTGATCGTAGACTAATTGAAAAGATTAAACAAAGCT  
TTCAAACAGCTTCATAATAAGGGGAGATTTCAAAAAATCTCTTACAAATG  
GTTTGGTGAAGATGTTTATAGTAAAGAA

SEQ ID NO. 5410



Table 54: C mparative Sequences relating to SAG0949

## STRAIN 1169NT

ATTGGGAACATTATCAAAAGGAAAAGAAATTACTATTGGATTGATAA  
TACTTTTGTCTCTATGGGATTTGAAAGTCGTTCTGGTGACTATACCGGCT  
TTGATATTGATTAGCTAATGCTGTTTTTAAAGAATACGGTATTTTCAAGT  
AAATGGCAGCCTATTAACTGGGATATGAAAGAACTGAACTCAATAATGG  
TAATATAGACCTTATTGGAAATGGTTATTCAAAAACGGCAGAACGCTGCTA  
AAAAAGTCGCTTTTACAAACCCATATATGAATAATCATCAAGTAATTGTT  
ACTAAACTTCATCACATATTAAATAGTATTAAGGATATGAAGGGGAAAAA  
ACTAGAGCCCGAGTCGGGTTTCTGCTGTTTATGATGCTTTTAAATGCTAAAC  
CTGACATTTTAAAAAGTTTGTAAAGGAAAAGAGCAGTTCAATACGAT  
ACTTTCACTCAGGCTTTGATTGATTAAAAAATAACCGTATTGATGGTCT  
TTTGATTGATGAAGTTTATGCTAACTATTATTAAAGCAAGAAGGAAATA  
TAAAGCTTATTATTTTGTTTAAAGCTGCTTATCAAGGAGAAAAATTTGTA  
GTAGGAGCTCGCAAAGTTGATCGTAGACTAATTGAAAAGATTAAACAAAGC  
TTTCAACAGCTTCATAATAAGGGGAAATTTCAAAAATCTCTTACAAAT  
GGTTTGGTGAAGATGTTTATAGTAAAGAA

## SEQ ID NO. 5411

STRAIN JM9130013

ATTGGGAACATTATC

AAAAGGAAAAGAAATTACTATTGGATTGATAAATCTTTTGTCTCTATG  
GGATTGAAAGTCGTTCTGGTGACTATACCGGCTTTGATATTGATTAGC  
TAATGCTGTTTAAAGAATAACGGTATTTTCAAGTAAATGGCAGCCTATTA  
ACTGGGATATGAAAGAACTGAACTTAATAATGGTAATAGACCTTATT  
TGGAAATGGTTATTCAAAAACGGCAGAACGCTGCTAAAAAAGTCGCTTTTAC  
AAACCCATATATGAATAATCATCAAGTAATTGTTTACTAAACTTCATCAC  
ATATTAATAGTATTAAGGATATGAAGGGGAAAAAATAGGAGCCCGAGTCG  
GGTTCACTCGGTTTGTATGCTTTTAAAGCTAAACCTGATATTAAAAA  
GTTTGTAAAGGAAAAGAGCAGTTCAATACGATACCTTTCACTCAGGCTT  
TGATTGATTAAAAAATAACCGTATTGATGGTCTTTTGAATGATGAAGTT  
TATGCTAACTATTATTAAAGCAAGAAGGAAATATAAAGCTTATTATT  
TGTTAAAGCTGCTTATCAAGGAGAAAAATTTGTAGTAGGAGCTCGTAAAG  
TTGATCGTAGACTAATTGAAAAGATTAAACAGCTTTCAACAGCTTCAT  
AATAAGGGGAGATTTCAAAAATCTCTTACAAATGGTTTGGTGAAGATGT  
TTATAGTAAAGAA

PRETTY of: /biotmp/msa39314.2(\*) February 18, 2003 11:01 ..

	1				50
msa39314.2{225_18RS21}	-----	-----	-----	-----	-----
msa39314.2{225_2603}	ttgactcaca	aaaatatatt	attaaccatt	atatttggat	tatttatgat
msa39314.2{225_A909}	-----	-----	-----	-----	-----
msa39314.2{225_CJB110}	-----	-----	-----	-----	-----
msa39314.2{225_COH1}	-----	-----	-----	-----	-----
msa39314.2{225_H36B}	-----	-----	-----	-----	-----
msa39314.2{225_KM9130013}	-----	-----	-----	-----	-----
msa39314.2{225_M732}	-----	-----	-----	-----	-----
msa39314.2{225_M781}	-----	-----	-----	-----	-----
msa39314.2{225_090}	-----	-----	-----	-----	-----
msa39314.2{225_1169NT}	-----	-----	-----	-----	-----
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
	51				100
msa39314.2{225_18RS21}	-----	-----	-----	-----	-----
msa39314.2{225_2603}	tatattatca	gcatgtggtg	tgtctaataa	ggaaatggct	ggtattgata
msa39314.2{225_A909}	-----	-----	-----	-----	-----
msa39314.2{225_CJB110}	-----	-----	-----	-----	-----
msa39314.2{225_COH1}	-----	-----	-----	-----	-----
msa39314.2{225_H36B}	-----	-----	-----	-----	-----
msa39314.2{225_KM9130013}	-----	-----	-----	-----	-----
msa39314.2{225_M732}	-----	-----	-----	-----	-----
msa39314.2{225_M781}	-----	-----	-----	-----	-----
msa39314.2{225_090}	-----	-----	-----	-----	-----
msa39314.2{225_1169NT}	-----	-----	-----	-----	-----
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
	101				150
msa39314.2{225_18RS21}	ATTGGGAACA	TTATCAAAAG	GAAAAGAAAA	TTACTATTGG	ATTTGATAAT
msa39314.2{225_2603}	ATTGGGAACA	TTATCAAAAG	GAAAAGAAAA	TTACTATTGG	ATTTGATAAT
msa39314.2{225_A909}	ATTGGGAACA	TTATCAAAAG	GAAAAGAAAA	TTACTATTGG	ATTTGATAAT
msa39314.2{225_CJB110}	ATTGGGAACA	TTATCAAAAG	GAAAAGAAAA	TTACTATTGG	ATTTGATAAT
msa39314.2{225_COH1}	ATTGGGAACA	TTATCAAAAG	GAAAAGAAAA	TTACTATTGG	ATTTGATAAT
msa39314.2{225_H36B}	ATTGGGAACA	TTATCAAAAG	GAAAAGAAAA	TTACTATTGG	ATTTGATAAT
msa39314.2{225_KM9130013}	ATTGGGAACA	TTATCAAAAG	GAAAAGAAAA	TTACTATTGG	ATTTGATAAT
msa39314.2{225_M732}	ATTGGGAACA	TTATCAAAAG	GAAAAGAAAA	TTACTATTGG	ATTTGATAAT
msa39314.2{225_M781}	ATTGGGAACA	TTATCAAAAG	GAAAAGAAAA	TTACTATTGG	ATTTGATAAT
msa39314.2{225_090}	ATTGGGAACA	TTATCAAAAG	GAAAAGAAAA	TTACTATTGG	ATTTGATAAT
msa39314.2{225_1169NT}	ATTGGGAACA	TTATCAAAAG	GAAAAGAAAA	TTACTATTGG	ATTTGATAAT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
	151				200
msa39314.2{225_18RS21}	ACTTTTGTTC	CTATGGGATT	TGAAAGTCGT	TCTGGTGACT	ATACCGGCTT
msa39314.2{225_2603}	ACTTTTGTTC	CTATGGGATT	TGAAAGTCGT	TCTGGTGACT	ATACCGGCTT

Table 54: Comparative Sequences relating to SAG0949

msa39314.2{225_A909}	ACTTTTGTTC	CTATGGGATT	TGAAAGtCGT	TCTGGTGACT	ATACCGGCTT
msa39314.2{225_CJB110}	ACTTTTGTTC	CTATGGGATT	TGAAAGtCGT	TCTGGTGACT	ATACCGGCTT
msa39314.2{225_COH1}	ACTTTTGTTC	CTATGGGATT	TGAAAGtCGT	TCTGGTGACT	ATACCGGCTT
msa39314.2{225_H36B}	ACTTTTGTTC	CTATGGGATT	TGAAAGtCGT	TCTGGTGACT	ATACCGGCTT
msa39314.2{225_KM9130013}	ACTTTTGTTC	CTATGGGATT	TGAAAGtCGT	TCTGGTGACT	ATACCGGCTT
msa39314.2{225_M732}	ACTTTTGTTC	CTATGGGATT	TGAAAGtCGT	TCTGGTGACT	ATACCGGCTT
msa39314.2{225_M781}	ACTTTTGTTC	CTATGGGATT	TGAAAGtCGT	TCTGGTGACT	ATACCGGCTT
msa39314.2{225_M781}	ACTTTTGTTC	CTATGGGATT	TGAAAGtCGT	TCTGGTGACT	ATACCGGCTT
msa39314.2{225_090}	ACTTTTGTTC	CTATGGGATT	TGAAAGtCGT	TCTGGTGACT	ATACCGGCTT
msa39314.2{225_1169NT}	ACTTTTGTTC	CTATGGGATT	TGAAAGtCGT	TCTGGTGACT	ATACCGGCTT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa39314.2{225_18RS21}	201	TGATATTGAT	TTAGCTAATG	CTGTTTTTAA	AGAATACGGT
msa39314.2{225_2603}		TGATATTGAT	TTAGCTAATG	CTGTTTTTAA	AGAATACGGT
msa39314.2{225_A909}		TGATATTGAT	TTAGCTAATG	CTGTTTTTAA	AGAATACGGT
msa39314.2{225_CJB110}		TGATATTGAT	TTAGCTAATG	CTGTTTTTAA	AGAATACGGT
msa39314.2{225_COH1}		TGATATTGAT	TTAGCTAATG	CTGTTTTTAA	AGAATACGGT
msa39314.2{225_H36B}		TGATATTGAT	TTAGCTAATG	CTGTTTTTAA	AGAATACGGT
msa39314.2{225_KM9130013}		TGATATTGAT	TTAGCTAATG	CTGTTTTTAA	AGAATACGGT
msa39314.2{225_M732}		TGATATTGAT	TTAGCTAATG	CTGTTTTTAA	AGAATACGGT
msa39314.2{225_M781}		TGATATTGAT	TTAGCTAATG	CTGTTTTTAA	AGAATACGGT
msa39314.2{225_090}		TGATATTGAT	TTAGCTAATG	CTGTTTTTAA	AGAATACGGT
msa39314.2{225_1169NT}		TGATATTGAT	TTAGCTAATG	CTGTTTTTAA	AGAATACGGT
Consensus		*****	*****	*****	*****
msa39314.2{225_18RS21}	251	AATGGCAGCC	TATTAACCTG	GATATGAAAG	AAACTGAACT
msa39314.2{225_2603}		AATGGCAGCC	TATTAACCTG	GATATGAAAG	AAACTGAACT
msa39314.2{225_A909}		AATGGCAGCC	TATTAACCTG	GATATGAAAG	AAACTGAACT
msa39314.2{225_CJB110}		AATGGCAGCC	TATTAACCTG	GATATGAAAG	AAACTGAACT
msa39314.2{225_COH1}		AATGGCAGCC	TATTAACCTG	GATATGAAAG	AAACTGAACT
msa39314.2{225_H36B}		AATGGCAGCC	TATTAACCTG	GATATGAAAG	AAACTGAACT
msa39314.2{225_KM9130013}		AATGGCAGCC	TATTAACCTG	GATATGAAAG	AAACTGAACT
msa39314.2{225_M732}		AATGGCAGCC	TATTAACCTG	GATATGAAAG	AAACTGAACT
msa39314.2{225_M781}		AATGGCAGCC	TATTAACCTG	GATATGAAAG	AAACTGAACT
msa39314.2{225_090}		AATGGCAGCC	TATTAACCTG	GATATGAAAG	AAACTGAACT
msa39314.2{225_1169NT}		AATGGCAGCC	TATTAACCTG	GATATGAAAG	AAACTGAACT
Consensus		*****	*****	*****	*****
msa39314.2{225_18RS21}	301	AATATAGACC	TTATTTGGAA	TGGTTATTCA	AAAACGGCAG
msa39314.2{225_2603}		AATATAGACC	TTATTTGGAA	TGGTTATTCA	AAAACGGCAG
msa39314.2{225_A909}		AATATAGACC	TTATTTGGAA	TGGTTATTCA	AAAACGGCAG
msa39314.2{225_CJB110}		AATATAGACC	TTATTTGGAA	TGGTTATTCA	AAAACGGCAG
msa39314.2{225_COH1}		AATATAGACC	TTATTTGGAA	TGGTTATTCA	AAAACGGCAG
msa39314.2{225_H36B}		AATATAGACC	TTATTTGGAA	TGGTTATTCA	AAAACGGCAG
msa39314.2{225_KM9130013}		AATATAGACC	TTATTTGGAA	TGGTTATTCA	AAAACGGCAG
msa39314.2{225_M732}		AATATAGACC	TTATTTGGAA	TGGTTATTCA	AAAACGGCAG
msa39314.2{225_M781}		AATATAGACC	TTATTTGGAA	TGGTTATTCA	AAAACGGCAG
msa39314.2{225_090}		AATATAGACC	TTATTTGGAA	TGGTTATTCA	AAAACGGCAG
msa39314.2{225_1169NT}		AATATAGACC	TTATTTGGAA	TGGTTATTCA	AAAACGGCAG
Consensus		*****	*****	*****	*****
msa39314.2{225_18RS21}	351	AAAAGTCGCT	TTTACAAACC	CATATATGAA	TAATCATCAA
msa39314.2{225_2603}		AAAAGTCGCT	TTTACAAACC	CATATATGAA	TAATCATCAA
msa39314.2{225_A909}		AAAAGTCGCT	TTTACAAACC	CATATATGAA	TAATCATCAA
msa39314.2{225_CJB110}		AAAAGTCGCT	TTTACAAACC	CATATATGAA	TAATCATCAA
msa39314.2{225_COH1}		AAAAGTCGCT	TTTACAAACC	CATATATGAA	TAATCATCAA
msa39314.2{225_H36B}		AAAAGTCGCT	TTTACAAACC	CATATATGAA	TAATCATCAA
msa39314.2{225_KM9130013}		AAAAGTCGCT	TTTACAAACC	CATATATGAA	TAATCATCAA
msa39314.2{225_M732}		AAAAGTCGCT	TTTACAAACC	CATATATGAA	TAATCATCAA
msa39314.2{225_M781}		AAAAGTCGCT	TTTACAAACC	CATATATGAA	TAATCATCAA
msa39314.2{225_090}		AAAAGTCGCT	TTTACAAACC	CATATATGAA	TAATCATCAA
msa39314.2{225_1169NT}		AAAAGTCGCT	TTTACAAACC	CATATATGAA	TAATCATCAA
Consensus		*****	*****	*****	*****
msa39314.2{225_18RS21}	401	CTAAAACCTTC	ATCACATATT	AATAGTATTA	AGGATATGAA
msa39314.2{225_2603}		CTAAAACCTTC	ATCACATATT	AATAGTATTA	AGGATATGAA
msa39314.2{225_A909}		CTAAAACCTTC	ATCACATATT	AATAGTATTA	AGGATATGAA
msa39314.2{225_CJB110}		CTAAAACCTTC	ATCACATATT	AATAGTATTA	AGGATATGAA
msa39314.2{225_COH1}		CTAAAACCTTC	ATCACATATT	AATAGTATTA	AGGATATGAA
msa39314.2{225_H36B}		CTAAAACCTTC	ATCACATATT	AATAGTATTA	AGGATATGAA
msa39314.2{225_KM9130013}		CTAAAACCTTC	ATCACATATT	AATAGTATTA	AGGATATGAA
msa39314.2{225_M732}		CTAAAACCTTC	ATCACATATT	AATAGTATTA	AGGATATGAA
msa39314.2{225_M781}		CTAAAACCTTC	ATCACATATT	AATAGTATTA	AGGATATGAA
msa39314.2{225_090}		CTAAAACCTTC	ATCACATATT	AATAGTATTA	AGGATATGAA
msa39314.2{225_1169NT}		CTAAAACCTTC	ATCACATATT	AATAGTATTA	AGGATATGAA
Consensus		*****	*****	*****	*****
msa39314.2{225_18RS21}	451	CTAGGAGCCC	AGTCGGGTTT	ATCTGTTTTT	GATGCTTTTA
msa39314.2{225_18RS21}	500	CTAGGAGCCC	AGTCGGGTTT	ATCTGTTTTT	GATGCTTTTA

Table 54: Comparative Sequences relating to SAG0949

msa39314.2{225_2603}	CTAGGAGCCC	AGTCGGGTTT	ATCTGGTTTT	GATGCTTTTA	AcGCTAAACC
msa39314.2{225_A909}	CTAGGAGCCC	AGTCGGGTTT	ATCTGGTTTT	GATGCTTTTA	AcGCTAAACC
msa39314.2{225_CJB110}	CTAGGAGCCC	AGTCGGGTTT	ATCTGGTTTT	GATGCTTTTA	AcGCTAAACC
msa39314.2{225_COH1}	CTAGGAGCCC	AGTCGGGTTT	ATCTGGTTTT	GATGCTTTTA	AcGCTAAACC
msa39314.2{225_H36B}	CTAGGAGCCC	AGTCGGGTTT	ATCTGGTTTT	GATGCTTTTA	AcGCTAAACC
msa39314.2{225_KM9130013}	CTAGGAGCCC	AGTCGGGTTT	ATCTGGTTTT	GATGCTTTTA	AcGCTAAACC
msa39314.2{225_M732}	CTAGGAGCCC	AGTCGGGTTT	ATCTGGTTTT	GATGCTTTTA	AcGCTAAACC
msa39314.2{225_M781}	CTAGGAGCCC	AGTCGGGTTT	ATCTGGTTTT	GATGCTTTTA	AcGCTAAACC
msa39314.2{225_O90}	CTAGGAGCCC	AGTCGGGTTT	ATCTGGTTTT	GATGCTTTTA	AcGCTAAACC
msa39314.2{225_1169NT}	CTAGGAGCCC	AGTCGGGTTT	ATCTGGTTTT	GATGCTTTTA	AcGCTAAACC
Consensus	*****	*****	*****	*****	*_*****

msa39314.2{225_18RS21}	501	TGATATTTTA	AAAAAGTTTG	TAAAAGGAAA	AGAAGCAGTT	CAATACGATA	550
msa39314.2{225_2603}	TGATATTTTA	AAAAAGTTTG	TAAAAGGAAA	AGAAGCAGTT	CAATACGATA	CAATACGATA	
msa39314.2{225_A909}	TGATATTTTA	AAAAAGTTTG	TAAAAGGAAA	AGAAGCAGTT	CAATACGATA	CAATACGATA	
msa39314.2{225_CJB110}	TGATATTTTA	AAAAAGTTTG	TAAAAGGAAA	AGAAGCAGTT	CAATACGATA	CAATACGATA	
msa39314.2{225_COH1}	TGATATTTTA	AAAAAGTTTG	TAAAAGGAAA	AGAAGCAGTT	CAATACGATA	CAATACGATA	
msa39314.2{225_H36B}	TGATATTTTA	AAAAAGTTTG	TAAAAGGAAA	AGAAGCAGTT	CAATACGATA	CAATACGATA	
msa39314.2{225_KM9130013}	TGATATTTTA	AAAAAGTTTG	TAAAAGGAAA	AGAAGCAGTT	CAATACGATA	CAATACGATA	
msa39314.2{225_M732}	TGATATTTTA	AAAAAGTTTG	TAAAAGGAAA	AGAAGCAGTT	CAATACGATA	CAATACGATA	
msa39314.2{225_M781}	TGATATTTTA	AAAAAGTTTG	TAAAAGGAAA	AGAAGCAGTT	CAATACGATA	CAATACGATA	
msa39314.2{225_O90}	TGATATTTTA	AAAAAGTTTG	TAAAAGGAAA	AGAAGCAGTT	CAATACGATA	CAATACGATA	
msa39314.2{225_1169NT}	TGATATTTTA	AAAAAGTTTG	TAAAAGGAAA	AGAAGCAGTT	CAATACGATA	CAATACGATA	
Consensus	***-*****	*****	*****	*****	*****	*****	

msa39314.2{225_18RS21}	551	CTTTCACCTCA	GGCCTTGATT	GATTTAAAAA	ATAACCGTAT	TGATGGTCTT	600
msa39314.2{225_2603}	CTTTCACCTCA	GGCCTTGATT	GATTTAAAAA	ATAACCGTAT	TGATGGTCTT	TGATGGTCTT	
msa39314.2{225_A909}	CTTTCACCTCA	GGCCTTGATT	GATTTAAAAA	ATAACCGTAT	TGATGGTCTT	TGATGGTCTT	
msa39314.2{225_CJB110}	CTTTCACCTCA	GGCCTTGATT	GATTTAAAAA	ATAACCGTAT	TGATGGTCTT	TGATGGTCTT	
msa39314.2{225_COH1}	CTTTCACCTCA	GGCCTTGATT	GATTTAAAAA	ATAACCGTAT	TGATGGTCTT	TGATGGTCTT	
msa39314.2{225_H36B}	CTTTCACCTCA	GGCCTTGATT	GATTTAAAAA	ATAACCGTAT	TGATGGTCTT	TGATGGTCTT	
msa39314.2{225_KM9130013}	CTTTCACCTCA	GGCCTTGATT	GATTTAAAAA	ATAACCGTAT	TGATGGTCTT	TGATGGTCTT	
msa39314.2{225_M732}	CTTTCACCTCA	GGCCTTGATT	GATTTAAAAA	ATAACCGTAT	TGATGGTCTT	TGATGGTCTT	
msa39314.2{225_M781}	CTTTCACCTCA	GGCCTTGATT	GATTTAAAAA	ATAACCGTAT	TGATGGTCTT	TGATGGTCTT	
msa39314.2{225_O90}	CTTTCACCTCA	GGCCTTGATT	GATTTAAAAA	ATAACCGTAT	TGATGGTCTT	TGATGGTCTT	
msa39314.2{225_1169NT}	CTTTCACCTCA	GGCCTTGATT	GATTTAAAAA	ATAACCGTAT	TGATGGTCTT	TGATGGTCTT	
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****	*****	

msa39314.2{225_18RS21}	601	TTGATTGATG	AAGTTTATGC	TAACTATTAT	TTAAAGCAAG	AAGGAAATAT	650
msa39314.2{225_2603}	TTGATTGATG	AAGTTTATGC	TAACTATTAT	TTAAAGCAAG	AAGGAAATAT	AAGGAAATAT	
msa39314.2{225_A909}	TTGATTGATG	AAGTTTATGC	TAACTATTAT	TTAAAGCAAG	AAGGAAATAT	AAGGAAATAT	
msa39314.2{225_CJB110}	TTGATTGATG	AAGTTTATGC	TAACTATTAT	TTAAAGCAAG	AAGGAAATAT	AAGGAAATAT	
msa39314.2{225_COH1}	TTGATTGATG	AAGTTTATGC	TAACTATTAT	TTAAAGCAAG	AAGGAAATAT	AAGGAAATAT	
msa39314.2{225_H36B}	TTGATTGATG	AAGTTTATGC	TAACTATTAT	TTAAAGCAAG	AAGGAAATAT	AAGGAAATAT	
msa39314.2{225_KM9130013}	TTGATTGATG	AAGTTTATGC	TAACTATTAT	TTAAAGCAAG	AAGGAAATAT	AAGGAAATAT	
msa39314.2{225_M732}	TTGATTGATG	AAGTTTATGC	TAACTATTAT	TTAAAGCAAG	AAGGAAATAT	AAGGAAATAT	
msa39314.2{225_M781}	TTGATTGATG	AAGTTTATGC	TAACTATTAT	TTAAAGCAAG	AAGGAAATAT	AAGGAAATAT	
msa39314.2{225_O90}	TTGATTGATG	AAGTTTATGC	TAACTATTAT	TTAAAGCAAG	AAGGAAATAT	AAGGAAATAT	
msa39314.2{225_1169NT}	TTGATTGATG	AAGTTTATGC	TAACTATTAT	TTAAAGCAAG	AAGGAAATAT	AAGGAAATAT	
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****	*****	

msa39314.2{225_18RS21}	651	AAAAGCTTAT	TATTTTGTTA	AAACTGCTTA	TCAAGGAGAA	AATTTTGTAG	700
msa39314.2{225_2603}	AAAAGCTTAT	TATTTTGTTA	AAACTGCTTA	TCAAGGAGAA	AATTTTGTAG	AATTTTGTAG	
msa39314.2{225_A909}	AAAAGCTTAT	TATTTTGTTA	AAACTGCTTA	TCAAGGAGAA	AATTTTGTAG	AATTTTGTAG	
msa39314.2{225_CJB110}	AAAAGCTTAT	TATTTTGTTA	AAACTGCTTA	TCAAGGAGAA	AATTTTGTAG	AATTTTGTAG	
msa39314.2{225_COH1}	AAAAGCTTAT	TATTTTGTTA	AAACTGCTTA	TCAAGGAGAA	AATTTTGTAG	AATTTTGTAG	
msa39314.2{225_H36B}	AAAAGCTTAT	TATTTTGTTA	AAACTGCTTA	TCAAGGAGAA	AATTTTGTAG	AATTTTGTAG	
msa39314.2{225_KM9130013}	AAAAGCTTAT	TATTTTGTTA	AAACTGCTTA	TCAAGGAGAA	AATTTTGTAG	AATTTTGTAG	
msa39314.2{225_M732}	AAAAGCTTAT	TATTTTGTTA	AAACTGCTTA	TCAAGGAGAA	AATTTTGTAG	AATTTTGTAG	
msa39314.2{225_M781}	AAAAGCTTAT	TATTTTGTTA	AAACTGCTTA	TCAAGGAGAA	AATTTTGTAG	AATTTTGTAG	
msa39314.2{225_O90}	AAAAGCTTAT	TATTTTGTTA	AAACTGCTTA	TCAAGGAGAA	AATTTTGTAG	AATTTTGTAG	
msa39314.2{225_1169NT}	AAAAGCTTAT	TATTTTGTTA	AAACTGCTTA	TCAAGGAGAA	AATTTTGTAG	AATTTTGTAG	
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****	*****	

msa39314.2{225_18RS21}	701	TAGGAGCTCG	CAAAGTTGAT	CGTAGACTAA	TTGAAAAGAT	TAACAAAGCT	750
msa39314.2{225_2603}	TAGGAGCTCG	CAAAGTTGAT	CGTAGACTAA	TTGAAAAGAT	TAACAAAGCT	TAACAAAGCT	
msa39314.2{225_A909}	TAGGAGCTCG	CAAAGTTGAT	CGTAGACTAA	TTGAAAAGAT	TAACAAAGCT	TAACAAAGCT	
msa39314.2{225_CJB110}	TAGGAGCTCG	CAAAGTTGAT	CGTAGACTAA	TTGAAAAGAT	TAACAAAGCT	TAACAAAGCT	
msa39314.2{225_COH1}	TAGGAGCTCG	CAAAGTTGAT	CGTAGACTAA	TTGAAAAGAT	TAACAAAGCT	TAACAAAGCT	
msa39314.2{225_H36B}	TAGGAGCTCG	CAAAGTTGAT	CGTAGACTAA	TTGAAAAGAT	TAACAAAGCT	TAACAAAGCT	
msa39314.2{225_KM9130013}	TAGGAGCTCG	CAAAGTTGAT	CGTAGACTAA	TTGAAAAGAT	TAACAAAGCT	TAACAAAGCT	
msa39314.2{225_M732}	TAGGAGCTCG	CAAAGTTGAT	CGTAGACTAA	TTGAAAAGAT	TAACAAAGCT	TAACAAAGCT	
msa39314.2{225_M781}	TAGGAGCTCG	CAAAGTTGAT	CGTAGACTAA	TTGAAAAGAT	TAACAAAGCT	TAACAAAGCT	
msa39314.2{225_O90}	TAGGAGCTCG	CAAAGTTGAT	CGTAGACTAA	TTGAAAAGAT	TAACAAAGCT	TAACAAAGCT	
msa39314.2{225_1169NT}	TAGGAGCTCG	CAAAGTTGAT	CGTAGACTAA	TTGAAAAGAT	TAACAAAGCT	TAACAAAGCT	
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****	*****	

Table 54: Comparative Sequences relating to SAG0949

msa39314.2{225_18RS21}	TTCAAACAGC	TTCATAATAA	GGGgAgATT	CAAAAAATCT	CTTACAAATG
msa39314.2{225_2603}	TTCAAACAGC	TTCATAATAA	GGGgAgATT	CAAAAAATCT	CTTACAAATG
msa39314.2{225_A909}	TTCAAACAGC	TTCATAATAA	GGGgAgATT	CAAAAAATCT	CTTACAAATG
msa39314.2{225_CJB110}	TTCAAACAGC	TTCATAATAA	GGGgAgATT	CAAAAAATCT	CTTACAAATG
msa39314.2{225_COH1}	TTCAAACAGC	TTCATAATAA	GGGgAgATT	CAAAAAATCT	CTTACAAATG
msa39314.2{225_H36B}	TTCAAACAGC	TTCATAATAA	GGGgAgATT	CAAAAAATCT	CTTACAAATG
msa39314.2{225_KM9130013}	TTCAAACAGC	TTCATAATAA	GGGgAgATT	CAAAAAATCT	CTTACAAATG
msa39314.2{225_M732}	TTCAAACAGC	TTCATAATAA	GGGgAgATT	CAAAAAATCT	CTTACAAATG
msa39314.2{225_M781}	TTCAAACAGC	TTCATAATAA	GGGgAgATT	CAAAAAATCT	CTTACAAATG
msa39314.2{225_090}	TTCAAACAGC	TTCATAATAA	GGGgAaATT	CAAAAAATCT	CTTACAAATG
msa39314.2{225_1169NT}	TTCAAACAGC	TTCATAATAA	GGGgAaATT	CAAAAAATCT	CTTACAAATG
Consensus	*****	*****	***-*-****	*****	*****

	801	828
msa39314.2{225_18RS21}	GTTTGGTGAA	GATGTTTATA GTAAAGAA
msa39314.2{225_2603}	GTTTGGTGAA	GATGTTTATA GTAAAGAA
msa39314.2{225_A909}	GTTTGGTGAA	GATGTTTATA GTAAAGAA
msa39314.2{225_CJB110}	GTTTGGTGAA	GATGTTTATA GTAAAGAA
msa39314.2{225_COH1}	GTTTGGTGAA	GATGTTTATA GTAAAGAA
msa39314.2{225_H36B}	GTTTGGTGAA	GATGTTTATA GTAAAGAA
msa39314.2{225_KM9130013}	GTTTGGTGAA	GATGTTTATA GTAAAGAA
msa39314.2{225_M732}	GTTTGGTGAA	GATGTTTATA GTAAAGAA
msa39314.2{225_M781}	GTTTGGTGAA	GATGTTTATA GTAAAGAA
msa39314.2{225_090}	GTTTGGTGAA	GATGTTTATA GTAAAGAA
msa39314.2{225_1169NT}	GTTTGGTGAA	GATGTTTATA GTAAAGAA
Consensus	*****	*****

## SEQ ID NO. 5412

STRAIN 2603 frame: 1

LTTHKNIILLTIIIFGLFMIILSACGMSNKEMAGIDNWEHYQKEKKITIGFDNTFVPMGFESR  
SGDYTGFDIDLANAVFKEYGISVKWQPINWDMKETEELNNGNIDLIWNGYSKTAERAKKVA  
FTNPYMNHQQVIVTKTSSHINSIKDMKGKGLGAQSGSSGFDAPNAKPDILKKFVKGKEAV  
QYDTFTQALIDLKNNRIDGLLIDEVYANYLLKQEGNIKAYYFVKTAAYQGENFVVGARKVD  
RRLIEKINKAFKQLHNKGRFQKISYKWFGEDEVYSKE

## SEQ ID NO. 5413

STRAIN 090 frame: 3

WEHYQKEKKITIGFDNTFVPMGFESRSGDYTGFDIDLANAVFKEYGISVKWQPINWDMKE  
TELNNGNIDLIWNGYSKTAERAKKVAFTNPYMNHQQVIVTKTSSHINSIKDMKGKGLGAQ  
SGSSGFDAPNAKPDILKKFVKGKEAVQYDTFTQALIDLKNNRIDGLLIDEVYANYLLKQEG  
NIKAYYFVKTAAYQGENFVVGARKVDRLIEKINKAFKQLHNKGRFQKISYKWFGEDEVYS  
KE

## SEQ ID NO. 5414

STRAIN A909 frame: 3

WEHYQKEKKITIGFDNTFVPMGFESRSGDYTGFDIDLANAVFKEYGISVKWQPINWDMKE  
TELNNGNIDLIWNGYSKTAERAKKVAFTNPYMNHQQVIVTKTSSHINSIKDMKGKGLGAQ  
SGSSGFDAPNAKPDILKKFVKGKEAVQYDTFTQALIDLKNNRIDGLLIDEVYANYLLKQEG  
NIKAYYFVKTAAYQGENFVVGARKVDRLIEKINKAFKQLHNKGRFQKISYKWFGEDEVYS  
KE

## SEQ ID NO. 5415

STRAIN H36B frame: 3

WEHYQKEKKITIGFDNTFVPMGFESRSGDYTGFDIDLANAVFKEYGISVKWQPINWDMKE  
TELNNGNIDLIWNGYSKTAERAKKVAFTNPYMNHQQVIVTKTSSHINSIKDMKGKGLGAQ  
SGSSGFDAPNAKPDILKKFVKGKEAVQYDTFTQALIDLKNNRIDGLLIDEVYANYLLKQEG  
NIKAYYFVKTAAYQGENFVVGARKVDRLIEKINKAFKQLHNKGRFQKISYKWFGEDEVYS  
KE

## SEQ ID NO. 5416

STRAIN 18RS21 frame: 3

WEHYQKEKKITIGFDNTFVPMGFESRSGDYTGFDIDLANAVFKEYGISVKWQPINWDMKE  
TELNNGNIDLIWNGYSKTAERAKKVAFTNPYMNHQQVIVTKTSSHINSIKDMKGKGLGAQ  
SGSSGFDAPNAKPDILKKFVKGKEAVQYDTFTQALIDLKNNRIDGLLIDEVYANYLLKQEG  
NIKAYYFVKTAAYQGENFVVGARKVDRLIEKINKAFKQLHNKGRFQKISYKWFGEDEVYS  
KE

## SEQ ID NO. 5417

STRAIN M732 frame: 3

WEHYQKEKKITIGFDNTFVPMGFESRSGDYTGFDIDLANAVFKEYGISVKWQPINWDMKE  
TELNNGNIDLIWNGYSKTAERAKKVAFTNPYMNHQQVIVTKTSSHINSIKDMKGKGLGAQ  
SGSSGFDAPNAKPDILKKFVKGKEAVQYDTFTQALIDLKNNRIDGLLIDEVYANYLLKQEG  
NIKAYYFVKTAAYQGENFVVGARKVDRLIEKINKAFKQLHNKGRFQKISYKWFGEDEVYS  
KE

## SEQ ID NO. 5418

STRAIN COH1 frame: 3

WEHYQKEKKITIGFDNTFVPMGFESRSGDYTGFDIDLANAVFKEYGISVKWQPINWDMKE  
TELNNGNIDLIWNGYSKTAERAKKVAFTNPYMNHQQVIVTKTSSHINSIKDMKGKGLGAQ  
SGSSGFDAPNAKPDILKKFVKGKEAVQYDTFTQALIDLKNNRIDGLLIDEVYANYLLKQEG  
NIKAYYFVKTAAYQGENFVVGARKVDRLIEKINKAFKQLHNKGRFQKISYKWFGEDEVYS  
KE

Table 54: Comparative Sequences relating to SAG0949

SEQ ID NO. 5419  
STRAIN M781 frame: 3  
WEHYQKEKKITIGFDNIFVPMGFESRSGDYTGFDIDLANAVFKEYGISVKWQPINWDMKE  
TELNGNIDLIWNGYSKTABRAKKVAFNTPYMNHNQVIVTKTSSHINSIKDMKGKKGKLAQ  
SGSSGDFAPNAKPDILKKFVKGKEAVQYDTFTQALIDLKNNRIDGLLIDEVYANYLKKQE  
GNIKAYYFVKTAQGENFVVGARKVDRRLIEKINKAFKQLHNKGRFQKISYKWFGEDEVYS  
KE

SEQ ID NO. 5420  
STRAIN CJB110 frame: 3  
WEHYQKEKKITIGFDNIFVPMGFESRSGDYTGFDIDLANAVFKEYGISVKWQPINWDMKE  
TELNGNIDLIWNGYSKTABRAKKVAFNTPYMNHNQVIVTKTSSHINSIKDMKGKKGKLAQ  
SGSSGDFAPNAKPDILKKFVKGKEAVQYDTFTQALIDLKNNRIDGLLIDEVYANYLKKQE  
GNIKAYYFVKTAQGENFVVGARKVDRRLIEKINKAFKQLHNKGRFQKISYKWFGEDEVYS  
KE

SEQ ID NO. 5421  
STRAIN 1169NT frame: 3  
WEHYQKEKKITIGFDNIFVPMGFESRSGDYTGFDIDLANAVFKEYGISVKWQPINWDMKE  
TELNGNIDLIWNGYSKTABRAKKVAFNTPYMNHNQVIVTKTSSHINSIKDMKGKKGKLAQ  
SGSSGDFAPNAKPDILKKFVKGKEAVQYDTFTQALIDLKNNRIDGLLIDEVYANYLKKQE  
GNIKAYYFVKTAQGENFVVGARKVDRRLIEKINKAFKQLHNKGRFQKISYKWFGEDEVYS  
KE

SEQ ID NO. 5422  
STRAIN JM9130013 frame: 3  
WEHYQKEKKITIGFDNIFVPMGFESRSGDYTGFDIDLANAVFKEYGISVKWQPINWDMKE  
TELNGNIDLIWNGYSKTABRAKKVAFNTPYMNHNQVIVTKTSSHINSIKDMKGKKGKLAQ  
SGSSGDFAPNAKPDILKKFVKGKEAVQYDTFTQALIDLKNNRIDGLLIDEVYANYLKKQE  
GNIKAYYFVKTAQGENFVVGARKVDRRLIEKINKAFKQLHNKGRFQKISYKWFGEDEVYS  
KE

PRETTY of: /biotmp/msa45901.2{\*} February 19, 2003 03:09 ..

	1		50
msa45901.2{225_090}	-----	-----	-----WEHYQK EKKITIGFDN
msa45901.2{225_1169NT}	-----	-----	-----WEHYQK EKKITIGFDN
msa45901.2{225_18RS21}	-----	-----	-----WEHYQK EKKITIGFDN
msa45901.2{225_2603}	lthknillti ifglfmiils	acgmsnkema	gidnWEHYQK EKKITIGFDN
msa45901.2{225_A909}	-----	-----	-----WEHYQK EKKITIGFDN
msa45901.2{225_CJB110}	-----	-----	-----WEHYQK EKKITIGFDN
msa45901.2{225_COH1}	-----	-----	-----WEHYQK EKKITIGFDN
msa45901.2{225_H36B}	-----	-----	-----WEHYQK EKKITIGFDN
msa45901.2{225_JM9130013}	-----	-----	-----WEHYQK EKKITIGFDN
msa45901.2{225_M732}	-----	-----	-----WEHYQK EKKITIGFDN
msa45901.2{225_M781}	-----	-----	-----WEHYQK EKKITIGFDN
Consensus	*****	*****	*****
	51		100
msa45901.2{225_090}	TFVPMGFESR	SGDYTGFDID	LANAVFKEYG ISVKWQPINW DMKETELNNG
msa45901.2{225_1169NT}	TFVPMGFESR	SGDYTGFDID	LANAVFKEYG ISVKWQPINW DMKETELNNG
msa45901.2{225_18RS21}	TFVPMGFESR	SGDYTGFDID	LANAVFKEYG ISVKWQPINW DMKETELNNG
msa45901.2{225_2603}	TFVPMGFESR	SGDYTGFDID	LANAVFKEYG ISVKWQPINW DMKETELNNG
msa45901.2{225_A909}	TFVPMGFESR	SGDYTGFDID	LANAVFKEYG ISVKWQPINW DMKETELNNG
msa45901.2{225_CJB110}	TFVPMGFESR	SGDYTGFDID	LANAVFKEYG ISVKWQPINW DMKETELNNG
msa45901.2{225_COH1}	TFVPMGFESR	SGDYTGFDID	LANAVFKEYG ISVKWQPINW DMKETELNNG
msa45901.2{225_H36B}	TFVPMGFESR	SGDYTGFDID	LANAVFKEYG ISVKWQPINW DMKETELNNG
msa45901.2{225_JM9130013}	TFVPMGFESR	SGDYTGFDID	LANAVFKEYG ISVKWQPINW DMKETELNNG
msa45901.2{225_M732}	TFVPMGFESR	SGDYTGFDID	LANAVFKEYG ISVKWQPINW DMKETELNNG
msa45901.2{225_M781}	TFVPMGFESR	SGDYTGFDID	LANAVFKEYG ISVKWQPINW DMKETELNNG
Consensus	*****	*****	*****
	101		150
msa45901.2{225_090}	NIDLIWNGYS	KTAERAKKVA	FTNPYMNHNQ VIVTKTSSHI NSIKDMKGKK
msa45901.2{225_1169NT}	NIDLIWNGYS	KTAERAKKVA	FTNPYMNHNQ VIVTKTSSHI NSIKDMKGKK
msa45901.2{225_18RS21}	NIDLIWNGYS	KTAERAKKVA	FTNPYMNHNQ VIVTKTSSHI NSIKDMKGKK
msa45901.2{225_2603}	NIDLIWNGYS	KTAERAKKVA	FTNPYMNHNQ VIVTKTSSHI NSIKDMKGKK
msa45901.2{225_A909}	NIDLIWNGYS	KTAERAKKVA	FTNPYMNHNQ VIVTKTSSHI NSIKDMKGKK
msa45901.2{225_CJB110}	NIDLIWNGYS	KTAERAKKVA	FTNPYMNHNQ VIVTKTSSHI NSIKDMKGKK
msa45901.2{225_COH1}	NIDLIWNGYS	KTAERAKKVA	FTNPYMNHNQ VIVTKTSSHI NSIKDMKGKK
msa45901.2{225_H36B}	NIDLIWNGYS	KTAERAKKVA	FTNPYMNHNQ VIVTKTSSHI NSIKDMKGKK
msa45901.2{225_JM9130013}	NIDLIWNGYS	KTAERAKKVA	FTNPYMNHNQ VIVTKTSSHI NSIKDMKGKK
msa45901.2{225_M732}	NIDLIWNGYS	KTAERAKKVA	FTNPYMNHNQ VIVTKTSSHI NSIKDMKGKK
msa45901.2{225_M781}	NIDLIWNGYS	KTAERAKKVA	FTNPYMNHNQ VIVTKTSSHI NSIKDMKGKK
Consensus	*****	*****	*****
	151		200
msa45901.2{225_090}	LGAQSGSSGF	DAFNAKPDIL	KKFVKGKEAV QYDTFTQALI DLKNNRIDGL
msa45901.2{225_1169NT}	LGAQSGSSGF	DAFNAKPDIL	KKFVKGKEAV QYDTFTQALI DLKNNRIDGL
msa45901.2{225_18RS21}	LGAQSGSSGF	DAFNAKPDIL	KKFVKGKEAV QYDTFTQALI DLKNNRIDGL
msa45901.2{225_2603}	LGAQSGSSGF	DAFNAKPDIL	KKFVKGKEAV QYDTFTQALI DLKNNRIDGL
msa45901.2{225_A909}	LGAQSGSSGF	DAFNAKPDIL	KKFVKGKEAV QYDTFTQALI DLKNNRIDGL
msa45901.2{225_CJB110}	LGAQSGSSGF	DAFNAKPDIL	KKFVKGKEAV QYDTFTQALI DLKNNRIDGL

Table 54: Comparative Sequences relating to SAG0949

msa45901.2{225_COH1}	LGAQSGSSGF	DAFNAKPDIL	KKFVKGKEAV	QYDTFTQALI	DLKNNRIDGL
msa45901.2{225_H36B}	LGAQSGSSGF	DAFNAKPDIL	KKFVKGKEAV	QYDTFTQALI	DLKNNRIDGL
msa45901.2{225_JM9130013}	LGAQSGSSGF	DAFNAKPDIL	KKFVKGKEAV	QYDTFTQALI	DLKNNRIDGL
msa45901.2{225_M732}	LGAQSGSSGF	DAFNAKPDIL	KKFVKGKEAV	QYDTFTQALI	DLKNNRIDGL
msa45901.2{225_M781}	LGAQSGSSGF	DAFNAKPDIL	KKFVKGKEAV	QYDTFTQALI	DLKNNRIDGL
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
201					
msa45901.2{225_090}	LIDEVYANY	LKQEGNIKAY	YFVKTAYQGE	NFVVGARKVD	RRLIEKINKA
msa45901.2{225_1169NT}	LIDEVYANY	LKQEGNIKAY	YFVKTAYQGE	NFVVGARKVD	RRLIEKINKA
msa45901.2{225_18RS21}	LIDEVYANY	LKQEGNIKAY	YFVKTAYQGE	NFVVGARKVD	RRLIEKINKA
msa45901.2{225_2603}	LIDEVYANY	LKQEGNIKAY	YFVKTAYQGE	NFVVGARKVD	RRLIEKINKA
msa45901.2{225_A909}	LIDEVYANY	LKQEGNIKAY	YFVKTAYQGE	NFVVGARKVD	RRLIEKINKA
msa45901.2{225_CJB110}	LIDEVYANY	LKQEGNIKAY	YFVKTAYQGE	NFVVGARKVD	RRLIEKINKA
msa45901.2{225_COH1}	LIDEVYANY	LKQEGNIKAY	YFVKTAYQGE	NFVVGARKVD	RRLIEKINKA
msa45901.2{225_H36B}	LIDEVYANY	LKQEGNIKAY	YFVKTAYQGE	NFVVGARKVD	RRLIEKINKA
msa45901.2{225_JM9130013}	LIDEVYANY	LKQEGNIKAY	YFVKTAYQGE	NFVVGARKVD	RRLIEKINKA
msa45901.2{225_M732}	LIDEVYANY	LKQEGNIKAY	YFVKTAYQGE	NFVVGARKVD	RRLIEKINKA
msa45901.2{225_M781}	LIDEVYANY	LKQEGNIKAY	YFVKTAYQGE	NFVVGARKVD	RRLIEKINKA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
251					
msa45901.2{225_090}	FKQLHNKGKf	QKISYKWFGE	DVYSKE		
msa45901.2{225_1169NT}	FKQLHNKGKf	QKISYKWFGE	DVYSKE		
msa45901.2{225_18RS21}	FKQLHNKGKf	QKISYKWFGE	DVYSKE		
msa45901.2{225_2603}	FKQLHNKGKf	QKISYKWFGE	DVYSKE		
msa45901.2{225_A909}	FKQLHNKGKf	QKISYKWFGE	DVYSKE		
msa45901.2{225_CJB110}	FKQLHNKGKf	QKISYKWFGE	DVYSKE		
msa45901.2{225_COH1}	FKQLHNKGKf	QKISYKWFGE	DVYSKE		
msa45901.2{225_H36B}	FKQLHNKGKf	QKISYKWFGE	DVYSKE		
msa45901.2{225_JM9130013}	FKQLHNKGKf	QKISYKWFGE	DVYSKE		
msa45901.2{225_M732}	FKQLHNKGKf	QKISYKWFGE	DVYSKE		
msa45901.2{225_M781}	FKQLHNKGKf	QKISYKWFGE	DVYSKE		
Consensus	*****	*****	*****		
276					

Table 55: Comparative Sequences relating to SAG1592

SEQ ID NO. 5501

STRAIN 2603

ATGCTTAAATCTTTTGGATTTCTTAGTTCGCTTTTACCAAAAAATATTTCTCCAGCT  
TTCCAGCTAGCTGTGTTATCGTCCAACCTTGCTCTACGTATATGATAGAAGCTATTCAA  
AAACATGGTCTAAAAGGTGTGTGATGGGATTGCACGTATTTGCGATGTCATCCCTTA  
GCCACGGAGGAAATGATCCTGTCCCTGATCATTTTAGCTTAAGACGTAATAAAACGGAT  
ATATCAGAT

SEQ ID NO. 5502

STRAIN 090

TTCCAGCTAGCTGTGTTATCGTCCAACCTTGCTCTACGTATATGATAGA  
AGCTATTCAAAAACATGGTCTAAAAGGTGTGTGATGGGATTGCACGTA  
TTTTGCGATGTCATCCCTTAGCCACGGAGGAAATGATCCTGTCCCTGAT  
CATTTTAGCTT

SEQ ID NO. 5503

STRAIN A909

TTCCAGCTAGCTGTGTTATCGTCCAACCTTGCTCTACGTATATGATAGA  
AGCTATTCAAAAACATGGTCTAAAAGGTGTGTGATGGGATTGCACGTA  
TTTTGCGATGTCATCCCTTAGCCACGGAGGAAATGATCCTGTCCCTGAT  
CATTTTAGCTTAAGACGTAATAAAACGGATATA

SEQ ID NO. 5504

STRAIN H36B

TTCCAGCTAGCTGTGTTATCGTCCAACCTTGCTCTACGTATATGATAGA  
AGCTATTCAAAAACATGGTCTAAAAGGTGTGTGATGGGATTGCACGTA  
TTTTGCGATGTCATCCCTTAGCCACGGAGGAAATGATCCTGTCCCTGAT  
CATTTTAGCTTAAGACGTAATAAAACGGATATATCAGAT

SEQ ID NO. 5505

STRAIN 18RS21

TTCCAGCTAGCTGTGTTATCGTCCAACCTTGCTCTACGTATATGATAGA  
AGCTATTCAAAAACATGGTCTAAAAGGTGTGTGATGGGATTGCACGTA  
TTTTGCGATGTCATCCCTTAGCCACGGAGGAAATGATCCTGTCCCTGAT  
CATTTTAGCTTAAGACGTAATAAAACGGATATATCAGAT

SEQ ID NO. 5506

STRAIN M732

TTCCAGCTAGCTGTGTTATCGTCCAACCTTGCTCTACGTATATGATAGA  
AGCTATTCAAAAACATGGTCTAAAAGGTGTGTGATGGGATTGCACGTA  
TTTTGCGATGTCATCCCTTAGCCACGGAGGAAATGATCCTGTCCCTGAT  
CATTTTAGCTTAAGACGTAATAAAACGGATATATCAGAT

SEQ ID NO. 5507

STRAIN COH1

TTCCAGCTAGCTGTGTTATCGTCCAACCTTGCTCTACGTATATGATAGAAGCTATTCAA  
AAACATGGTCTAAAAGGTGTGTGATGGGATTGCACGTATTTGCGATGTCATCCCTTA  
GCCACGGAGGAAATGATCCTGTCCCTGATCATTTTAGCT

SEQ ID NO. 5508

STRAIN M781

TTCCAGCTAGCTGTGTTATCGTCCAACCTTGCTCTACGTATATGATAGA  
AGCTATTCAAAAACATGGTCTAAAAGGTGTGTGATGGGATTGCACGTA  
TTTTGCGATGTCATCCCTTAGCCACGGAGGAAATGATCCTGTCCCTGAT  
CATTTTAGCTTAAGACGTAATAAAACGGATATATCAGAT

SEQ ID NO. 5509

STRAIN CJB110

TTCCAGCTAGCTGTGTTATCGTCCAACCTTGCTCTACGTATATGATAGA  
AGCTATTCAAAAACATGGTCTAAAAGGTGTGTGATGGGATTGCACGTA  
TTTTGCGATGTCATCCCTTAGCCACGGAGGAAATGATCCTGTCCCTGAT  
CATTTTAGCTTAAGACGTAATAAAACGGATATATCAGAT

SEQ ID NO. 5510

STRAIN 1169NT

TTCCAGCTAGCTGTGTTATCGTCCAACCTTGCTCTACGTATATGATAGA  
AGCTATTCAAAAACATGGTCTAAAAGGTGTGTGATGGGATTGCACGTA  
TTTTGCGATGTCATCCCTTAGCCACGGAGGAAATGATCCTGTCCCTGAT  
TATTTTAGCTTAAGACGTAATAAAACGGATATATCAGAT

SEQ ID NO. 5511

STRAIN JM9130013

TTCCAGCTAGCTGTGTTATCGTCCAACCTTGCTCTACGTATATGATAGA  
AGCTATTCAAAAACATGGTCTAAAAGGTGTGTGATGGGATTGCACGTA  
TTTTGCGATGTCATCCCTTAGCCACGGAGGAAATGATCCTGTCCCTGAT  
CATTTTAGCTTAAGACGTAATAAAACGGATATATCAGAT

PRETTY of: /biotmp/msa119306.2(\*) April 29, 2003 06:23 ..

	1	50
msa119306.2{233_H36B}	-----	-----
msa119306.2{233_JM9130013}	-----	-----

Table 55: Comparative Sequences relating to SAG1592

msa119306.2{233_090}	-----	-----	-----	-----	-----
msa119306.2{233_18RS21}	-----	-----	-----	-----	-----
msa119306.2{233_2603}	atgcttaaat	cttttttgat	tttcttagtt	cgcttttacc	aaaaaaatat
msa119306.2{233_A909}	-----	-----	-----	-----	-----
msa119306.2{233_CJB110}	-----	-----	-----	-----	-----
msa119306.2{233_COH1}	-----	-----	-----	-----	-----
msa119306.2{233_M732}	-----	-----	-----	-----	-----
msa119306.2{233_M781}	-----	-----	-----	-----	-----
msa119306.2{233_1169NT}	-----	-----	-----	-----	-----
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
51					
msa119306.2{233_H36B}	-----	TTCCAGCTA	GCTGTCGTTA	TCGTCCAAC	TGCTCTACGT
msa119306.2{233_JM9130013}	-----	TTCCAGCTA	GCTGTCGTTA	TCGTCCAAC	TGCTCTACGT
msa119306.2{233_090}	-----	TTCCAGCTA	GCTGTCGTTA	TCGTCCAAC	TGCTCTACGT
msa119306.2{233_18RS21}	-----	TTCCAGCTA	GCTGTCGTTA	TCGTCCAAC	TGCTCTACGT
msa119306.2{233_2603}	ttctccagct	TTCCAGCTA	GCTGTCGTTA	TCGTCCAAC	TGCTCTACGT
msa119306.2{233_A909}	-----	TTCCAGCTA	GCTGTCGTTA	TCGTCCAAC	TGCTCTACGT
msa119306.2{233_CJB110}	-----	TTCCAGCTA	GCTGTCGTTA	TCGTCCAAC	TGCTCTACGT
msa119306.2{233_COH1}	-----	TTCCAGCTA	GCTGTCGTTA	TCGTCCAAC	TGCTCTACGT
msa119306.2{233_M732}	-----	TTCCAGCTA	GCTGTCGTTA	TCGTCCAAC	TGCTCTACGT
msa119306.2{233_M781}	-----	TTCCAGCTA	GCTGTCGTTA	TCGTCCAAC	TGCTCTACGT
msa119306.2{233_1169NT}	-----	TTCCAGCTA	GCTGTCGTTA	TCGTCCAAC	TGCTCTACGT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
101					
msa119306.2{233_H36B}	ATATGATAGA	AGCTATTCAA	AAACATGGTC	TAAAAGGTGT	tcTGATGGGG
msa119306.2{233_JM9130013}	ATATGATAGA	AGCTATTCAA	AAACATGGTC	TAAAAGGTGT	tcTGATGGGG
msa119306.2{233_090}	ATATGATAGA	AGCTATTCAA	AAACATGGTC	TAAAAGGTGT	gtTGATGGGG
msa119306.2{233_18RS21}	ATATGATAGA	AGCTATTCAA	AAACATGGTC	TAAAAGGTGT	gtTGATGGGG
msa119306.2{233_2603}	ATATGATAGA	AGCTATTCAA	AAACATGGTC	TAAAAGGTGT	gtTGATGGGG
msa119306.2{233_A909}	ATATGATAGA	AGCTATTCAA	AAACATGGTC	TAAAAGGTGT	gtTGATGGGG
msa119306.2{233_CJB110}	ATATGATAGA	AGCTATTCAA	AAACATGGTC	TAAAAGGTGT	gtTGATGGGG
msa119306.2{233_COH1}	ATATGATAGA	AGCTATTCAA	AAACATGGTC	TAAAAGGTGT	gtTGATGGGG
msa119306.2{233_M732}	ATATGATAGA	AGCTATTCAA	AAACATGGTC	TAAAAGGTGT	gtTGATGGGG
msa119306.2{233_M781}	ATATGATAGA	AGCTATTCAA	AAACATGGTC	TAAAAGGTGT	gtTGATGGGG
msa119306.2{233_1169NT}	ATATGATAGA	AGCTATTCAA	AAACATGGTC	TAAAAGGTGT	gtTGATGGGG
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
151					
msa119306.2{233_H36B}	ATTGCACGTA	TTTTGCGATG	TCATCCCTTA	GCCCACGGAG	GAAATGATCC
msa119306.2{233_JM9130013}	ATTGCACGTA	TTTTGCGATG	TCATCCCTTA	GCCCACGGAG	GAAATGATCC
msa119306.2{233_090}	ATTGCACGTA	TTTTGCGATG	TCATCCCTTA	GCCCACGGAG	GAAATGATCC
msa119306.2{233_18RS21}	ATTGCACGTA	TTTTGCGATG	TCATCCCTTA	GCCCACGGAG	GAAATGATCC
msa119306.2{233_2603}	ATTGCACGTA	TTTTGCGATG	TCATCCCTTA	GCCCACGGAG	GAAATGATCC
msa119306.2{233_A909}	ATTGCACGTA	TTTTGCGATG	TCATCCCTTA	GCCCACGGAG	GAAATGATCC
msa119306.2{233_CJB110}	ATTGCACGTA	TTTTGCGATG	TCATCCCTTA	GCCCACGGAG	GAAATGATCC
msa119306.2{233_COH1}	ATTGCACGTA	TTTTGCGATG	TCATCCCTTA	GCCCACGGAG	GAAATGATCC
msa119306.2{233_M732}	ATTGCACGTA	TTTTGCGATG	TCATCCCTTA	GCCCACGGAG	GAAATGATCC
msa119306.2{233_M781}	ATTGCACGTA	TTTTGCGATG	TCATCCCTTA	GCCCACGGAG	GAAATGATCC
msa119306.2{233_1169NT}	ATTGCACGTA	TTTTGCGATG	TCATCCCTTA	GCCCACGGAG	GAAATGATCC
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
201					
msa119306.2{233_H36B}	TGTCCCTGAT	cATTTTAGCT	taagacgtaa	taaaacggat	atatcagat
msa119306.2{233_JM9130013}	TGTCCCTGAT	cATTTTAGCT	taagacgtaa	taaaacggat	atatcagat
msa119306.2{233_090}	TGTCCCTGAT	cATTTTAGCT	t-----	-----	-----
msa119306.2{233_18RS21}	TGTCCCTGAT	cATTTTAGCT	taagacgtaa	taaaacggat	atatcagat
msa119306.2{233_2603}	TGTCCCTGAT	cATTTTAGCT	taagacgtaa	taaaacggat	atatcagat
msa119306.2{233_A909}	TGTCCCTGAT	cATTTTAGCT	taagacgtaa	taaaacggat	atatcagat
msa119306.2{233_CJB110}	TGTCCCTGAT	cATTTTAGCT	taagacgtaa	taaaacggat	atatcagat
msa119306.2{233_COH1}	TGTCCCTGAT	cATTTTAGCT	taagacgtaa	taaaacggat	atatcagat
msa119306.2{233_M732}	TGTCCCTGAT	cATTTTAGCT	taagacgtaa	taaaacggat	atatcagat
msa119306.2{233_M781}	TGTCCCTGAT	cATTTTAGCT	taagacgtaa	taaaacggat	atatcagat
msa119306.2{233_1169NT}	TGTCCCTGAT	cATTTTAGCT	taagacgtaa	taaaacggat	atatcagat
Consensus	*****	*****	-----	-----	-----
249					
msa119306.2{233_H36B}	TGTCCCTGAT	cATTTTAGCT	taagacgtaa	taaaacggat	atatcagat
msa119306.2{233_JM9130013}	TGTCCCTGAT	cATTTTAGCT	taagacgtaa	taaaacggat	atatcagat
msa119306.2{233_090}	TGTCCCTGAT	cATTTTAGCT	taagacgtaa	taaaacggat	atatcagat
msa119306.2{233_18RS21}	TGTCCCTGAT	cATTTTAGCT	taagacgtaa	taaaacggat	atatcagat
msa119306.2{233_2603}	TGTCCCTGAT	cATTTTAGCT	taagacgtaa	taaaacggat	atatcagat
msa119306.2{233_A909}	TGTCCCTGAT	cATTTTAGCT	taagacgtaa	taaaacggat	atatcagat
msa119306.2{233_CJB110}	TGTCCCTGAT	cATTTTAGCT	taagacgtaa	taaaacggat	atatcagat
msa119306.2{233_COH1}	TGTCCCTGAT	cATTTTAGCT	taagacgtaa	taaaacggat	atatcagat
msa119306.2{233_M732}	TGTCCCTGAT	cATTTTAGCT	taagacgtaa	taaaacggat	atatcagat
msa119306.2{233_M781}	TGTCCCTGAT	cATTTTAGCT	taagacgtaa	taaaacggat	atatcagat
msa119306.2{233_1169NT}	TGTCCCTGAT	cATTTTAGCT	taagacgtaa	taaaacggat	atatcagat
Consensus	*****	*****	-----	-----	-----

SEQ ID NO. 5512  
 STRAIN 2603 frame: 1  
 MLKSFLIFLVRFYQKNISPAFPASCRTCTSTYMIETAIQKHGLKGVLMGIARILRCHPL  
 AHGGNDPVPDHFSLRRNKTDISD

SEQ ID NO. 5513  
 STRAIN 090 frame: 1  
 FPASCRTCTCTSTYMIETAIQKHGLKGVLMGIARILRCHPLAHGGNDPVPDHFSLRRNKTD

SEQ ID NO. 5514  
 STRAIN A909 frame: 1  
 FPASCRTCTCTSTYMIETAIQKHGLKGVLMGIARILRCHPLAHGGNDPVPDHFSLRRNKTD  
 I

SEQ ID NO. 5515  
 STRAIN H36B frame: 1



Table 55: Comparative Sequences relating to SAG1592

FPASCRYRPTCSTYMIEAIQKHGLKGVLMGIARILRCHPLAHGGNDPVPDHFSLRRNKTD  
ISD

SEQ ID NO. 5516

STRAIN 18RS21 frame: 1

FPASCRYRPTCSTYMIEAIQKHGLKGVLMGIARILRCHPLAHGGNDPVPDHFSLRRNKTD  
ISD

SEQ ID NO. 5517

STRAIN M732 frame: 1

FPASCRYRPTCSTYMIEAIQKHGLKGVLMGIARILRCHPLAHGGNDPVPDHFSLRRNKTD  
ISD

SEQ ID NO. 5518

STRAIN COH1 frame: 1

FPASCRYRPTCSTYMIEAIQKHGLKGVLMGIARILRCHPLAHGGNDPVPDHFSLRRNKTD

SEQ ID NO. 5519

STRAIN M781 frame: 1

FPASCRYRPTCSTYMIEAIQKHGLKGVLMGIARILRCHPLAHGGNDPVPDHFSLRRNKTD  
ISD

SEQ ID NO. 5520

STRAIN CJB110 frame: 1

FPASCRYRPTCSTYMIEAIQKHGLKGVLMGIARILRCHPLAHGGNDPVPDHFSLRRNKTD  
ISD

SEQ ID NO. 5521

STRAIN 1169NT frame: 1

FPASCRYRPTCSTYMIEAIQKHGLKGVLMGIARILRCHPLAHGGNDPVPDYFSLRRNKTD  
ISD

SEQ ID NO. 5522

STRAIN JM9130013 frame: 1

FPASCRYRPTCSTYMIEAIQKHGLKGVLMGIARILRCHPLAHGGNDPVPDHFSLRRNKTD  
ISD

PRETTY of: /biotmp/msa119415.2(\*) April 29, 2003 06:25 ..

	1		50
msa119415.2{233_090}	-----	FPASCRYRPT	CSTYMIEAIQ KHGLKGVLMG
msa119415.2{233_18RS21}	-----	FPASCRYRPT	CSTYMIEAIQ KHGLKGVLMG
msa119415.2{233_COH1}	-----	FPASCRYRPT	CSTYMIEAIQ KHGLKGVLMG
msa119415.2{233_A909}	-----	FPASCRYRPT	CSTYMIEAIQ KHGLKGVLMG
msa119415.2{233_2603}	mlksfliflv rfyqknispa	FPASCRYRPT	CSTYMIEAIQ KHGLKGVLMG
msa119415.2{233_CJB110}	-----	FPASCRYRPT	CSTYMIEAIQ KHGLKGVLMG
msa119415.2{233_H36B}	-----	FPASCRYRPT	CSTYMIEAIQ KHGLKGVLMG
msa119415.2{233_JM9130013}	-----	FPASCRYRPT	CSTYMIEAIQ KHGLKGVLMG
msa119415.2{233_M732}	-----	FPASCRYRPT	CSTYMIEAIQ KHGLKGVLMG
msa119415.2{233_M781}	-----	FPASCRYRPT	CSTYMIEAIQ KHGLKGVLMG
msa119415.2{233_1169NT}	-----	FPASCRYRPT	CSTYMIEAIQ KHGLKGVLMG
Consensus	*****	*****	*****_**

  

	51		83
msa119415.2{233_090}	IARILRCHPL AHGGNDPVPD	hFS-----	---
msa119415.2{233_18RS21}	IARILRCHPL AHGGNDPVPD	hFSLRNKTID	ISD
msa119415.2{233_COH1}	IARILRCHPL AHGGNDPVPD	hFS-----	---
msa119415.2{233_A909}	IARILRCHPL AHGGNDPVPD	hFSLRNKTID	I--
msa119415.2{233_2603}	IARILRCHPL AHGGNDPVPD	hFSLRNKTID	ISD
msa119415.2{233_CJB110}	IARILRCHPL AHGGNDPVPD	hFSLRNKTID	ISD
msa119415.2{233_H36B}	IARILRCHPL AHGGNDPVPD	hFSLRNKTID	ISD
msa119415.2{233_JM9130013}	IARILRCHPL AHGGNDPVPD	hFSLRNKTID	ISD
msa119415.2{233_M732}	IARILRCHPL AHGGNDPVPD	hFSLRNKTID	ISD
msa119415.2{233_M781}	IARILRCHPL AHGGNDPVPD	hFSLRNKTID	ISD
msa119415.2{233_1169NT}	IARILRCHPL AHGGNDPVPD	yFSLRNKTID	ISD
Consensus	*****	*****	*****

**Table 56: Comparative Sequences relating to SAG0806**

STRAIN 2603

aagaagctctacttttatttgggatttagatggggacattaatagattcgtat  
tgtaccaattattggaagctcttgaaagaacctatcgctcaatttgggttaa  
tatttgataaagaattatccatgaatatattttacaggaatcagtgggg  
aaattatttggttaaacctttcagagggaagcaaaatcctctagaataaact  
gaaagcatattttacaaaagacaagaagctcgagattctaaatcacatt  
taatgccatattgcaaaagagattttagaattggaccaaaagaacaagatattc  
cccaattattatgtatacacataaagggacgaactgcgatttcagttgttga  
aaccttgcagatctctctatttttgatgaatttttaactggtgttctgg  
gattcgagcgaaaaacacatccacaagggatttaattatttagttaaaccga  
tattctttagataaattcaatgactattacataggagatcgctccactaga  
tttggaggttgctcaaaatgctggtataaaatccataaaacttaaggttag  
agaatttccaaagaaaactataaatattcaagctctcaagataataattca  
cttgatttcaactcgttggat

STRAIN COHL

AAGAAGCTTACTTTTATTTCGGATTAGATGGGACATTAA  
TAGATTTCGTATGTACCAATTATGGAAGCTCTGGAAGAACCTATCGTCAT  
TTTGGCTTAATATTGATAAAGAATTATCATGATATATTTTACAGGA  
ATCAGTGGGGCCATTATTGTTAAACCTTTCAGAGGAGAGCAATACCTC  
ATGAAAACCTGAAGACATTTTACAAAGAACAGAAGTCAGATTC  
AAAAATCATTTAATGCCATATGCAAAAGAGATTTTGAATTCGACCAAGA  
ACAAGATATTTCCCAATTTTATGTATACATCAAAAAGGACGATCGCATT  
CAGTGTGTGAAACCTTCGAGATCTCTATTATTGTATGAAATTTAACT  
GGTGTTCGGATTTCGAGCGAAACCAATCCACAGGGGATTAATTTATT  
AGTTAAACGATATTCCTTAGATAACTCAATGATCTATTACATGAGGATC  
GTCCACTAGATTTGGAGGTTGCTCAAATGCTGGTATAAAATCCATAAC  
TTAAGGTTAGAGAAATTCCAAGAAACATATAATTTCAAGTCTCAAAGA  
TATAATATCATGATTTCAATCGTTTGGAT

STRAIN A909

AAGAAGCTTACTTTTATTTGGGATTAGATGGGACATTAAAT  
 AGATTTCGTATGTACCAATTATGTGAAGCTCTGGAAGAACCTTACGTCATTTTGGTTTAAAT  
 ATTGTAGAAGAATATATTCCTGAATATATTTTACAGAAATCAGTGGGAAATATTGGT  
 AAACCTTTCAGAGAGAGACCAATACCTCATGAAAACTGAAAGCATATTTTACAAAGA  
 ACAAGAAAGTCGAGATTCTAAATACATTTAAATGCCATATGCAAAGAGATTTCAGATG  
 GACCAAAAGAACAGATATCCCAATTTTATGTATACATACAAAGGAGCAAGTACCGATTTC  
 AGTGTGTGAAACCTTCGAGATCTCTCAATTATTTGATGAAATTTTAACTGGTGTTCGGG  
 ATTCGAGCGAAAAACCACATCCACAGGATTAAATATTAGTTAAACGATATTTCTTGA  
 TAAATCAATGACTTATTACATAGGAGATCGTCCACTAGATTTTGGAGGTTGCTCAAATGCT  
 TGGTATAAAATCCATAAACTTAAAGTTAGAGATTTCCAAAGAAAACTATAATATTTTCAAG  
 TCTCAAAGATATAATATCACTTGATTCTACTCGT

STRAIN H36B

STRAIN H203  
AAGAAGCTTACTTTTATTTTGGGATTAGATGGGACATTAATAGATTCCG  
TATGTACCAATATTGGAAGCTCTTGAAGAAACCTATCGTCATTTTGGTTTAAATTTGTAT  
AAGAATTAATTCATGAATATATTTTACAGGAATCAGTGGGGAAATTTATGGTAAACCTT  
TCAGAGGAAGAGCAAAATACCTCATGAAAAAATGAAAGCATATTTTCAAAAGAACAGAA  
AGTCAGAGATTTCTAAATACATTTTAAATGCCATCTGCAAAAGAGATTTTGAATGGACCAA  
GAACAGATATCCCCAATTTTATGTACATACATAAAGGAGCAAGTACGCATTTCAGTGTG  
GAAACCTTCGCAGATCTCTCATTTTGTATGAATTTTAACTGGTGGTTTCGGGATTCGAG  
CGAAACCACATCCACAGGGAATTAATTTATTTGAATACGATATCTTTAGATAAATCA  
ATGACTTATTACATAGGAGATCGTCCACTAGATTGGAGGTTGCTCAAATGCTGGTATA  
AAATCCATAAACTTAAGTTTAGAGATTTCAAAGAAAACATAATATTTTCAAGTCTCAA  
GATATAATATCACTTGTTTCACTCGTTGGAT

STRAIN 18RS21

5' TACAT TACGCT  
AAGAGCTTACCTTTTATTTGGGATTAGATGGGACATTAATAGATT  
CGTATGTACCAATTTATGGAAGCTCTTGAAGAACTTATCGTCATTTTGGTTTAAATATTG  
ATAAGAAGATTAACTCAGTAAGATATATTTACAGAAGTCACTGGGGGAAATATTGGTAAACC  
TTTCAGAGGAAGAGCAAAATACCTCATGAAAACTGAAGCATATTTTACAAAGAACAAG  
AAGGTCGAGATTTCAAATACTATTTAATGCCATGTGCAAAAGAGATTTTGAATGTGACCA  
AAGAACAGAGATATCCCAATTTTATGTATACATTAAGAGGAGCAAGTACGCATTCACTGT  
TGGAACACTTGCAGATCTCTCATTTATTTGATGAAATTTTAACTGTGTGTTTCGGGATTCG  
ACGGAACCTGCATCCCAAGGAGTAATTAATTTAGTTAAACGATATCTTTAGATATAAT  
CACTGAACCTTATTACATAGGAGATCGTCCACTAGATTTTGGAGGTTGCTCAAATGCTGTGTA  
TAAATCCATAAATCTTAAAGTTAGAGAAATCCGAAGAAAACATATAATTTCAAGTCTCA  
AAGATATAATTACTCTTGATTTCATCGTTGGAT

STRAIN M732

3TAAAGCTTAC  
 AAGAAGCTCTATTTATTGGGATTAGATGGGACATTAATAGAT  
 TCGTAGTACCAATTATGAAGCTCTTGAAGAAACCTATCGTCAATTTGGCTATATTT  
 GATAAAGATTATCTCATGATATATTTTACAGAAGTCAGTGGGGCAATTAATGGTAAAC  
 CTTTCAGAGGAAGAGCAATACCTCATGAAAACTGAAAGCATATTTTACAAAGAACAA  
 GAAAGTCGAGATTCTAAATACATTTAATGCCATATGCAAAAGAGATTTTAGATGGACC  
 AAGAACAAGATATTTCCCAATTTTATGATACACATGAAGAAGCAAGTAGCGCATTCAGT

Table 56: Comparative Sequences relating to SAG0806

TTGGAACCTTGCAGATCTCTCATTATTTTGATGAAATTTAACTGGTGTTCGGGATTC  
GAGCGAAAACCATCCACAAGGGATTAAATATTTAGTTAAACGATATTCCTTAGATAAA  
TCAATGACTTATTACATAGGAGATCGTCCACTAGATTGGAGGTTGCTCAAAATGCTGGT  
ATAAAATCCATAAACTTAAGGTTAGAGAATCCAAAGAAAACATAATATTTCAAGTCTC  
AAAGATATAATATCACTTGATTCACTCGTTGGAT

SEQ ID NO. 5607

STRAIN CJB110

AAGAAGCTTACTTTTATTGGGATTTAGATGGGACATT  
AATAGATTGCTATGTACCAATTATGGAAGCTCTTGAAGAAACCTATCGTCATTTTGGCTT  
AATATTTGATAAAGAATTAAATCCATGAATATATTTACAGGAATCAGTGGGCAATTATT  
GGTAAACCTTTAGAGGAAGAGCAAATACCTCATGAAAACTGAAAGCATATTTTACAAA  
AGAACAAGAAAGTCGAGATTCTAAAATACATTTAATGCCATATGCAAAAGAGATTTTAGA  
ATGGACCAAGAAACAGATATCCCAATTTTATGTATACACATAAAGGAGCAAGTACGCA  
TTCAATGTTTGGAAACCTTGCAGATCTCTCATTATTTTGATGAAATTTAACTGGTGTTC  
TGGATTGCGAGCAAAACCATCCACAAGGGATTAAATATTTAGTTAAACGATATTCCTT  
AGATAAATCAATGACTTATTACATAGGAGATCGTCCCTAGATTGGAGGTTGCTCAAAA  
TGCTGGTATAAAATCCATAAACTTAAGGTTAGAGAATCCAAAGAAAACATAATATTT  
AAGTCTCAAGGATATAATATCACTTGATTCACTCGTT

SEQ ID NO. 5608

STRAIN 1169NT

aAGAAGCTTACTTTTATTGGGATTTAGATGGGACATTAAATAGATTGCTATGTACCAATTA  
TAGAAGCTCTTGAAGAAACCTATCGTCATTTTGGCTTAAATATTTGATAAAGAATTAAATCC  
ATGAATATATTTTACAGGAATCAGTGGGAAATTTATGGTAAACCTTTTACAGGAAGAGC  
AAATACCTCATGAAAACTGAAAGCATATTTTACAAAAGAACAGAAAGTCGAGATTCTA  
AATACATTTTAAATGCCATATGCGCAAAAGAGATTTTAGAATGGACCAAGAACAGATATCC  
CCAATTTTATGTATACACATAAAGGAGCAAGTACGCAATTCAGTGTGGAAACCTTGCAGA  
TCTCTCATTTATTTGATGAAATTTAACTGGTGTTCGGGATTCGAGCGAAAACCATC  
CACAAGGGATTAAATTTTATGTAAACGATATTCCTTAGATAAATCAATGACTTATTACA  
TAGGAGATCGTCCCTAGATTGGAGGTTGCTCAAAATGCTGGTATAAAATCCATAAACT  
TAAGGTTAGAGAATCCAAAGAAAACATAATATTTCAAGTCTCAAGGATATAATATCAC  
TTGATTTCACTCGTTGGAT

SEQ ID NO. 5609

STRAIN JM9130013

AAGAAGCTTACTTTTATTGGGATTTAGATGGGACATTAAATAGA  
TTGCTATGTACCAATTTATGGAAGCTCTTGAAGAAACCTATCGTCATTTTGGTTAATATT  
TGATAAAGAATTAAATCCATGAATATATTTACAGGAATCAGTGGGAAATTTATGGTAA  
CCTTTTACAGGAAGAGCAAAATACCTCATGAAAACTGAAAGCATATTTTACAAAAGACA  
AGAAAGTCGAGATTCTAAAATACATTTAATGCCATATGCAAAAGAGATTTTAGAATGGAC  
CAAGAACCAAGATATCCCAATTTTATGTATACACATAAAGGAGCAAGTACGCAATTCAGT  
GTTGAAACCTTGCAGATCTCTCATTATTTTGATGAAATTTAACTGGTGTTCGGGATT  
CGAGCGAAAACCATCCACAAGGGATTAAATTTAGTTAAACGATATTCCTTAGATAA  
ATCAATGACTTATTACATAGGAGATCGTCCACTAGATTGGAGGTTGCTCAAAATGCTGG  
TATAAATCCATAAACTTAAGGTTAGAGAATCCAAAGAAAACATAATATTTCAAGTCT  
CAAAGATATAATATCACTTGATTCACTCGT

SEQ ID NO. 5610

STRAIN 090

AAGAAGCTTACTTTTATTGG  
GATTTAGATGGGACATTAAATAGATTGCTATGTACCAATTTATGGAAGCTCT  
TGAAGAAACCTATCGTCATTTTGGCTTAAATATTTGATAAAGAATTAAATCC  
ATGAATATATTTTACAGGAATCAGTGGGCAATTTATGGTAAACCTTTCA  
GAGGAAGAGCAAAATACCTCATGAAAACTGAAAGCATATTTTACAAAAGA  
ACAAGAAAGTCGAGATTCTAAAATACATTTAATGCCATATGCAAAAGAGA  
TTTTAGAATGGACCAAGAACAGATATCCCAATTTTATGTATACACAT  
AAAGGAGCAAGTACGCAATTCAGTGTGGAAACCTTGCAGATCTCTCATTA  
TTTTGATGAAATTTAACTGGTGTTCCTGGATTGAGCGAAAACCATC  
CACAAGGGATTAAATTTAGTTAAACGATATTCCTTAGATAAATCAATG  
ACTTATTACATAGGAGATCGTCCCTAGATTGGAGGTTGCTCAAAATGCT  
TGGTATAAAATCCATAAACTTAAGGTTAGAGAATCCAAAGAAAACATA  
ATATTTCAAGTCTCAAGGATATAATATCACTTGATTCACTCGT

SEQ ID NO. 5611

STRAIN M781

AAGAAGCTTACTTTTATTGGGATTTAGATGGGACATTAAATAGATTGCT  
ATGTACCAATTTATGGAAGCTCTTGAAGAAACCTATCGTCATTTTGGCTTA  
ATATTTGATAAAGAATTAAATCCATGAATATATTTTACAGGAATCAGTGGG  
GCAATTTATGGTAAACCTTTTACAGGAAGAGCAAATACCTCATGAAAAAC  
TGAAGCATATTTTACAAAAGAACAGAAAGTCGAGATTCTAAAATACAT  
TTAATGCCATATGCAAAAGAGATTTTAGAATGGACCAAGAACAGATAT  
TCCCAATTTTATGTATACACATAAAGGAGCAAGTACGCAATTCAGTGTGG  
AAACCTTGCAGATCTCTCATTATTTTGATGAAATTTAACTGGTGTTCG  
GGATTGAGCGAAAACCATCCACAAGGGATTAAATTTAGTTAAACG  
ATATTTCTTAGATAAATCAATGACTTATTACATAGGAGATCGTCCACTAG  
ATTTGGAGGTTGCTCAAAATGCTGGTATAAAATCCATAAACTTAAGGTTA  
GAGAATCCAAAGAAAACATAATATTTCAAGTCTCAAGGATATAATATC  
ACTTGATTCACTCGT

PRETTY of: /biotmp/msa45163.2{\*} January 21, 2003 06:53 ..

Table 56: Comparative Sequences relating to SAG0806

	1				50
msa45163.2{240_18RS21}	AAGAAGCTTA	CTTTTATTTG	GGATTAGAT	GGGACATTAA	TAGATTGCTA
msa45163.2{240_2603}	AAGAAGCTTA	CTTTTATTTG	GGATTAGAT	GGGACATTAA	TAGATTGCTA
msa45163.2{240_A909}	AAGAAGCTTA	CTTTTATTTG	GGATTAGAT	GGGACATTAA	TAGATTGCTA
msa45163.2{240_H36B}	AAGAAGCTTA	CTTTTATTTG	GGATTAGAT	GGGACATTAA	TAGATTGCTA
msa45163.2{240_JM9130013}	AAGAAGCTTA	CTTTTATTTG	GGATTAGAT	GGGACATTAA	TAGATTGCTA
msa45163.2{240_COH1}	AAGAAGCTTA	CTTTTATTTG	GGATTAGAT	GGGACATTAA	TAGATTGCTA
msa45163.2{240_M732}	AAGAAGCTTA	CTTTTATTTG	GGATTAGAT	GGGACATTAA	TAGATTGCTA
msa45163.2{240_M781}	AAGAAGCTTA	CTTTTATTTG	GGATTAGAT	GGGACATTAA	TAGATTGCTA
msa45163.2{240_090}	AAGAAGCTTA	CTTTTATTTG	GGATTAGAT	GGGACATTAA	TAGATTGCTA
msa45163.2{240_CJB110}	AAGAAGCTTA	CTTTTATTTG	GGATTAGAT	GGGACATTAA	TAGATTGCTA
msa45163.2{240_1169NT}	AAGAAGCTTA	CTTTTATTTG	GGATTAGAT	GGGACATTAA	TAGATTGCTA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
	51				100
msa45163.2{240_18RS21}	TGTACCAATT	ATGGAAGCTC	TTGAAGAAAC	CTATCGTCAT	TTTGGCTTAA
msa45163.2{240_2603}	TGTACCAATT	ATGGAAGCTC	TTGAAGAAAC	CTATCGTCAT	TTTGGCTTAA
msa45163.2{240_A909}	TGTACCAATT	ATGGAAGCTC	TTGAAGAAAC	CTATCGTCAT	TTTGGCTTAA
msa45163.2{240_H36B}	TGTACCAATT	ATGGAAGCTC	TTGAAGAAAC	CTATCGTCAT	TTTGGCTTAA
msa45163.2{240_JM9130013}	TGTACCAATT	ATGGAAGCTC	TTGAAGAAAC	CTATCGTCAT	TTTGGCTTAA
msa45163.2{240_COH1}	TGTACCAATT	ATGGAAGCTC	TTGAAGAAAC	CTATCGTCAT	TTTGGCTTAA
msa45163.2{240_M732}	TGTACCAATT	ATGGAAGCTC	TTGAAGAAAC	CTATCGTCAT	TTTGGCTTAA
msa45163.2{240_M781}	TGTACCAATT	ATGGAAGCTC	TTGAAGAAAC	CTATCGTCAT	TTTGGCTTAA
msa45163.2{240_090}	TGTACCAATT	ATGGAAGCTC	TTGAAGAAAC	CTATCGTCAT	TTTGGCTTAA
msa45163.2{240_CJB110}	TGTACCAATT	ATGGAAGCTC	TTGAAGAAAC	CTATCGTCAT	TTTGGCTTAA
msa45163.2{240_1169NT}	TGTACCAATT	ATGGAAGCTC	TTGAAGAAAC	CTATCGTCAT	TTTGGCTTAA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
	101				150
msa45163.2{240_18RS21}	TATTTGATAA	AGAATTAATC	CATGAATATA	TTTTACAGGA	ATCAGTGGGG
msa45163.2{240_2603}	TATTTGATAA	AGAATTAATC	CATGAATATA	TTTTACAGGA	ATCAGTGGGG
msa45163.2{240_A909}	TATTTGATAA	AGAATTAATC	CATGAATATA	TTTTACAGGA	ATCAGTGGGG
msa45163.2{240_H36B}	TATTTGATAA	AGAATTAATC	CATGAATATA	TTTTACAGGA	ATCAGTGGGG
msa45163.2{240_JM9130013}	TATTTGATAA	AGAATTAATC	CATGAATATA	TTTTACAGGA	ATCAGTGGGG
msa45163.2{240_COH1}	TATTTGATAA	AGAATTAATC	CATGAATATA	TTTTACAGGA	ATCAGTGGGG
msa45163.2{240_M732}	TATTTGATAA	AGAATTAATC	CATGAATATA	TTTTACAGGA	ATCAGTGGGG
msa45163.2{240_M781}	TATTTGATAA	AGAATTAATC	CATGAATATA	TTTTACAGGA	ATCAGTGGGG
msa45163.2{240_090}	TATTTGATAA	AGAATTAATC	CATGAATATA	TTTTACAGGA	ATCAGTGGGG
msa45163.2{240_CJB110}	TATTTGATAA	AGAATTAATC	CATGAATATA	TTTTACAGGA	ATCAGTGGGG
msa45163.2{240_1169NT}	TATTTGATAA	AGAATTAATC	CATGAATATA	TTTTACAGGA	ATCAGTGGGG
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
	151				200
msa45163.2{240_18RS21}	AAATTATTGG	TAAACCTTTC	AGAGGAAGAG	CAAATACCTC	ATGAAAAACT
msa45163.2{240_2603}	AAATTATTGG	TAAACCTTTC	AGAGGAAGAG	CAAATACCTC	ATGAAAAACT
msa45163.2{240_A909}	AAATTATTGG	TAAACCTTTC	AGAGGAAGAG	CAAATACCTC	ATGAAAAACT
msa45163.2{240_H36B}	AAATTATTGG	TAAACCTTTC	AGAGGAAGAG	CAAATACCTC	ATGAAAAACT
msa45163.2{240_JM9130013}	AAATTATTGG	TAAACCTTTC	AGAGGAAGAG	CAAATACCTC	ATGAAAAACT
msa45163.2{240_COH1}	AAATTATTGG	TAAACCTTTC	AGAGGAAGAG	CAAATACCTC	ATGAAAAACT
msa45163.2{240_M732}	AAATTATTGG	TAAACCTTTC	AGAGGAAGAG	CAAATACCTC	ATGAAAAACT
msa45163.2{240_M781}	AAATTATTGG	TAAACCTTTC	AGAGGAAGAG	CAAATACCTC	ATGAAAAACT
msa45163.2{240_090}	AAATTATTGG	TAAACCTTTC	AGAGGAAGAG	CAAATACCTC	ATGAAAAACT
msa45163.2{240_CJB110}	AAATTATTGG	TAAACCTTTC	AGAGGAAGAG	CAAATACCTC	ATGAAAAACT
msa45163.2{240_1169NT}	AAATTATTGG	TAAACCTTTC	AGAGGAAGAG	CAAATACCTC	ATGAAAAACT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
	201				250
msa45163.2{240_18RS21}	GAAAGCATAT	TTTACAAAAG	AACAAGAAAG	TCGAGATTCT	AAAATACATT
msa45163.2{240_2603}	GAAAGCATAT	TTTACAAAAG	AACAAGAAAG	TCGAGATTCT	AAAATACATT
msa45163.2{240_A909}	GAAAGCATAT	TTTACAAAAG	AACAAGAAAG	TCGAGATTCT	AAAATACATT
msa45163.2{240_H36B}	GAAAGCATAT	TTTACAAAAG	AACAAGAAAG	TCGAGATTCT	AAAATACATT
msa45163.2{240_JM9130013}	GAAAGCATAT	TTTACAAAAG	AACAAGAAAG	TCGAGATTCT	AAAATACATT
msa45163.2{240_COH1}	GAAAGCATAT	TTTACAAAAG	AACAAGAAAG	TCGAGATTCT	AAAATACATT
msa45163.2{240_M732}	GAAAGCATAT	TTTACAAAAG	AACAAGAAAG	TCGAGATTCT	AAAATACATT
msa45163.2{240_M781}	GAAAGCATAT	TTTACAAAAG	AACAAGAAAG	TCGAGATTCT	AAAATACATT
msa45163.2{240_090}	GAAAGCATAT	TTTACAAAAG	AACAAGAAAG	TCGAGATTCT	AAAATACATT
msa45163.2{240_CJB110}	GAAAGCATAT	TTTACAAAAG	AACAAGAAAG	TCGAGATTCT	AAAATACATT
msa45163.2{240_1169NT}	GAAAGCATAT	TTTACAAAAG	AACAAGAAAG	TCGAGATTCT	AAAATACATT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
	251				300
msa45163.2{240_18RS21}	TAATGCCATA	tGCAAAAGAG	ATTTTAGAAT	GGACCAAAGA	ACAAGATATc
msa45163.2{240_2603}	TAATGCCATA	tGCAAAAGAG	ATTTTAGAAT	GGACCAAAGA	ACAAGATATc
msa45163.2{240_A909}	TAATGCCATA	tGCAAAAGAG	ATTTTAGAAT	GGACCAAAGA	ACAAGATATc
msa45163.2{240_H36B}	TAATGCCATA	tGCAAAAGAG	ATTTTAGAAT	GGACCAAAGA	ACAAGATATc
msa45163.2{240_JM9130013}	TAATGCCATA	tGCAAAAGAG	ATTTTAGAAT	GGACCAAAGA	ACAAGATATc
msa45163.2{240_COH1}	TAATGCCATA	tGCAAAAGAG	ATTTTAGAAT	GGACCAAAGA	ACAAGATATc
msa45163.2{240_M732}	TAATGCCATA	tGCAAAAGAG	ATTTTAGAAT	GGACCAAAGA	ACAAGATATc
msa45163.2{240_M781}	TAATGCCATA	tGCAAAAGAG	ATTTTAGAAT	GGACCAAAGA	ACAAGATATc
msa45163.2{240_090}	TAATGCCATA	tGCAAAAGAG	ATTTTAGAAT	GGACCAAAGA	ACAAGATATc
msa45163.2{240_CJB110}	TAATGCCATA	tGCAAAAGAG	ATTTTAGAAT	GGACCAAAGA	ACAAGATATc
msa45163.2{240_1169NT}	TAATGCCATA	tGCAAAAGAG	ATTTTAGAAT	GGACCAAAGA	ACAAGATATc
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****

Table 56: Comparative Sequences relating to SAG0806

msa45163.2{240_18RS21}	301	CCCAATTTTA	TGTATACACA	TAAAGGAGCA	AGTACGCATT	350	CAGTGTTCGGA
		CCCAATTTTA	TGTATACACA	TAAAGGAGCA	AGTACGCATT		CAGTGTTCGGA
		CCCAATTTTA	TGTATACACA	TAAAGGAGCA	AGTACGCATT		CAGTGTTCGGA
		CCCAATTTTA	TGTATACACA	TAAAGGAGCA	AGTACGCATT		CAGTGTTCGGA
		CCCAATTTTA	TGTATACACA	TAAAGGAGCA	AGTACGCATT		CAGTGTTCGGA
		CCCAATTTTA	TGTATACACA	TAAAGGAGCA	AGTACGCATT		CAGTGTTCGGA
		CCCAATTTTA	TGTATACACA	TAAAGGAGCA	AGTACGCATT		CAGTGTTCGGA
		CCCAATTTTA	TGTATACACA	TAAAGGAGCA	AGTACGCATT		CAGTGTTCGGA
		CCCAATTTTA	TGTATACACA	TAAAGGAGCA	AGTACGCATT		CAGTGTTCGGA
		CCCAATTTTA	TGTATACACA	TAAAGGAGCA	AGTACGCATT		CAGTGTTCGGA
Consensus		*****	*****	*****	*****	*****	*****
msa45163.2{240_18RS21}	351	AACCTTGCG	ATCTCTCATT	ATTTTGATGA	AATTTTAACT	400	GGTGTTCGg
		AACCTTGCG	ATCTCTCATT	ATTTTGATGA	AATTTTAACT		GGTGTTCGg
		AACCTTGCG	ATCTCTCATT	ATTTTGATGA	AATTTTAACT		GGTGTTCGg
		AACCTTGCG	ATCTCTCATT	ATTTTGATGA	AATTTTAACT		GGTGTTCGg
		AACCTTGCG	ATCTCTCATT	ATTTTGATGA	AATTTTAACT		GGTGTTCGg
		AACCTTGCG	ATCTCTCATT	ATTTTGATGA	AATTTTAACT		GGTGTTCGg
		AACCTTGCG	ATCTCTCATT	ATTTTGATGA	AATTTTAACT		GGTGTTCGg
		AACCTTGCG	ATCTCTCATT	ATTTTGATGA	AATTTTAACT		GGTGTTCGg
		AACCTTGCG	ATCTCTCATT	ATTTTGATGA	AATTTTAACT		GGTGTTCGg
		AACCTTGCG	ATCTCTCATT	ATTTTGATGA	AATTTTAACT		GGTGTTCGg
Consensus		*****	*****	*****	*****	*****	*****
msa45163.2{240_18RS21}	401	GATTCGAGCG	AAAACCCACAT	CCACAAGGGA	TTAATTATTT	450	AGTTAAACGA
		GATTCGAGCG	AAAACCCACAT	CCACAAGGGA	TTAATTATTT		AGTTAAACGA
		GATTCGAGCG	AAAACCCACAT	CCACAAGGGA	TTAATTATTT		AGTTAAACGA
		GATTCGAGCG	AAAACCCACAT	CCACAAGGGA	TTAATTATTT		AGTTAAACGA
		GATTCGAGCG	AAAACCCACAT	CCACAAGGGA	TTAATTATTT		AGTTAAACGA
		GATTCGAGCG	AAAACCCACAT	CCACAAGGGA	TTAATTATTT		AGTTAAACGA
		GATTCGAGCG	AAAACCCACAT	CCACAAGGGA	TTAATTATTT		AGTTAAACGA
		GATTCGAGCG	AAAACCCACAT	CCACAAGGGA	TTAATTATTT		AGTTAAACGA
		GATTCGAGCG	AAAACCCACAT	CCACAAGGGA	TTAATTATTT		AGTTAAACGA
		GATTCGAGCG	AAAACCCACAT	CCACAAGGGA	TTAATTATTT		AGTTAAACGA
Consensus		*****	*****	*****	*****	*****	*****
msa45163.2{240_18RS21}	451	TATTCCTTTAG	ATAAATCAAT	GACTTATTAC	ATAGGAGATC	500	GTCCaCTAGA
		TATTCCTTTAG	ATAAATCAAT	GACTTATTAC	ATAGGAGATC		GTCCaCTAGA
		TATTCCTTTAG	ATAAATCAAT	GACTTATTAC	ATAGGAGATC		GTCCaCTAGA
		TATTCCTTTAG	ATAAATCAAT	GACTTATTAC	ATAGGAGATC		GTCCaCTAGA
		TATTCCTTTAG	ATAAATCAAT	GACTTATTAC	ATAGGAGATC		GTCCaCTAGA
		TATTCCTTTAG	ATAAATCAAT	GACTTATTAC	ATAGGAGATC		GTCCaCTAGA
		TATTCCTTTAG	ATAAATCAAT	GACTTATTAC	ATAGGAGATC		GTCCaCTAGA
		TATTCCTTTAG	ATAAATCAAT	GACTTATTAC	ATAGGAGATC		GTCCcCTAGA
		TATTCCTTTAG	ATAAATCAAT	GACTTATTAC	ATAGGAGATC		GTCCcCTAGA
		TATTCCTTTAG	ATAAATCAAT	GACTTATTAC	ATAGGAGATC		GTCCcCTAGA
Consensus		*****	*****	*****	*****	*****	*****
msa45163.2{240_18RS21}	501	TTTGGAGGTT	GCTCAAAATG	CTGGTATAAA	ATCCATAAAC	550	TTAAGGTTAG
		TTTGGAGGTT	GCTCAAAATG	CTGGTATAAA	ATCCATAAAC		TTAAGGTTAG
		TTTGGAGGTT	GCTCAAAATG	CTGGTATAAA	ATCCATAAAC		TTAAGGTTAG
		TTTGGAGGTT	GCTCAAAATG	CTGGTATAAA	ATCCATAAAC		TTAAGGTTAG
		TTTGGAGGTT	GCTCAAAATG	CTGGTATAAA	ATCCATAAAC		TTAAGGTTAG
		TTTGGAGGTT	GCTCAAAATG	CTGGTATAAA	ATCCATAAAC		TTAAGGTTAG
		TTTGGAGGTT	GCTCAAAATG	CTGGTATAAA	ATCCATAAAC		TTAAGGTTAG
		TTTGGAGGTT	GCTCAAAATG	CTGGTATAAA	ATCCATAAAC		TTAAGGTTAG
		TTTGGAGGTT	GCTCAAAATG	CTGGTATAAA	ATCCATAAAC		TTAAGGTTAG
		TTTGGAGGTT	GCTCAAAATG	CTGGTATAAA	ATCCATAAAC		TTAAGGTTAG
Consensus		*****	*****	*****	*****	*****	*****
msa45163.2{240_18RS21}	551	AGAAATCCAA	AGAAAACTAT	AATATTTCAA	GTCTCAAaGA	600	TATAATATCA
		AGAAATCCAA	AGAAAACTAT	AATATTTCAA	GTCTCAAaGA		TATAATATCA
		AGAAATCCAA	AGAAAACTAT	AATATTTCAA	GTCTCAAaGA		TATAATATCA
		AGAAATCCAA	AGAAAACTAT	AATATTTCAA	GTCTCAAaGA		TATAATATCA
		AGAAATCCAA	AGAAAACTAT	AATATTTCAA	GTCTCAAaGA		TATAATATCA
		AGAAATCCAA	AGAAAACTAT	AATATTTCAA	GTCTCAAaGA		TATAATATCA
		AGAAATCCAA	AGAAAACTAT	AATATTTCAA	GTCTCAAaGA		TATAATATCA
		AGAAATCCAA	AGAAAACTAT	AATATTTCAA	GTCTCAAaGA		TATAATATCA
		AGAAATCCAA	AGAAAACTAT	AATATTTCAA	GTCTCAAaGA		TATAATATCA
		AGAAATCCAA	AGAAAACTAT	AATATTTCAA	GTCTCAAaGA		TATAATATCA
Consensus		*****	*****	*****	*****	*****	*****

Table 56: Comparative Sequences relating to SAG0806

Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
	601		621		
msa45163.2(240_18RS21)	CTTGATTTC	CTCGTttgga	t		
msa45163.2(240_2603)	CTTGATTTC	CTCGTttgga	t		
msa45163.2(240_A909)	CTTGATTTC	CTCGT-----	-		
msa45163.2(240_H36B)	CTTGATTTC	CTCGTttgga	t		
msa45163.2(240_JM9130013)	CTTGATTTC	CTCGT-----	-		
msa45163.2(240_COH1)	CTTGATTTC	CTCGTttgga	t		
msa45163.2(240_M732)	CTTGATTTC	CTCGTttgga	t		
msa45163.2(240_M781)	CTTGATTTC	CTCGT-----	-		
msa45163.2(240_090)	CTTGATTTC	CTCGT-----	-		
msa45163.2(240_CJB110)	CTTGATTTC	CTCGTt-----	-		
msa45163.2(240_1169NT)	CTTGATTTC	CTCGTttgga	t		
Consensus	*****	*****	-----	-	

## SEQ ID NO. 5612

STRAIN 2603 frame: 1

KKLTFIWDLDGTLIDSYVPIMEALEETRYHFGLIFDKELIHEYILQESVGKLLVNLSEEB  
 QIPHEKLLKAYFTKQESRDSKIHLMPYAKEILEWTKEQDIPNFMYTHKGASTHSVLETLQ  
 ISHYFDEILTGVSGFERKPHPGQGINYLVKRYSLDKSMYYIGDRPLDLEVAQNAGIKSIN  
 LRLENSKENYNISSSKDIIISLDFTRLD

## SEQ ID NO. 5613

STRAIN A909 frame: 1

KKLTFIWDLDGTLIDSYVPIMEALEETRYHFGLIFDKELIHEYILQESVGKLLVNLSEEB  
 QIPHEKLLKAYFTKQESRDSKIHLMPYAKEILEWTKEQDIPNFMYTHKGASTHSVLETLQ  
 ISHYFDEILTGVSGFERKPHPGQGINYLVKRYSLDKSMYYIGDRPLDLEVAQNAGIKSIN  
 LRLENSKENYNISSSKDIIISLDFTR

## SEQ ID NO. 5614

STRAIN H36B frame: 1

KKLTFIWDLDGTLIDSYVPIMEALEETRYHFGLIFDKELIHEYILQESVGKLLVNLSEEB  
 QIPHEKLLKAYFTKQESRDSKIHLMPYAKEILEWTKEQDIPNFMYTHKGASTHSVLETLQ  
 ISHYFDEILTGVSGFERKPHPGQGINYLVKRYSLDKSMYYIGDRPLDLEVAQNAGIKSIN  
 LRLENSKENYNISSSKDIIISLDFTRLD

## SEQ ID NO. 5615

STRAIN 18RS21 frame: 1

KKLTFIWDLDGTLIDSYVPIMEALEETRYHFGLIFDKELIHEYILQESVGKLLVNLSEEB  
 QIPHEKLLKAYFTKQESRDSKIHLMPYAKEILEWTKEQDIPNFMYTHKGASTHSVLETLQ  
 ISHYFDEILTGVSGFERKPHPGQGINYLVKRYSLDKSMYYIGDRPLDLEVAQNAGIKSIN  
 LRLENSKENYNISSSKDIIISLDFTRLD

## SEQ ID NO. 5616

STRAIN M732 frame: 1

KKLTFIWDLDGTLIDSYVPIMEALEETRYHFGLIFDKELIHEYILQESVGQLLVNLSEEB  
 QIPHEKLLKAYFTKQESRDSKIHLMPYAKEILEWTKEQDIPNFMYTHKGASTHSVLETLQ  
 ISHYFDEILTGVSGFERKPHPGQGINYLVKRYSLDKSMYYIGDRPLDLEVAQNAGIKSIN  
 LRLENSKENYNISSSKDIIISLDFTRLD

## SEQ ID NO. 5617

STRAIN COH1 frame: 1

KKLTFIWDLDGTLIDSYVPIMEALEETRYHFGLIFDKELIHEYILQESVGQLLVNLSEEB  
 QIPHEKLLKAYFTKQESRDSKIHLMPYAKEILEWTKEQDIPNFMYTHKGASTHSVLETLQ  
 ISHYFDEILTGVSGFERKPHPGQGINYLVKRYSLDKSMYYIGDRPLDLEVAQNAGIKSIN  
 LRLENSKENYNISSSKDIIISLDFTRLD

## SEQ ID NO. 5618

STRAIN CJB110 frame: 1

KKLTFIWDLDGTLIDSYVPIMEALEETRYHFGLIFDKELIHEYILQESVGQLLVNLSEEB  
 QIPHEKLLKAYFTKQESRDSKIHLMPYAKEILEWTKEQDIPNFMYTHKGASTHSVLETLQ  
 ISHYFDEILTGVSGFERKPHPGQGINYLVKRYSLDKSMYYIGDRPLDLEVAQNAGIKSIN  
 LRLENSKENYNISSSKDIIISLDFTR

## SEQ ID NO. 5619

STRAIN 1169NT frame: 1

KKLTFIWDLDGTLIDSYVPIIBALEETRYHFGLIFDKELIHEYILQESVGKLLVNLSEEB  
 QIPHEKLLKAYFTKQESRDSKIHLMPYAKEILEWTKEQDIPNFMYTHKGASTHSVLETLQ  
 ISHYFDEILTGVSGFERKPHPGQGINYLVKRYSLDKSMYYIGDRPLDLEVAQNAGIKSIN  
 LRLENSKENYNISSSKDIIISLDFTRLD

## SEQ ID NO. 5620

STRAIN JM9130013 frame: 1

KKLTFIWDLDGTLIDSYVPIMEALEETRYHFGLIFDKELIHEYILQESVGKLLVNLSEEB  
 QIPHEKLLKAYFTKQESRDSKIHLMPYAKEILEWTKEQDIPNFMYTHKGASTHSVLETLQ  
 ISHYFDEILTGVSGFERKPHPGQGINYLVKRYSLDKSMYYIGDRPLDLEVAQNAGIKSIN  
 LRLENSKENYNISSSKDIIISLDFTR

## SEQ ID NO. 5621

STRAIN 090 frame: 1

KKLTFIWDLDGTLIDSYVPIMEALEETRYHFGLIFDKELIHEYILQESVGQLLVNLSEEB  
 QIPHEKLLKAYFTKQESRDSKIHLMPYAKEILEWTKEQDIPNFMYTHKGASTHSVLETLQ

Table 56: C mparative Sequences relating to SAG0806

ISHYFDEILTGVSGFERKPHPGQGINYLKRYSLDKSMTYYIGDRPLDLEVAQNAGIKSIN  
LRLNSKENYNISSLKDIISLDFTR

SEQ ID NO. 5622

STRAIN M781 frame: 1

KKLTFIWDLDGTLIDSYVPI MEALEETRYRH FGLIFDKELI HEYILQESVG QLLVNLSEEE  
QIPHEKLKAYFTKEQESRD KIHLMFYAKE ILEWTKEQDI PNFMYTHKGASTHSVLETQ  
ISHYFDEILTGVSGFERKPHPGQGINYLKRYSLDKSMTYYIGDRPLDLEVAQNAGIKSIN  
LRLNSKENYNISSLKDIISLDFTR

PRETTY of: /biotmp/msa45645.2(\*) January 21, 2003 06:57 ..

	1		50
msa45645.2(240_18RS21)	KKLTFIWDLD	GTLIDSYVPI	MEALEETRYH FGLIFDKELI HEYILQESVG
msa45645.2(240_A909)	KKLTFIWDLD	GTLIDSYVPI	MEALEETRYH FGLIFDKELI HEYILQESVG
msa45645.2(240_JM9130013)	KKLTFIWDLD	GTLIDSYVPI	MEALEETRYH FGLIFDKELI HEYILQESVG
msa45645.2(240_2603)	KKLTFIWDLD	GTLIDSYVPI	MEALEETRYH FGLIFDKELI HEYILQESVG
msa45645.2(240_H36B)	KKLTFIWDLD	GTLIDSYVPI	MEALEETRYH FGLIFDKELI HEYILQESVG
msa45645.2(240_090)	KKLTFIWDLD	GTLIDSYVPI	MEALEETRYH FGLIFDKELI HEYILQESVG
msa45645.2(240_CJB110)	KKLTFIWDLD	GTLIDSYVPI	MEALEETRYH FGLIFDKELI HEYILQESVG
msa45645.2(240_M781)	KKLTFIWDLD	GTLIDSYVPI	MEALEETRYH FGLIFDKELI HEYILQESVG
msa45645.2(240_COH1)	KKLTFIWDLD	GTLIDSYVPI	MEALEETRYH FGLIFDKELI HEYILQESVG
msa45645.2(240_M732)	KKLTFIWDLD	GTLIDSYVPI	MEALEETRYH FGLIFDKELI HEYILQESVG
msa45645.2(240_1169NT)	KKLTFIWDLD	GTLIDSYVPI	MEALEETRYH FGLIFDKELI HEYILQESVG
Consensus	*****	*****	*****
	51		100
msa45645.2(240_18RS21)	QLLVNLSEEE	QIPHEKLKAY	FTKEQESRDs KIHLMFYAKE ILEWTKEQDI
msa45645.2(240_A909)	QLLVNLSEEE	QIPHEKLKAY	FTKEQESRDs KIHLMFYAKE ILEWTKEQDI
msa45645.2(240_JM9130013)	QLLVNLSEEE	QIPHEKLKAY	FTKEQESRDs KIHLMFYAKE ILEWTKEQDI
msa45645.2(240_2603)	QLLVNLSEEE	QIPHEKLKAY	FTKEQESRDs KIHLMFYAKE ILEWTKEQDI
msa45645.2(240_H36B)	QLLVNLSEEE	QIPHEKLKAY	FTKEQESRDs KIHLMFYAKE ILEWTKEQDI
msa45645.2(240_090)	QLLVNLSEEE	QIPHEKLKAY	FTKEQESRDs KIHLMFYAKE ILEWTKEQDI
msa45645.2(240_CJB110)	QLLVNLSEEE	QIPHEKLKAY	FTKEQESRDs KIHLMFYAKE ILEWTKEQDI
msa45645.2(240_M781)	QLLVNLSEEE	QIPHEKLKAY	FTKEQESRDs KIHLMFYAKE ILEWTKEQDI
msa45645.2(240_COH1)	QLLVNLSEEE	QIPHEKLKAY	FTKEQESRDs KIHLMFYAKE ILEWTKEQDI
msa45645.2(240_M732)	QLLVNLSEEE	QIPHEKLKAY	FTKEQESRDs KIHLMFYAKE ILEWTKEQDI
msa45645.2(240_1169NT)	QLLVNLSEEE	QIPHEKLKAY	FTKEQESRDs KIHLMFYAKE ILEWTKEQDI
Consensus	*****	*****	*****
	101		150
msa45645.2(240_18RS21)	PNFMYTHKGA	STHSVLETQ	ISHYFDEILT GVSGFERKPH PQGINYLKVR
msa45645.2(240_A909)	PNFMYTHKGA	STHSVLETQ	ISHYFDEILT GVSGFERKPH PQGINYLKVR
msa45645.2(240_JM9130013)	PNFMYTHKGA	STHSVLETQ	ISHYFDEILT GVSGFERKPH PQGINYLKVR
msa45645.2(240_2603)	PNFMYTHKGA	STHSVLETQ	ISHYFDEILT GVSGFERKPH PQGINYLKVR
msa45645.2(240_H36B)	PNFMYTHKGA	STHSVLETQ	ISHYFDEILT GVSGFERKPH PQGINYLKVR
msa45645.2(240_090)	PNFMYTHKGA	STHSVLETQ	ISHYFDEILT GVSGFERKPH PQGINYLKVR
msa45645.2(240_CJB110)	PNFMYTHKGA	STHSVLETQ	ISHYFDEILT GVSGFERKPH PQGINYLKVR
msa45645.2(240_M781)	PNFMYTHKGA	STHSVLETQ	ISHYFDEILT GVSGFERKPH PQGINYLKVR
msa45645.2(240_COH1)	PNFMYTHKGA	STHSVLETQ	ISHYFDEILT GVSGFERKPH PQGINYLKVR
msa45645.2(240_M732)	PNFMYTHKGA	STHSVLETQ	ISHYFDEILT GVSGFERKPH PQGINYLKVR
msa45645.2(240_1169NT)	PNFMYTHKGA	STHSVLETQ	ISHYFDEILT GVSGFERKPH PQGINYLKVR
Consensus	*****	*****	*****
	151		200
msa45645.2(240_18RS21)	YSLDKSMTYY	IGDRPLDLEV	AQNAGIKSIN LRLNSKENY NISSLKDIIS
msa45645.2(240_A909)	YSLDKSMTYY	IGDRPLDLEV	AQNAGIKSIN LRLNSKENY NISSLKDIIS
msa45645.2(240_JM9130013)	YSLDKSMTYY	IGDRPLDLEV	AQNAGIKSIN LRLNSKENY NISSLKDIIS
msa45645.2(240_2603)	YSLDKSMTYY	IGDRPLDLEV	AQNAGIKSIN LRLNSKENY NISSLKDIIS
msa45645.2(240_H36B)	YSLDKSMTYY	IGDRPLDLEV	AQNAGIKSIN LRLNSKENY NISSLKDIIS
msa45645.2(240_090)	YSLDKSMTYY	IGDRPLDLEV	AQNAGIKSIN LRLNSKENY NISSLKDIIS
msa45645.2(240_CJB110)	YSLDKSMTYY	IGDRPLDLEV	AQNAGIKSIN LRLNSKENY NISSLKDIIS
msa45645.2(240_M781)	YSLDKSMTYY	IGDRPLDLEV	AQNAGIKSIN LRLNSKENY NISSLKDIIS
msa45645.2(240_COH1)	YSLDKSMTYY	IGDRPLDLEV	AQNAGIKSIN LRLNSKENY NISSLKDIIS
msa45645.2(240_M732)	YSLDKSMTYY	IGDRPLDLEV	AQNAGIKSIN LRLNSKENY NISSLKDIIS
msa45645.2(240_1169NT)	YSLDKSMTYY	IGDRPLDLEV	AQNAGIKSIN LRLNSKENY NISSLKDIIS
Consensus	*****	*****	*****
	201		
msa45645.2(240_18RS21)	LDFTRLd		
msa45645.2(240_A909)	LDFTRL--		
msa45645.2(240_JM9130013)	LDFTRL--		
msa45645.2(240_2603)	LDFTRLd		
msa45645.2(240_H36B)	LDFTRLd		
msa45645.2(240_090)	LDFTRL--		
msa45645.2(240_CJB110)	LDFTRL--		
msa45645.2(240_M781)	LDFTRL--		
msa45645.2(240_COH1)	LDFTRLd		
msa45645.2(240_M732)	LDFTRLd		
msa45645.2(240_1169NT)	LDFTRLd		
Consensus	*****		

Table 57: Comparative Sequences relating to SAG 1488

SEQ ID NO: 5701

STRAIN 2603

ATGCTTATGACAAAAATAATAGGACTGACAGGAGGGATAGCTTCT  
 GGAAGTCAACGGTAACAAAAATAATACGAGAATCAGGTTTAAAGTCATAGATGCGGAT  
 CAAGTGGTTTATAAATGCAAGCTAAGGGTGGGAACTTTACCAAGCTTTATTAGAAATGG  
 TTGGGTCCCGAGATACTTGATGCTGATGGTGAGTTGGATAGACCAAGCTTTCTCAAATG  
 ATTTTGTCTAATCCAGACAATATGAAGACATCAGCTAGGCTACAAAATAGTATCATTGCT  
 CAAGAGTTAGCATGTGAGCGCGACCAATTAAACAAACAGAAGAGATATTTTCATGGAT  
 ATTCCTTTATTGATTGAAGAAAAGTATATAAAATGGTTTGATGAGATTGGTTGGTATTT  
 GTTGATAAAGAAAAACAATTACAACGATTAAATGGCCCGTAACACTACAGTCGAGAAGAA  
 GCAGAATTACGACTTTACACCAAAATGCCTTTAACAGATAAAAAAAGTTTCGCTAGTCTT  
 ATTATTGACAATAATGGTGATTTAATAACTTTAAAGAGCAAAATATTGGATGCTCTTCAA  
 CGTTTA

SEQ ID NO: 5702

STRAIN 090

AAGTCAACGGTAACAAAAATAATACGAGAATCAG  
 GTTTTAAAGTCATAGATGCGGATCAAGTGGTTTATAAATGCAAGCTAAG  
 GGTGGGAACTTTACCAAGCTTTATTAGAAATGGTTGGGTCCCGAGATACT  
 TGATGCTGATGGTGAGTTGGATAGACCAAGCTTTCTCAAATGATTTTTC  
 CTAATCCAGACAATATGAAGACATCAGCTAGGCTACAAAATAGTATCATT  
 CGTCAAGAGTTAGCATGTGAGCGCGACCAATTAAACAAACAGAAGAGAT  
 ATTTTTCGTGGATATTCTTTATTGATTGAAGAAAAGTATATAAAATGGT  
 TTGATGAGATTGGTTGGTATTTGTTGATAAAGAAAAACAATTACAACGA  
 TTAATGGCCCGTAACAACTACAGTCGAGAAGAAGCAGAATTACGACTTTC  
 ACACCAAAATGCCTTTAACAGATAAAAAAAGTTTCGCTAGTCTTATTATTA  
 ATAATAATGGTGATTTAATAACTTTAAAGAGCAAAATATTGGATGCTCTT  
 CAACGTTTA

SEQ ID NO: 5703

STRAIN A909

AAGTCAACGGTAACAAAAATAATACGAGAATCAG  
 GTTTTAAAGTCATAGATGCGGATCAAGTGGTTTATAAATGCAAGCTAAG  
 GGTGGGAACTTTACCAAGCTTTATTAGAAATGGTTGGGTCCCGAGATACT  
 TGATGCTGATGGTGAGTTGGATAGACCAAGCTTTCTCAAATGATTTTTC  
 CTAATCCAGACAATATGAAGACATCAGCTAGGCTACAAAATAGTATCATT  
 CGTCAAGAGTTAGCATGTGAGCGCGACCAATTAAACAAACAGAAGAGAT  
 ATTTTTCATGGATATTCTTTATTGATTGAAGAAAAGTATATAAAATGGT  
 TTGATGAGATTGGTTGGTATTTGTTGATAAAGAAAAACAATTACAACGA  
 TTAATGGCCCGTAACAACTACAGTCGAGAAGAAGCAGAATTACGACTTTC  
 ACACCAAAATGCCTTTAACAGATAAAAAAAGTTTCGCTAGTCTTATTATTA  
 ACAATAATGGTGATTTAATAACTTTAAAGAGCAAAATATTGGATGCTCTT  
 CAACGTTTA

SEQ ID NO: 5704

STRAIN H36B

AAGTCAACGGTAACAAAAATAATACGAGAATCAGG  
 TTTTAAAGTCATAGATGCGGATCAAGTGGTTTATAAATGCAAGCTAAGG  
 GTGGGAACTTTACCAAGCTTTATTAGAAATGGTTGGGTCCCGAGATACTT  
 GATGCTGATGGTGAGTTGGATAGACCAAGCTTTCTCAAATGATTTTTC  
 TAATCCAGACAATATGAAGACATCAGCTAGGCTACAAAATAGTATCATT  
 GTCAGAGTTAGCATGTGAGCGCGACCAATTAAACAAACAGAAGAGATA  
 TTTTTCATGGATATTCTTTATTGATTGAAGAAAAGTATATAAAATGGT  
 TGATGAGATTGGTTGGTATTTGTTGATAAAGAAAAACAATTACAACGAT  
 TAATGGCCCGTAACAACTACAGTCGAGAAGAAGCAGAATTACGACTTTC  
 CACCAAAATGCCTTTAACAGATAAAAAAAGTTTCGCTAGTCTTATTATTA  
 TAATAATGGTGATTTAATAACTTTAAAGAGCAAAATATTGGATGCTCTTC  
 AACGTTTA

SEQ ID NO: 5705

STRAIN 18RS21

AAGTCAACGGTAACAAAAATAATACGAGAATCAGG  
 TTTTAAAGTCATAGATGCGGATCAAGTGGTTTATAAATGCAAGCTAAGG  
 GTGGGAACTTTACCAAGCTTTATTAGAAATGGTTGGGTCCCGAGATACTT  
 GATGCTGATGGTGAGTTGGATAGACCAAGCTTTCTCAAATGATTTTTC  
 TAATCCAGACAATATGAAGACATCAGCTAGGCTACAAAATAGTATCATT  
 GTCAGAGTTAGCATGTGAGCGCGACCAATTAAACAAACAGAAGAGATA  
 TTTTTCATGGATATTCTTTATTGATTGAAGAAAAGTATATAAAATGGT  
 TGATGAGATTGGTTGGTATTTGTTGATAAAGAAAAACAATTACAACGAT  
 TAATGGCCCGTAACAACTACAGTCGAGAAGAAGCAGAATTACGACTTTC  
 CACCAAAATGCCTTTAACAGATAAAAAAAGTTTCGCTAGTCTTATTATTA  
 CAATAATGGTGATTTAATAACTTTAAAGAGCAAAATATTGGATGCTCTTC  
 AACGTTTA

SEQ ID NO: 5706

STRAIN M732

AAGTCAACGGTAACAAAAATAATACGAGAATCAGGTT  
 TTAAGTCATAGATGCGGATCAAGTGGTTTATAAATGCAAGCTAAGGGT  
 GGGGAACTTTACCAAGCTTTATTAGAAATGGTTGGGTCCCGAGATACTTGA  
 TGCTGATGGTGAGTTGGATAGACCAAGCTTTCTCAAATGATTTTTCGTA  
 ATCCAGACAATATGAAGACATCAGCTAGGCTACAAAATAGTATCATTGCT  
 CAAGAGTTAGCATGTGAGCGCGACCAATTAAACAAACAGAAGAGATATT



Table 57: Comparative Sequences relating to SAG 1488

TTTCATGGATATTCTTTATTGATTGAAGAAAAGTATAATAAATGGTTTG  
ATGAGATTTGGTTGGTATTGTTGATAAAGAAAAACAATTACACGATTA  
ATGGCCCGTAACAACTACAGTCGAGAGAAGCAGAATTACGACTTTCACA  
CCAAATGCCCTTTAACAGATAAAAAAAGTTTCGCTAGTCTTATTATTGACA  
ATAATGGTGATTTAATAACTTTAAAAGAGCAAATATTGGATGCTCTTCAA  
CGTTTA

SEQ ID NO: 5707

STRAIN COH1

AAGTCAACGGTAACAAAAATAATACGAGAATCAGGT  
TTTAAAGTCATAGATGCGGATCAAGTGGTTCATAAATTGCAAGCTAAGGG  
TGGAAGAACTTTACCAAGCTTTATTAGAATGGTTGGGTCCCGAGATACTTG  
ATGCTGATGGTGAGTTGGATAGACCAAAGCTTTCTCAAATGATTTTGTCT  
AATCCAGACAATATGAAGACATCAGCTAGGCTACAAAATAGTATCATTCTG  
TCAAGAGTTAGCATGTGAGCGCGACCAATTAAAAACAAACAGAAGAGATAT  
TTTTCATGGATATTCTTTATTGATTGAAGAAAAGTATATAAATGGTTT  
GATGAGATTTGGTTGGTATTGTTGATAAAGAAAAACAATTACACGATTT  
AATGGCCCGTAACTACAGTCGAGAAGAAGCAGAATTACGACTTTCAC  
ACCAAATGCCCTTTAACAGATAAAAAAAGTTTCGCTAGTCTTATTATTGAC  
AATAATGGTGATTTAATAACTTTAAAAGAGCAAATATTGGATGCTCTTCA  
ACGTTTA

SEQ ID NO: 5708

STRAIN M781

AAGTCAACGGTAACAAAAATAATACGAGAATCAGG  
TTTTAAAGTCATAGATGCGGATCAAGTGGTTCATAAATTGCAAGCTAAGG  
GTGGGAACTTTACCAAGCTTTATTAGAATGGTTGGGTCCCGAGATACTT  
GATGCTGATGGTGAGTTGGATAGACCAAAGCTTTCTCAAATGATTTTGTCT  
TAATCCAGACAATATGAAGACATCAGCTAGGCTACAAAATAGTATCATTCT  
GTCAAGAGTTAGCATGTGAGCGCGACCAATTAAAAACAAACAGAAGAGATA  
TTTTTCATGGATATTCTTTATTGATTGAAGAAAAGTATATAAATGGTTT  
TGATGAGATTTGGTTGGTATTGTTGATAAAGAAAAACAATTACACGAT  
TAATGGCCCGTAACAACTACAGTCGAGAAGAAGCAGAATTACGACTTTCAC  
CAACAAATGCCCTTTAACAGATAAAAAAAGTTTCGCTAGTCTTATTATTGA  
CAATAATGGTGATTTAATAACTTTAAAAGAGCAAATATTGGATGCTCTTCA  
AACGTTTA

SEQ ID NO: 5709

STRAIN CJB110

AAGTCAACGGTAACAAAAATAATACGAGAA  
TCAGGTTTAAAGTCATAGATGCGGATCAAGTGGTTCATAAATTGCAAGC  
TAAGGGTGGGAACTTTACCAAGCTTTATTAGAATGGTTGGGTCCCGAGA  
TACTTGATGCTGATGGTGAGTTGGATAGACCAAAGCTTTCTCAAATGATT  
TTTGCTAATCCAGACAATATGAAGACATCAGCTAGGCTACAAAATAGTAT  
CATTCGTCAGAGTTAGCATGTGAGCGCGACCAATTAAAAACAAACAGAAG  
AGATATTTTTCGTGGATATTCTTTATTGATTGAAGAAAAGTATATAAAA  
TGTTTGTATGAGATTTGGTTGGTATTGTTGATAAAGAAAAACAATTACA  
ACGATTAAATGGCCCGTAACTACAGTCGAGAAGAAGCAGAATTACGAC  
TTTCACACCAAATGCCCTTTAACAGATAAAAAAAGTTTCGCTAGTCTTATT  
ATTAAATAATGGTGATTTAATAACTTTAAAAGAGCAAATATTGGATGCT  
CTTCAACGTTTA

SEQ ID NO: 5710

STRAIN 1169NT

AAGTCAACGGTAACAAAAATAATACGAGAATCAGG  
TTTTAAAGTCATAGATGCGGATCAAGTGGTTCATAAATTGCAAGCTAAGG  
GTGGGAACTTTACCAAGCTTTATTAGAATGGTTGGGTCCCGAGATACTT  
GATGCTGATGGTGAGTTGGATAGACCAAAGCTTTCTCAAATGATTTTGTCT  
TAATCCAGACAATATGAAGACATCAGCTAGGCTACAAAATAGTATCATTCT  
GTCAAGAGTTAGCATGTGAGCGCGACCAATTAAAAACAAACAGAAGAGATA  
TTTTTCATGGATATTCTTTATTGATTGAAGAAAAGTATATAAATGGTTT  
TGATGAGATTTGGTTGGTATTGTTGATAAAGAAAAACAATTACACGAT  
TAATGGCCCGTAACAACTACAGTCGAGAAGAAGCAGAATTACGACTTTCAC  
CAACAAATACCTTTAACAGATAAAAAAAGTTTCGCTAGTCTTATTATTGA  
TAATAATGGTGATTTAATAACTTTAAAAGAGCAAATATTGGATGCTCTTCA  
AACGTTTA

SEQ ID NO: 5711

STRAIN JM9130013

AAGTCAACGGTAACAAAAATAATACGAGAATCAGGT  
TTTTAAAGTCATAGATGCGGATCAAGTGGTTCATAAATTGCAAGCTAAGG  
TGGAAGAACTTTACCAAGCTTTATTAGAATGGTTGGGTCCCGAGATACTTG  
ATGCTGATGGTGAGTTGGATAGACCAAAGCTTTCTCAAATGATTTTGTCT  
AATCCAGACAATATGAAGACATCAGCTAGGCTACAAAATAGTATCATTCTG  
TCAAGAGTTAGCATGTGAGCGCGACCAATTAAAAACAAACAGAAGAGATAT  
TTTTCATGGATATTCTTTATTGATTGAAGAAAAGTATATAAATGGTTT  
GATGAGATTTGGTTGGTATTGTTGATAAAGAAAAACAATTACACGATTT  
AATGGCCCGTAACAACTACAGTCGAGAAGAAGCAGAATTACGACTTTCAC  
ACCAAATACCTTTAACAGATAAAAAAAGTTTCGCTAGTCTTATTATTGAT  
AATAATGGTGATTTAATAACTTTAAAAGAGCAAATATTGGATGCTCTTCA  
ACGTTTA

Table 57: Comparative Sequences relating to SAG 1488

PRETTY of: /biotmp/msa221059.2{\*} February 10, 2003 07:07 ..

```

1                                     50
msa221059.2{245_H36B} -----AA
msa221059.2{245_JM9130013} -----AA
msa221059.2{245_1169NT} -----AA
msa221059.2{245_090} -----AA
msa221059.2{245_CJB110} -----AA
msa221059.2{245_18RS21} -----AA
msa221059.2{245_2603} atgcttatga caaaaataat aggactgaca ggagggatag cttctggaaa
msa221059.2{245_A909} -----AA
msa221059.2{245_COH1} -----AA
msa221059.2{245_M732} -----AA
msa221059.2{245_M781} -----AA
Consensus *****

51                                     100
msa221059.2{245_H36B} GTCAACGGTA ACAAATAA TACGAGAATC AGGTTTAA GTCATAGATG
msa221059.2{245_JM9130013} GTCAACGGTA ACAAATAA TACGAGAATC AGGTTTAA GTCATAGATG
msa221059.2{245_1169NT} GTCAACGGTA ACAAATAA TACGAGAATC AGGTTTAA GTCATAGATG
msa221059.2{245_090} GTCAACGGTA ACAAATAA TACGAGAATC AGGTTTAA GTCATAGATG
msa221059.2{245_CJB110} GTCAACGGTA ACAAATAA TACGAGAATC AGGTTTAA GTCATAGATG
msa221059.2{245_18RS21} GTCAACGGTA ACAAATAA TACGAGAATC AGGTTTAA GTCATAGATG
msa221059.2{245_2603} GTCAACGGTA ACAAATAA TACGAGAATC AGGTTTAA GTCATAGATG
msa221059.2{245_A909} GTCAACGGTA ACAAATAA TACGAGAATC AGGTTTAA GTCATAGATG
msa221059.2{245_COH1} GTCAACGGTA ACAAATAA TACGAGAATC AGGTTTAA GTCATAGATG
msa221059.2{245_M732} GTCAACGGTA ACAAATAA TACGAGAATC AGGTTTAA GTCATAGATG
msa221059.2{245_M781} GTCAACGGTA ACAAATAA TACGAGAATC AGGTTTAA GTCATAGATG
Consensus *****

101                                    150
msa221059.2{245_H36B} CGGATCAAGT GGTTCATAAA TTGCAAGCTA AGGGTGGGAA ACTTTACCAA
msa221059.2{245_JM9130013} CGGATCAAGT GGTTCATAAA TTGCAAGCTA AGGGTGGGAA ACTTTACCAA
msa221059.2{245_1169NT} CGGATCAAGT GGTTCATAAA TTGCAAGCTA AGGGTGGGAA ACTTTACCAA
msa221059.2{245_090} CGGATCAAGT GGTTCATAAA TTGCAAGCTA AGGGTGGGAA ACTTTACCAA
msa221059.2{245_CJB110} CGGATCAAGT GGTTCATAAA TTGCAAGCTA AGGGTGGGAA ACTTTACCAA
msa221059.2{245_18RS21} CGGATCAAGT GGTTCATAAA TTGCAAGCTA AGGGTGGGAA ACTTTACCAA
msa221059.2{245_2603} CGGATCAAGT GGTTCATAAA TTGCAAGCTA AGGGTGGGAA ACTTTACCAA
msa221059.2{245_A909} CGGATCAAGT GGTTCATAAA TTGCAAGCTA AGGGTGGGAA ACTTTACCAA
msa221059.2{245_COH1} CGGATCAAGT GGTTCATAAA TTGCAAGCTA AGGGTGGGAA ACTTTACCAA
msa221059.2{245_M732} CGGATCAAGT GGTTCATAAA TTGCAAGCTA AGGGTGGGAA ACTTTACCAA
msa221059.2{245_M781} CGGATCAAGT GGTTCATAAA TTGCAAGCTA AGGGTGGGAA ACTTTACCAA
Consensus *****

151                                    200
msa221059.2{245_H36B} GCTTTATTAG AATGGTTGGG TCCCGAGATA CTTGATGCTG ATGGTGAGTT
msa221059.2{245_JM9130013} GCTTTATTAG AATGGTTGGG TCCCGAGATA CTTGATGCTG ATGGTGAGTT
msa221059.2{245_1169NT} GCTTTATTAG AATGGTTGGG TCCCGAGATA CTTGATGCTG ATGGTGAGTT
msa221059.2{245_090} GCTTTATTAG AATGGTTGGG TCCCGAGATA CTTGATGCTG ATGGTGAGTT
msa221059.2{245_CJB110} GCTTTATTAG AATGGTTGGG TCCCGAGATA CTTGATGCTG ATGGTGAGTT
msa221059.2{245_18RS21} GCTTTATTAG AATGGTTGGG TCCCGAGATA CTTGATGCTG ATGGTGAGTT
msa221059.2{245_2603} GCTTTATTAG AATGGTTGGG TCCCGAGATA CTTGATGCTG ATGGTGAGTT
msa221059.2{245_A909} GCTTTATTAG AATGGTTGGG TCCCGAGATA CTTGATGCTG ATGGTGAGTT
msa221059.2{245_COH1} GCTTTATTAG AATGGTTGGG TCCCGAGATA CTTGATGCTG ATGGTGAGTT
msa221059.2{245_M732} GCTTTATTAG AATGGTTGGG TCCCGAGATA CTTGATGCTG ATGGTGAGTT
msa221059.2{245_M781} GCTTTATTAG AATGGTTGGG TCCCGAGATA CTTGATGCTG ATGGTGAGTT
Consensus *****

201                                    250
msa221059.2{245_H36B} GGATAGACCA AAGCTTTCTC AAATGATTTT TGCTAATCCA GACAATATGA
msa221059.2{245_JM9130013} GGATAGACCA AAGCTTTCTC AAATGATTTT TGCTAATCCA GACAATATGA
msa221059.2{245_1169NT} GGATAGACCA AAGCTTTCTC AAATGATTTT TGCTAATCCA GACAATATGA
msa221059.2{245_090} GGATAGACCA AAGCTTTCTC AAATGATTTT TGCTAATCCA GACAATATGA
msa221059.2{245_CJB110} GGATAGACCA AAGCTTTCTC AAATGATTTT TGCTAATCCA GACAATATGA
msa221059.2{245_18RS21} GGATAGACCA AAGCTTTCTC AAATGATTTT TGCTAATCCA GACAATATGA
msa221059.2{245_2603} GGATAGACCA AAGCTTTCTC AAATGATTTT TGCTAATCCA GACAATATGA
msa221059.2{245_A909} GGATAGACCA AAGCTTTCTC AAATGATTTT TGCTAATCCA GACAATATGA
msa221059.2{245_COH1} GGATAGACCA AAGCTTTCTC AAATGATTTT TGCTAATCCA GACAATATGA
msa221059.2{245_M732} GGATAGACCA AAGCTTTCTC AAATGATTTT TGCTAATCCA GACAATATGA
msa221059.2{245_M781} GGATAGACCA AAGCTTTCTC AAATGATTTT TGCTAATCCA GACAATATGA
Consensus *****

251                                    300
msa221059.2{245_H36B} AGACATCAGC TAGGCTACAA AATAGTATCA TTCGTCAAGA GTTAGCATGT
msa221059.2{245_JM9130013} AGACATCAGC TAGGCTACAA AATAGTATCA TTCGTCAAGA GTTAGCATGT
msa221059.2{245_1169NT} AGACATCAGC TAGGCTACAA AATAGTATCA TTCGTCAAGA GTTAGCATGT
msa221059.2{245_090} AGACATCAGC TAGGCTACAA AATAGTATCA TTCGTCAAGA GTTAGCATGT
msa221059.2{245_CJB110} AGACATCAGC TAGGCTACAA AATAGTATCA TTCGTCAAGA GTTAGCATGT
msa221059.2{245_18RS21} AGACATCAGC TAGGCTACAA AATAGTATCA TTCGTCAAGA GTTAGCATGT
msa221059.2{245_2603} AGACATCAGC TAGGCTACAA AATAGTATCA TTCGTCAAGA GTTAGCATGT
msa221059.2{245_A909} AGACATCAGC TAGGCTACAA AATAGTATCA TTCGTCAAGA GTTAGCATGT
msa221059.2{245_COH1} AGACATCAGC TAGGCTACAA AATAGTATCA TTCGTCAAGA GTTAGCATGT
msa221059.2{245_M732} AGACATCAGC TAGGCTACAA AATAGTATCA TTCGTCAAGA GTTAGCATGT

```

Table 57: Comparative Sequences relating to SAG 1488

msa221059.2{245_M781}	AGACATCAGC	TAGGCTACAA	AATAGTATCA	TTCGTCAAGA	GTTAGCATGT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa221059.2{245_H36B}	CAGCGCGACC	AATTAACAA	AACAGAAGAG	ATATTTTTCa	TGGATATTCC
msa221059.2{245_JM9130013}	CAGCGCGACC	AATTAACAA	AACAGAAGAG	ATATTTTTCa	TGGATATTCC
msa221059.2{245_1169NT}	CAGCGCGACC	AATTAACAA	AACAGAAGAG	ATATTTTTCa	TGGATATTCC
msa221059.2{245_090}	CAGCGCGACC	AATTAACAA	AACAGAAGAG	ATATTTTTCg	TGGATATTCC
msa221059.2{245_CJB110}	CAGCGCGACC	AATTAACAA	AACAGAAGAG	ATATTTTTCg	TGGATATTCC
msa221059.2{245_18RS21}	CAGCGCGACC	AATTAACAA	AACAGAAGAG	ATATTTTTCa	TGGATATTCC
msa221059.2{245_2603}	CAGCGCGACC	AATTAACAA	AACAGAAGAG	ATATTTTTCa	TGGATATTCC
msa221059.2{245_A909}	CAGCGCGACC	AATTAACAA	AACAGAAGAG	ATATTTTTCa	TGGATATTCC
msa221059.2{245_COH1}	CAGCGCGACC	AATTAACAA	AACAGAAGAG	ATATTTTTCa	TGGATATTCC
msa221059.2{245_M732}	CAGCGCGACC	AATTAACAA	AACAGAAGAG	ATATTTTTCa	TGGATATTCC
msa221059.2{245_M781}	CAGCGCGACC	AATTAACAA	AACAGAAGAG	ATATTTTTCa	TGGATATTCC
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa221059.2{245_H36B}	TTTATTGATT	GAAGAAAAGT	ATATAAAATG	GTTTGATGAG	ATTGGTTGG
msa221059.2{245_JM9130013}	TTTATTGATT	GAAGAAAAGT	ATATAAAATG	GTTTGATGAG	ATTGGTTGG
msa221059.2{245_1169NT}	TTTATTGATT	GAAGAAAAGT	ATATAAAATG	GTTTGATGAG	ATTGGTTGG
msa221059.2{245_090}	TTTATTGATT	GAAGAAAAGT	ATATAAAATG	GTTTGATGAG	ATTGGTTGG
msa221059.2{245_CJB110}	TTTATTGATT	GAAGAAAAGT	ATATAAAATG	GTTTGATGAG	ATTGGTTGG
msa221059.2{245_18RS21}	TTTATTGATT	GAAGAAAAGT	ATATAAAATG	GTTTGATGAG	ATTGGTTGG
msa221059.2{245_2603}	TTTATTGATT	GAAGAAAAGT	ATATAAAATG	GTTTGATGAG	ATTGGTTGG
msa221059.2{245_A909}	TTTATTGATT	GAAGAAAAGT	ATATAAAATG	GTTTGATGAG	ATTGGTTGG
msa221059.2{245_COH1}	TTTATTGATT	GAAGAAAAGT	ATATAAAATG	GTTTGATGAG	ATTGGTTGG
msa221059.2{245_M732}	TTTATTGATT	GAAGAAAAGT	ATATAAAATG	GTTTGATGAG	ATTGGTTGG
msa221059.2{245_M781}	TTTATTGATT	GAAGAAAAGT	ATATAAAATG	GTTTGATGAG	ATTGGTTGG
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa221059.2{245_H36B}	TATTTGTTGA	TAAAGAAAAA	CAATTACAAC	GATTAATGGC	CCGTAACAAC
msa221059.2{245_JM9130013}	TATTTGTTGA	TAAAGAAAAA	CAATTACAAC	GATTAATGGC	CCGTAACAAC
msa221059.2{245_1169NT}	TATTTGTTGA	TAAAGAAAAA	CAATTACAAC	GATTAATGGC	CCGTAACAAC
msa221059.2{245_090}	TATTTGTTGA	TAAAGAAAAA	CAATTACAAC	GATTAATGGC	CCGTAACAAC
msa221059.2{245_CJB110}	TATTTGTTGA	TAAAGAAAAA	CAATTACAAC	GATTAATGGC	CCGTAACAAC
msa221059.2{245_18RS21}	TATTTGTTGA	TAAAGAAAAA	CAATTACAAC	GATTAATGGC	CCGTAACAAC
msa221059.2{245_2603}	TATTTGTTGA	TAAAGAAAAA	CAATTACAAC	GATTAATGGC	CCGTAACAAC
msa221059.2{245_A909}	TATTTGTTGA	TAAAGAAAAA	CAATTACAAC	GATTAATGGC	CCGTAACAAC
msa221059.2{245_COH1}	TATTTGTTGA	TAAAGAAAAA	CAATTACAAC	GATTAATGGC	CCGTAACAAC
msa221059.2{245_M732}	TATTTGTTGA	TAAAGAAAAA	CAATTACAAC	GATTAATGGC	CCGTAACAAC
msa221059.2{245_M781}	TATTTGTTGA	TAAAGAAAAA	CAATTACAAC	GATTAATGGC	CCGTAACAAC
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa221059.2{245_H36B}	TACAGTCGAG	AAGAAGCgGA	ATTACGACTT	TCACACCAA	TaCCTTTAAC
msa221059.2{245_JM9130013}	TACAGTCGAG	AAGAAGCgGA	ATTACGACTT	TCACACCAA	TaCCTTTAAC
msa221059.2{245_1169NT}	TACAGTCGAG	AAGAAGCgGA	ATTACGACTT	TCACACCAA	TaCCTTTAAC
msa221059.2{245_090}	TACAGTCGAG	AAGAAGCgGA	ATTACGACTT	TCACACCAA	TgCCTTTAAC
msa221059.2{245_CJB110}	TACAGTCGAG	AAGAAGCgGA	ATTACGACTT	TCACACCAA	TgCCTTTAAC
msa221059.2{245_18RS21}	TACAGTCGAG	AAGAAGCgGA	ATTACGACTT	TCACACCAA	TgCCTTTAAC
msa221059.2{245_2603}	TACAGTCGAG	AAGAAGCgGA	ATTACGACTT	TCACACCAA	TgCCTTTAAC
msa221059.2{245_A909}	TACAGTCGAG	AAGAAGCgGA	ATTACGACTT	TCACACCAA	TgCCTTTAAC
msa221059.2{245_COH1}	TACAGTCGAG	AAGAAGCgGA	ATTACGACTT	TCACACCAA	TgCCTTTAAC
msa221059.2{245_M732}	TACAGTCGAG	AAGAAGCgGA	ATTACGACTT	TCACACCAA	TgCCTTTAAC
msa221059.2{245_M781}	TACAGTCGAG	AAGAAGCgGA	ATTACGACTT	TCACACCAA	TgCCTTTAAC
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa221059.2{245_H36B}	AGATAAAAAA	AGTTTCGCTA	GTCCTATTAT	TgAcAATAAT	GGTGATTTAA
msa221059.2{245_JM9130013}	AGATAAAAAA	AGTTTCGCTA	GTCCTATTAT	TgAcAATAAT	GGTGATTTAA
msa221059.2{245_1169NT}	AGATAAAAAA	AGTTTCGCTA	GTCCTATTAT	TgAcAATAAT	GGTGATTTAA
msa221059.2{245_090}	AGATAAAAAA	AGTTTCGCTA	GTCCTATTAT	TaAcAATAAT	GGTGATTTAA
msa221059.2{245_CJB110}	AGATAAAAAA	AGTTTCGCTA	GTCCTATTAT	TgAcAATAAT	GGTGATTTAA
msa221059.2{245_18RS21}	AGATAAAAAA	AGTTTCGCTA	GTCCTATTAT	TgAcAATAAT	GGTGATTTAA
msa221059.2{245_2603}	AGATAAAAAA	AGTTTCGCTA	GTCCTATTAT	TgAcAATAAT	GGTGATTTAA
msa221059.2{245_A909}	AGATAAAAAA	AGTTTCGCTA	GTCCTATTAT	TgAcAATAAT	GGTGATTTAA
msa221059.2{245_COH1}	AGATAAAAAA	AGTTTCGCTA	GTCCTATTAT	TgAcAATAAT	GGTGATTTAA
msa221059.2{245_M732}	AGATAAAAAA	AGTTTCGCTA	GTCCTATTAT	TgAcAATAAT	GGTGATTTAA
msa221059.2{245_M781}	AGATAAAAAA	AGTTTCGCTA	GTCCTATTAT	TgAcAATAAT	GGTGATTTAA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa221059.2{245_H36B}	TAACCTTTAA	AGAGCAAATg	TTGGATGCTC	TTCAACGTTT	A
msa221059.2{245_JM9130013}	TAACCTTTAA	AGAGCAAATg	TTGGATGCTC	TTCAACGTTT	A
msa221059.2{245_1169NT}	TAACCTTTAA	AGAGCAAATg	TTGGATGCTC	TTCAACGTTT	A
msa221059.2{245_090}	TAACCTTTAA	AGAGCAAATa	TTGGATGCTC	TTCAACGTTT	A
msa221059.2{245_CJB110}	TAACCTTTAA	AGAGCAAATa	TTGGATGCTC	TTCAACGTTT	A
msa221059.2{245_18RS21}	TAACCTTTAA	AGAGCAAATa	TTGGATGCTC	TTCAACGTTT	A
msa221059.2{245_2603}	TAACCTTTAA	AGAGCAAATa	TTGGATGCTC	TTCAACGTTT	A
msa221059.2{245_A909}	TAACCTTTAA	AGAGCAAATa	TTGGATGCTC	TTCAACGTTT	A
msa221059.2{245_COH1}	TAACCTTTAA	AGAGCAAATa	TTGGATGCTC	TTCAACGTTT	A

Table 57: Comparative Sequences relating to SAG 1488

msa221059.2{245_M732}	TAAC TT TAAA	AGAGCAAATa	TTGGATGCTC	TTCAACGTTT	A
msa221059.2{245_M781}	TAAC TT TAAA	AGAGCAAATa	TTGGATGCTC	TTCAACGTTT	A
Consensus	*****	*****	*****	*****	*

## SEQ ID NO: 5712

STRAIN 2603 frame: 1

MLMTKI IGLTGGIASGKSTVTIKI IRESGFKVIDADQVVHKLQAKGGKLYQALLEWLGPET  
LDADGELDRPKLSQMI FANPDNMKTSARLQNSI I RQELACQDQLKQTEBIFFMIDIPLLI  
EEKYIKWFDEIWLVPV DKEKQLQRLMARNNYSREAEELRLSHQMPPLTDKKS FASLI IDNN  
GDLITLKEQILDALQRL

## SEQ ID NO: 5713

STRAIN 090 frame: 1

KSTVTIKI IRESGFKVIDADQVVHKLQAKGGKLYQALLEWLGPETLDADGELDRPKLSQMI  
FANPDNMKTSARLQNSI I RQELACQDQLKQTEBIFFMIDIPLLI EEKYIKWFDEIWLVPV  
DKEKQLQRLMARNNYSREAEELRLSHQMPPLTDKKS FASLI INNNGDLITLKEQILDALQRL

## SEQ ID NO: 5714

STRAIN A909 frame: 1

KSTVTIKI IRESGFKVIDADQVVHKLQAKGGKLYQALLEWLGPETLDADGELDRPKLSQMI  
FANPDNMKTSARLQNSI I RQELACQDQLKQTEBIFFMIDIPLLI EEKYIKWFDEIWLVPV  
DKEKQLQRLMARNNYSREAEELRLSHQMPPLTDKKS FASLI IDNNNGDLITLKEQILDALQRL

## SEQ ID NO: 5715

STRAIN H36B frame: 1

KSTVTIKI IRESGFKVIDADQVVHKLQAKGGKLYQALLEWLGPETLDADGELDRPKLSQMI  
FANPDNMKTSARLQNSI I RQELACQDQLKQTEBIFFMIDIPLLI EEKYIKWFDEIWLVPV  
DKEKQLQRLMARNNYSREAEELRLSHQIPLTDKKS FASLI IDNNNGDLITLKEQMLDALQRL

## SEQ ID NO: 5716

STRAIN 18RS21 frame: 1

KSTVTIKI IRESGFKVIDADQVVHKLQAKGGKLYQALLEWLGPETLDADGELDRPKLSQMI  
FANPDNMKTSARLQNSI I RQELACQDQLKQTEBIFFMIDIPLLI EEKYIKWFDEIWLVPV  
DKEKQLQRLMARNNYSREAEELRLSHQMPPLTDKKS FASLI IDNNNGDLITLKEQILDALQRL

## SEQ ID NO: 5717

STRAIN M732 frame: 1

KSTVTIKI IRESGFKVIDADQVVHKLQAKGGKLYQALLEWLGPETLDADGELDRPKLSQMI  
FANPDNMKTSARLQNSI I RQELACQDQLKQTEBIFFMIDIPLLI EEKYIKWFDEIWLVPV  
DKEKQLQRLMARNNYSREAEELRLSHQMPPLTDKKS FASLI IDNNNGDLITLKEQILDALQRL

## SEQ ID NO: 5718

STRAIN COH1 frame: 1

KSTVTIKI IRESGFKVIDADQVVHKLQAKGGKLYQALLEWLGPETLDADGELDRPKLSQMI  
FANPDNMKTSARLQNSI I RQELACQDQLKQTEBIFFMIDIPLLI EEKYIKWFDEIWLVPV  
DKEKQLQRLMARNNYSREAEELRLSHQMPPLTDKKS FASLI IDNNNGDLITLKEQILDALQRL

## SEQ ID NO: 5719

STRAIN M781 frame: 1

KSTVTIKI IRESGFKVIDADQVVHKLQAKGGKLYQALLEWLGPETLDADGELDRPKLSQMI  
FANPDNMKTSARLQNSI I RQELACQDQLKQTEBIFFMIDIPLLI EEKYIKWFDEIWLVPV  
DKEKQLQRLMARNNYSREAEELRLSHQMPPLTDKKS FASLI IDNNNGDLITLKEQILDALQRL

## SEQ ID NO: 5720

STRAIN CJB110 frame: 1

KSTVTIKI IRESGFKVIDADQVVHKLQAKGGKLYQALLEWLGPETLDADGELDRPKLSQMI  
FANPDNMKTSARLQNSI I RQELACQDQLKQTEBIFFMIDIPLLI EEKYIKWFDEIWLVPV  
DKEKQLQRLMARNNYSREAEELRLSHQMPPLTDKKS FASLI INNNGDLITLKEQILDALQRL

## SEQ ID NO: 5721

STRAIN 1169NT frame: 1

KSTVTIKI IRESGFKVIDADQVVHKLQAKGGKLYQALLEWLGPETLDADGELDRPKLSQMI  
FANPDNMKTSARLQNSI I RQELACQDQLKQTEBIFFMIDIPLLI EEKYIKWFDEIWLVPV  
DKEKQLQRLMARNNYSREAEELRLSHQIPLTDKKS FASLI IDNNNGDLITLKEQMLDALQRL

## SEQ ID NO: 5722

STRAIN JM9130013 frame: 1

KSTVTIKI IRESGFKVIDADQVVHKLQAKGGKLYQALLEWLGPETLDADGELDRPKLSQMI  
FANPDNMKTSARLQNSI I RQELACQDQLKQTEBIFFMIDIPLLI EEKYIKWFDEIWLVPV  
DKEKQLQRLMARNNYSREAEELRLSHQIPLTDKKS FASLI IDNNNGDLITLKEQMLDALQRL

Table 57: Comparative Sequences relating to SAG 1488

PRETTY of: /biotmp/msa221398.2(\*) February 10, 2003 07:15 ..

```

1                                     50
msa221398.2{245_090} -----KSTV TKIIRESGFK VIDADQVVHK LQAKGGKLYQ
msa221398.2{245_CJB110} -----KSTV TKIIRESGFK VIDADQVVHK LQAKGGKLYQ
msa221398.2{245_1169NT} -----KSTV TKIIRESGFK VIDADQVVHK LQAKGGKLYQ
msa221398.2{245_H36B} -----KSTV TKIIRESGFK VIDADQVVHK LQAKGGKLYQ
msa221398.2{245_JM9130013} -----KSTV TKIIRESGFK VIDADQVVHK LQAKGGKLYQ
msa221398.2{245_18RS21} -----KSTV TKIIRESGFK VIDADQVVHK LQAKGGKLYQ
msa221398.2{245_2603} mlmtkiiglt ggiasgKSTV TKIIRESGFK VIDADQVVHK LQAKGGKLYQ
msa221398.2{245_A909} -----KSTV TKIIRESGFK VIDADQVVHK LQAKGGKLYQ
msa221398.2{245_COH1} -----KSTV TKIIRESGFK VIDADQVVHK LQAKGGKLYQ
msa221398.2{245_M732} -----KSTV TKIIRESGFK VIDADQVVHK LQAKGGKLYQ
msa221398.2{245_M781} -----KSTV TKIIRESGFK VIDADQVVHK LQAKGGKLYQ
Consensus *****

51                                     100
msa221398.2{245_090} ALLEWLGPFI LDADGELDRP KLSQMIFANP DNMKTSARLQ NSIIRQELAC
msa221398.2{245_CJB110} ALLEWLGPFI LDADGELDRP KLSQMIFANP DNMKTSARLQ NSIIRQELAC
msa221398.2{245_1169NT} ALLEWLGPFI LDADGELDRP KLSQMIFANP DNMKTSARLQ NSIIRQELAC
msa221398.2{245_H36B} ALLEWLGPFI LDADGELDRP KLSQMIFANP DNMKTSARLQ NSIIRQELAC
msa221398.2{245_JM9130013} ALLEWLGPFI LDADGELDRP KLSQMIFANP DNMKTSARLQ NSIIRQELAC
msa221398.2{245_18RS21} ALLEWLGPFI LDADGELDRP KLSQMIFANP DNMKTSARLQ NSIIRQELAC
msa221398.2{245_2603} ALLEWLGPFI LDADGELDRP KLSQMIFANP DNMKTSARLQ NSIIRQELAC
msa221398.2{245_A909} ALLEWLGPFI LDADGELDRP KLSQMIFANP DNMKTSARLQ NSIIRQELAC
msa221398.2{245_COH1} ALLEWLGPFI LDADGELDRP KLSQMIFANP DNMKTSARLQ NSIIRQELAC
msa221398.2{245_M732} ALLEWLGPFI LDADGELDRP KLSQMIFANP DNMKTSARLQ NSIIRQELAC
msa221398.2{245_M781} ALLEWLGPFI LDADGELDRP KLSQMIFANP DNMKTSARLQ NSIIRQELAC
Consensus *****

101                                    150
msa221398.2{245_090} QRDQLKQTEE IFFvDIPLLI EEKYIKWFDE IWLVFVDKEK QLQRLMARNN
msa221398.2{245_CJB110} QRDQLKQTEE IFFvDIPLLI EEKYIKWFDE IWLVFVDKEK QLQRLMARNN
msa221398.2{245_1169NT} QRDQLKQTEE IFFmDIPLLI EEKYIKWFDE IWLVFVDKEK QLQRLMARNN
msa221398.2{245_H36B} QRDQLKQTEE IFFmDIPLLI EEKYIKWFDE IWLVFVDKEK QLQRLMARNN
msa221398.2{245_JM9130013} QRDQLKQTEE IFFmDIPLLI EEKYIKWFDE IWLVFVDKEK QLQRLMARNN
msa221398.2{245_18RS21} QRDQLKQTEE IFFmDIPLLI EEKYIKWFDE IWLVFVDKEK QLQRLMARNN
msa221398.2{245_2603} QRDQLKQTEE IFFmDIPLLI EEKYIKWFDE IWLVFVDKEK QLQRLMARNN
msa221398.2{245_A909} QRDQLKQTEE IFFmDIPLLI EEKYIKWFDE IWLVFVDKEK QLQRLMARNN
msa221398.2{245_COH1} QRDQLKQTEE IFFmDIPLLI EEKYIKWFDE IWLVFVDKEK QLQRLMARNN
msa221398.2{245_M732} QRDQLKQTEE IFFmDIPLLI EEKYIKWFDE IWLVFVDKEK QLQRLMARNN
msa221398.2{245_M781} QRDQLKQTEE IFFmDIPLLI EEKYIKWFDE IWLVFVDKEK QLQRLMARNN
Consensus *****

151                                    197
msa221398.2{245_090} YSREEAELRL SHQmPLTDKK SFASLIInNN GDLITLKEQI LDALQRL
msa221398.2{245_CJB110} YSREEAELRL SHQmPLTDKK SFASLIInNN GDLITLKEQI LDALQRL
msa221398.2{245_1169NT} YSREEAELRL SHQ1PLTDKK SFASLIIdNN GDLITLKEQm LDALQRL
msa221398.2{245_H36B} YSREEAELRL SHQ1PLTDKK SFASLIIdNN GDLITLKEQm LDALQRL
msa221398.2{245_JM9130013} YSREEAELRL SHQ1PLTDKK SFASLIIdNN GDLITLKEQm LDALQRL
msa221398.2{245_18RS21} YSREEAELRL SHQmPLTDKK SFASLIIdNN GDLITLKEQI LDALQRL
msa221398.2{245_2603} YSREEAELRL SHQmPLTDKK SFASLIIdNN GDLITLKEQI LDALQRL
msa221398.2{245_A909} YSREEAELRL SHQmPLTDKK SFASLIIdNN GDLITLKEQI LDALQRL
msa221398.2{245_COH1} YSREEAELRL SHQmPLTDKK SFASLIIdNN GDLITLKEQI LDALQRL
msa221398.2{245_M732} YSREEAELRL SHQmPLTDKK SFASLIIdNN GDLITLKEQI LDALQRL
msa221398.2{245_M781} YSREEAELRL SHQmPLTDKK SFASLIIdNN GDLITLKEQI LDALQRL
Consensus *****

```

Table 58: Comparative Sequences relating to SAG0182

SEQ ID NO. 5801

STRAIN 2603

ATGTTGATGGTGTGTTATTCCAAAGGCTAGGAATTATTATGATTTTAGCCTTTTATTG  
GTAAATAATAGTTATTTTAGACAGTTAATTGAAGAGCGGTCTAAACGTGAAACGGTAGTC  
CTTGTCATCATTTTCGGCTTGTGTTTATTATATCTAATATAACAGGAATTGAAATAAAA  
GGGGATCGAAGTTTGGTCGAGCGCCCTTTCTAACACGATTTCTCATTCTGACTCACTT  
GCTAATACAGGACTTTAGTTATTACAACGGCAAGTTTGGTTGGTGGACCTCTGGTTGGA  
TCAATTGTTGGTTTATTGGAGGAGTTTCATCGCTTTTTCAGGAAGCTTTTCAGGTCT  
TTCTATATTGTCAAGTTCAGTTCTAGTCGGCATTTGTTAGCGGAAAGATTGGTGATAAGCTT  
AAGGAAAACCATCTCTACCCCTCAACCAAGCAAGTTATTTTAATTAGTATTATTGCCGAA  
AGTATCCAGATGCTATTGTTGGCATTTTTCAGGATGGGAACCTGTCAAAATGATTGTC  
ATTCCAATGATGATTTTAAATAGTTTAGGTTCCACACTTTTCCTTGCAGTTTGGAAACT  
TATTTGTCAAATGAAAGTCAGTTACGCGCAGTTCAAACGAGAGATGTTCTTGAATTGACT  
CGACAGACTCTGCCCTACCTTAGACAAGGTTTGACACCGCAATCTGCTAGGAGCGTTTGC  
GAAATATTAAGAGGCATACTAATCTTGATGCTGTGGGATTAAACAGATCGGTCAAACGTA  
TTAGCTCATATTGGTGTGTTGGCCATGATCACCATATTGCAGGACAACCGGTCAAACAGAC  
TTATCTAAAAGTGTATTGTTGATGGCGAACCAAGATTGCGCAAGATAAAGCGGCGATT  
TCTTGTCCAGATCAACTGTCAAGTTAAATCTGCTATTGTAGTTCCTCTAAAATAAAT  
GATAAACTGTGGGTGCCCTTAAAAATGTAATTTGCAGGAGATAAGACAATGTCTGAGGTG  
GAGGAAAACCTAGTCTTGGTTTAGCGCAATATTTTCAGGACAACCTGGCAATGGGGATA  
ACAGAGCAACAAAATAAGTTAGCCAGTATGGCAGAGATAAAGGCTTACAAGCAAAATC  
AACCCCTCATTTCTTTTAAATGCCATTAAACCAATTAGTGCATTAATCCGTATTGATTCT  
GTAAAGCACGTTATGCACTGATGCAAGTTAAGTACTTTTGTAGAACAAGTTTGCAGGGT  
GGTCAAGATCGTGAGGTAAACGCTTGAGCAAGAAAATCACATGTGGATGCTTATATGAAT  
GTTGAAAAATACGTTTCCCTGATAAATATCAGTTATCTTATGATATTAGTGACCCAGAA  
AAATGAAGTTACCACTTTTGGTTTACAGTACTGGTAGAGAATGCAGTTTCGACATGCT  
TTCAAAGAACGTAAAGACGACAACCATATATTGGTTCAAATAAAGCCAGATGGTCATTAT  
TATTGTGTTTCTGTAGTGACATGGACAAGGAATCTCAGATACTATCATTTGATAAATTA  
GGTCAGAAACAGTTTGACAGAGATAAGGGTACAGGTACTGCTAGTTAATCTAAATAAC  
AGGCTGAATTTATTATATGGTAGTGTAGTTGCCCTTCATTTTCGAGCGACAAGAAATGGT  
ACAAAAGTTTGGTATCGAATACCTAATAGAATAAGGGAGGATGAGCATGAAAATTTAAT  
TCT

SEQ ID NO. 5802

STRAIN 090

TTGATGGTGTGTTATTCCAAAGGCTAGGAATTATTAT  
GATTTTAGCCCTTTTATTGGTAATAATAGTTAATTTAGACAGTTAATTG  
AAGAGCGGTCTAAACGTGAAACGGTAGTACTTGTCTCATTTTCGGCTTG  
TTTGTATTATATCTAATATAACAGGAATTGAAATAAAGGGGATCGAAG  
TTTGGTCGAGCGCCCTTTCTAACACGATTTCCCATTTCTGACTCACTTG  
CTAATACAGGACTTTAGTTATTACAACGGCAAGTTTGGTTGGTGGACCT  
CTGGTTGGATCAATTGTTGGTTTATTGGAGGAGTTTCATCGCTTTTTC  
AGGAAGCTTTTCAGGTTCTTTCTATATTGTCAAGTTCAAGTTCTAGTCGGCA  
TTGTTAGCGGAAGATTGGTGATAAGCTTAAGGAAAACCATCTCTACCT  
TCAACAAGCCAAAGTTATTTAATTAGTATTATTGCGGAAGTATCCAGAT  
GCTATTGTTGGTATTTTTACAGGATGGGAACCTGTCAAATGATTGTCA  
TTCCAATGATGATTTTAAATAGTTTAGGTTCCACACTTTTCTTGGGATT  
TTGAAAACCTATTGTTCAAATGAAAGTCAGTTACGCGCAGTTCAAACGAG  
AGATGTTCTTGAATTGACTCGACAGACTCTGCCCTACCTCAGACAAGGTT  
TGACACCGCAATCTGCTAGGAGCGTTTGCAGAAATTATAAAGAGGCATAC  
AATTTGATGCTGTAGGATTAAACAGATCGGTCAAACGATTTAGCTCATAT  
TGGTGTGGCCATGATCACCATATTGCAAGCAACCAAGTCAAACAGACC  
TATCTAAAAGTGTATTTTTGTATGGCGAACCAGAAATTGCGCAAGATAAA  
CGCGCGATTCTGTCCAGATCACAACTGTCAAGTTAAATCTGCTATTGT  
AGTTCTCTAAAATAAATGATAAAACCTGGGTGCCCTTAAAATGTAAT  
TTGCAAGGATAAGACAATGTCTGAGGTGGAGGAAACCTAGTCCTTGGT  
TTAGCGCAATATTTTTCAGGACAACCTGGCAATGGGATAACAGAGGAACA  
AAATAAGTTAGCCAGTATGGCAGAGATAAAGGCTTTACAAGCACAAATCA  
ACCCCTCATTTCTCTTAAATGCCATTAAACCAATTAGTGCATTAATCCGT  
ATTGATTCTGATAAAGCACGTTATGCACTGATGCAGTTAAGTACTTTT  
TAGAACAAGTTTGCAAGGTGGTCAGGATCGTGAGGTAACGCTTGAGCAAG  
AAAAATCACATGTGGATGCTTATATGAATGTTGAAAAATTACGTTTCCCT  
GATAAATATCAGTTATCTTATGATATTAGTGACCCAGAAAAAATGAAGTT  
ACCGCTTTTGGTTTACAGGTAAGTGTAGAGAAATGCAGTTAGACATGCTT  
TCAAAGAACGTAAAGACGACAACCATATATTGGTTCAAATAAAGCCAGAT  
GGTCATTATTATTGTTCTGTTAGTGACAATGGACAAGGAATCTCAGA  
TACTATCATTTGATAAATTAGGTCAAGAAACAGTTGCAGAGAGTAAGGGTA  
CAGGTACTGCTCTAGTTAATCTAAATAACAGGCTGAATTTATTATATGGT  
AGTGTAAAGTTGCCCTTCATTTTTCGAGCGACAAGAAATGTACAAAAGTTT  
GATCGAATACCTAATAGAATAAGGGAGGATGAGCATGAAAATTTAAT  
CT

SEQ ID NO. 5803

STRAIN A909

TTGATGGTGTGTTATTCCAAAGGCTAGGAATTATTAT  
GATTTTAGCCCTTTTATTGGTAATAATAGTTAATTTAGACAGTTAATTG  
AAGAGCGGTCTAAACGTGAAACGGTAGTCTTGTCTCATTTTCGGCTTG  
TTTGTATTATATCTAATATAACAGGAATTGAAATAAAGGGGATCGAAG  
TTTGGTCGAGCGCCCTTTCTAACACGATTTCTCATTCTGACTCACTTG  
CTAATACAGGACTTTAGTTATTACAACGGCAAGTTTGGTTGGTGGACCT  
CTGGTTGGATCAATTGTTGGTTTATTGGAGGAGTTTCATCGCTTTTTC  
AGGAAGCTTTTCAGGTTCTTTCTATATTGTCAAGTTCAAGTTCTAGTCGGCA  
TTGTTAGCGGAAGATTGGTGATAAGCTTAAGGAAAACCATCTCTACCT

Table 58: Comparative Sequences relating to SAG0182

TCAACAAGCCAAGTTATTTTAATTAGTATTATTGCGGAAAGTATCCAGAT  
 GCTATTGTTGGCATTTTTACAGGATGGGAACCTGTCAAATGATTGTCA  
 TTCCAATGATGATTTTAAATAGTTTAGGTTCCACACTTTTCCTGCGATT  
 TTGAAAACCTTATTGTCAAATGAAAGTCAGTTACGCGCAGTTCAAACGAG  
 AGATGTTCTTGAATTGACTCGACAGACTCTGCCCTACCTTAGACAAGGTT  
 TGACACCGCAATCTGCTAGGAGCGTTTTCGGAATTTATAAGAGGCATACT  
 AACTTTGATGCTGTGGGATTAACAGATCGGTCAAACGTATTAGCTCATAT  
 TGGTGTGGCCATGATCACCATTATTGCAGGACAACCGGTCAAACAGACT  
 TAATCAAAGTGTATTTTTGTATGGCGAACCAAGAATTGCGCAAGATAAA  
 GCGCGGATTTCTGTCCAGATCACAACGTGTCAATTAAATCTGCTATTGT  
 AGTTCCTCTAAAATAAATGATAAACTGTGGGTGCCTTAAAAATGTACT  
 TTGCAGGAGATAAGACAATGTCTGAGGTGGAGGAAAACCTAGTCCTTGGT  
 TTAGCGCAAAATATTTTCAGGACAACCTGGCAATGGGGATAACAGAGGAACA  
 AATAAGTTAGCCAGTATGGCAGAGATAAAGGCTTTTACAAGCACAAATCA  
 ACCCTCATTTCTTCTTAAATGCCATTAAACAATTAGTGCAATTAATCCGT  
 ATTGATTCTGATAAAGCACGTTATGCATGATGCAGTTAAGTACTTTTTT  
 TAGAACAAGTTTGCAGGGTGGTCAGGATCGTGAGGTAACGCTTGAGCAAG  
 AAAATCACATGTGGATGCTTATATGAATGTTGAAAAATTACGTTTCCCT  
 GATAAATATCAGTTATCTTATGATATTAGTGACCCAGAAAAAATGAAATT  
 ACCACCTTTTGGTTTACAGGTACTGGTAGAGAATGCAGTTGCACATGCTT  
 TCAAAGAACGTAAAGACGACAACCATATATTGGTTCAAATAAAGCCAGAT  
 GGTCAATTATATTGTGTTCTGTAGTGACAAATGGACAAGGAATCTCAGA  
 TACTATCATTGATAAATTAGGTCAAGAACAGTTGCAGAGAGTAAGGGTA  
 CAGGTACTGCTCTAGTTAATCTAAATAACAGGCTGAATTTATTATATGGT  
 AGTGAAGTTGCCTTCATTTTTCGAGCGACAAGAATGGTACAAAAGTTTGG  
 GTATCGAATACCTAATAGAATAAGGGAGGATGAGCATGAAAATTTTAATT  
 CT

SEQ ID NO. 5804

STRAIN H36B

TTGATGGTGTGTTATTCCAAAGGCTAGGAATTATTATG  
 ATTTTAGCCTTTTATTGGTAAATAATAGTTATTTTCAGACAGTTAATTGA  
 AGAGCGGCTTAAACGTGAAACGGTAGTCCTTGTTCATCATTTCGGCTTGT  
 TTGTTATTATATCTAATATAACAGGAATTGAAATAAAGGGGATCGAAGT  
 TTGGTCGAGCGCCCTTTTCTAACACGATTTCTCATTCTGACTCACTTGC  
 TAATAACAGGACTTTAGTTATTACAACGGCAAGTTTGGTTGGTGGACCTC  
 TGGTTGGATCAATTGTTGGTTTATTGGAGGAGTTTCATCGCTTTTTCAA  
 GGAAGCTTTTCAGGTTCTTCTATATTGTCAAGTTCAAGTTCTAGTCGGCAT  
 TGTAGCGGAAAGATTGGTGATAAGCTTAAGGAAAACCATCTCTACCCCT  
 CAACAAGCCAAGTTATTTTAATTAGTATTATTGCGGAAAGTATCCAGATG  
 CTATTTGTTGGCATTTTTACAGGATGGGAACCTGTCAAATGATTGTGAT  
 TCCAATGATGATTTTAAATAGTTTAGGTTCCACACTTTTCCTTGCATTT  
 TGAAAACCTATTGTCAAATGAAAGTCAGTTACGCGCAGTTCAAACGAGA  
 GATGTTCTTGAATTGACTCGACAGACTCTGCCCTACCTTAGACAAGGTTT  
 GACACCGCAATCTGCTAGGAGCGTTTTCGGAATTTATAAGAGGCATACTA  
 ACTTTGATGCTGTGGGATTAACAGATCGGTCAAACGTATTAGCTCATATT  
 GGTGTTGGCCATGATCACCATTATTGCAGGACAACCGGTCAAACAGACTT  
 ATCTAAAAGTGTATTTTTGTATGGCGAACCAAGAATTGCGCAAGATAAAG  
 CGCGGATTTCTTGTCCAGATCACAACGTGTCAAGTTAAATCTGCTATTGTA  
 GTTCTCTAAAATAAATGATAAACTGTGGGTGCCTTAAAAATGTACTT  
 TGCAGGAGATAAGACAATGTCTGAGGTGGAGGAAAACCTAGTCCTTGGT  
 TAGCGCAAAATATTTTCAGGACAACCTGGCAATGGGGATAACAGAGGAACA  
 AATAAGTTAGCCAGTATGGCAGAGATAAAGGCTTTTACAAGCACAAATCAA  
 CCTCATTTCTTCTTAAATGCCATTAAACAATTAGTGCAATTAATCCGTA  
 TTGATTCTGATAAAGCACGTTATGCATGATGCAGTTAAGTACTTTTTTT  
 AGAACAAGTTTGCAGGGTGGTCAGGATCGTGAGGTAACGCTTGAGCAAGA  
 AAAATCACATGTGGATGCTTATATGAATGTTGAAAAATTACGTTTCCCTG  
 ATAAATATCAGTTATCTTATGATATTAGTGACCCAGAAAAAATGAAATT  
 CCACCTTTTGGTTTACAGGTACTGGTAGAGAATGCAGTTGCACATGCTTT  
 CAAAGAACGTAAAGACGACAACCATATATTGGTTCAAATAAAGCCAGATG  
 GTCATTATTATTGTGTTCTGTAGTGACAAATGGACAAGGAATCTCAGAT  
 ACTATCATTGATAAATTAGGTCAAGAACAGTTGCAGAGAGTAAGGGTAC  
 AGGTACTGCTCTAGTTAATCTAAATAACAGGCTGAATTTATTATATGGTA  
 GTGTAAGTTGCCTTCATTTTTCGAGCGACAAGAATGGTACAAAAGTTTGG  
 TATCGAATACCTAATAGAATAAGGGAGGATGAGCATGAAAATTTTAATT  
 T

SEQ ID NO. 5805

STRAIN 18RS21

TTGATGGTGTGTTATTCCAAAGGCTAGGAATTATTATG  
 ATTTTAGCCTTTTATTGGTAAATAATAGTTATTTTAGACAGTTAATTGA  
 AGAGCGGCTTAAACGTGAAACGGTAGTCCTTGTTCATCATTTCGGCTTGT  
 TTGTTATTATATCTAATATAACAGGAATTGAAATAAAGGGGATCGAAGT  
 TTGGTCGAGCGCCCTTTTCTAACACGATTTCTCATTCTGACTCACTTGC  
 TAATAACAGGACTTTAGTTATTACAACGGCAAGTTTGGTTGGTGGACCTC  
 TGGTTGGATCAATTGTTGGTTTATTGGAGGAGTTTCATCGCTTTTTCAA  
 GGAAGCTTTTCAGGTTCTTCTATATTGTCAAGTTCAAGTTCTAGTCGGCAT  
 TGTAGCGGAAAGATTGGTGATAAGCTTAAGGAAAACCATCTCTACCCCT  
 CAACAAGCCAAGTTATTTTAATTAGTATTATTGCGGAAAGTATCCAGATG  
 CTATTTGTTGGCATTTTTACAGGATGGGAACCTGTCAAATGATTGTGAT  
 TCCAATGATGATTTTAAATAGTTTAGGTTCCACACTTTTCCTTGCATTT  
 TGAAAACCTATTGTCAAATGAAAGTCAGTTACGCGCAGTTCAAACGAGA  
 GATGTTCTTGAATTGACTCGACAGACTCTGCCCTACCTTAGACAAGGTTT

Table 58: Comparative Sequences relating to SAG0182

GACACCGCAATCTGCTAGGAGCGTTTGGGAAATTATAAGAGGCATACTA  
 ACTTTGATGCTGTGGGATTAACAGATCGGTCAAACGTATTAGCTCATATT  
 GGTGTTGGCCATGATCACCATATTGCAGGACAACCGGTCAAAACAGACTT  
 ATCTAAAGTGTATTATTGATGGCGAACCAAGATTGCGCAAGATAAAG  
 CGGCGATTTCTGTCCAGATCACAACTGTGAGTTAAATCTGCTATTGTA  
 GTTCCTCTAAAAATAAATGATAAACTGTGGGTGCTTAAAAATGTACTT  
 TGAGGAGATAAGACAATGTCTGAGGTGGAGGAAAACCTAGTCTTGGTT  
 TAGCGCAATATTATTGAGCAACTGGCAATGGGGATAACAGAGGAACAA  
 AATAAGTTAGCCAGTATGGCAGAGATAAAGGCTTTACAAGCACAAATCAA  
 CCTCATTTCTTCTTAATGCCATTAAACAAATTAGTGCATTAAATCCGTA  
 TTGATTCTGATAAAGCACGTTATGCACTGATGCACTTAAGTACTTTTTTT  
 AGAACAAAGTTTGAGGTTGGTCAGGATCGTGAGGTAAACGCTTGAGCAAGA  
 AAAATCACATGTGGATGCTTATATGAATGTTGAAAAATTACGTTTCCCTG  
 ATAAATATCAGTTATCTTATGATATTAGTGCACCCAGAAAAAATGAAGTTA  
 CCACCTTTTGGTTTACAGGTAAGTGTAGAGAAATGCAGTTGCAGATGCTTT  
 CAAAGAACGTAAGACGGACAACCATATATTGGTTCAAATAAAGCCAGATG  
 GTCAATTATTGTGTTTCTGTTAGTGACAATGGACAAGGAATCTCAGAT  
 ACTATCATTTGATAAATTAGGTCAAGAAAACAGTTGCAGAGAGTAAGGGTAC  
 AGGTACTGCTCTAGTTAATCTAAATAACAGGCTGAATTTATTATATGGTA  
 GTGTAAGTTGCTTCTATTTTCGAGCGACAAGAAATGGTACAAAAGTTTGG  
 TATCGAATACCTAATAGAATAAGGGAGGATGAGCATGAAAATTTTAATTC  
 T

SEQ ID NO. 5806

STRAIN M732

TTGATGGTGTGTTATTCCAAAGGCTAGGAATTATTATGAT  
 TTTAGCCTTTTATTGGTAAATAATAGTTATTTCAGACAGTTAATTGAAG  
 AGCGGTCTAAACGTAAGAACGGTAGTCCTTGTCTCATTTTCGGCTTGT  
 GTTATTATATCTAATATAACAGGAATTGAAATAAAGGGGATCGAAGTTT  
 GGTGCGAGCGCCCTTTCTAACCAACGATTCCCATTTCTGACTCAGTTGCTA  
 ATACAAGGACTTTAGTTATTACAACGGCAAGTTTGGTTGGTGGACCTCTG  
 GTGGATCAATGTTGGTTTATTGGAGGAGTTTCATCGCTTTTTCAGG  
 AAGCTTTTCAGGTTCTTCTATATTGTGAGTTTCTAGTGGCAGTTG  
 TTAGCGGAAGATTGGTGATAAGCTTAAGGAAAAACCTCTTACCCCTTCA  
 ACAAGCCAGGTTATTTTAATTAGTATTATTGCGGAAAGTATCCAGATGCT  
 ATTTGTTGGCATTTTTACAGGATGGGAACCTGTCAAATGATTTGTCATT  
 CAATGATGATTTTAAATAGTTTAGGTTCCACACTTTTCCCTTGGGATTTT  
 AAAACCTTATTGTCAAATGAAAGTCAGTTACGCGCAGTTCAAACGAGAGA  
 TGTTCTTGAATTGACTCGACAGACTCTGCCCTACCTTAGACAAGGTTTGA  
 CCGCAATCTGCTAGGAGCGTTTGGGAAATTATAAGAGGCATACATAAC  
 TTTGATGCTGTGGGATTAACAGATCGGTCAAACGTAATTAGCTCATATTGG  
 TATTGGCCATGATCACCATATTGCAGGACAACCGGTCAAACAGAGCTTAT  
 CTAAAAGTGTATTTTTGTATGGCGAACCAAGAAATTGCGCAAGATAAAGCG  
 GCGACTTCTTGTCCAGATCACAACTGTGAGTTAAATCTGCTATTGTAGT  
 TCCTCTAAAAATAAATGATAAACTGTGTGTGCTTAAAAATGTACTTTG  
 CAGGAGATAAGACAATGTCTGAGGTGGAGGAAAACCTAGTCTTGGTTTA  
 GCGCAATATTTTTCAAGCAACTGGCAATGGGGATAACAGAGGAACAAAA  
 TAAGTTAGCCAGTATGGCAGAGATAAAGGCTTTACAAGCACAAATCAACC  
 CTCATTCTCTTAAATGCCATTAAACAAATTAGTGCATTAAATCCGTAAT  
 GATTCTGATAAAGCAAGTTATGCACTGATGCACTTAAGTACTTTTTTTAG  
 AACAGTTTGCAAGGTTGGTCAGGATCGTGAGGTAAACGCTTGAGCAAGAAA  
 AATCACATGTGGATGCTTATATGAATGTTGAAAAATTACGTTTCCCTGAT  
 AAATATCAGTTATCTTATGATATTAGTGCACCCAGAAAAAATGAAGTTACC  
 GCCTTTTGGTTTACAGGTAAGTGTAGAGAAATGCAGTTGCAGATGCTTTCA  
 AAGAAGCTAAGACGGACAACCATATATTGGTTCAAATAAAGCCAGATGGT  
 CATTATTATTGTGTTTCTGTTAGTGACAATGGACAAGGAATCTCAGATAC  
 TATCATTTGATAAATTAGGTCAAGAAACAGTTGCAGAGAGTAAGGGGACAG  
 GTACTGCTCTAGTTAATCTAAATAACAGGCTGAATTTATTATATGGTAGT  
 GTAAGTTGCTTCTATTTTCGAGCGACAAGAAATGGTACAAAAGTTTGGTA  
 TCGAATACCTAATAGAATAAGGGAGGATGAGCATGAAAATTTTAATTC

SEQ ID NO. 5807

STRAIN COHI

TTGATGGTGTGTTATTCCAAAGGCTAGGAATTAT  
 TATGATTTTAGCCTTTTATTGGTAAATAATAGTTATTTCAGACAGTTAA  
 TTGAAGAGCGGTCTAAACGTAAGAACGGTAGTCCTTGTCTCATTTTCGGC  
 TTGTTTGTATTATATCTAATATAACAGGAATTGAAATAAAGGGGATCG  
 AAGTTTGGTGGAGCGCCCTTTCTAACCAACGATTTCCTATTCTGACTCAC  
 TTGCTAATACAGGACTTTAGTTATTACAACGGCAAGTTTGGTTGGTGGG  
 CCTCTGGTTGGATCAATGTTGGTTTATTGGAGGAGTTTCATCGCTTTT  
 TCAAGGAAGCTTTTACAGGTTCTTCTATATTGTGAGTTTCTAGTCTG  
 GCATTGTTAGCGGAAGATTGGTGATAAGCTTAAGGAAAAACCTCTTAC  
 CCTTCAACAGCCAAAGTTATTTTAATTAGTATTATTGCGGAAAGTATCCA  
 GATGCTATTGTTGGCATTTTACAGGATGGGAACCTGTCAAATGATTTG  
 TCATTCCAATGATGATTTTAAATAGTTTAGGTTCCACACTTTTCCCTTGG  
 ATTGTAAGAACTTATTGTCAAATGAAAGTCAGTTACGCGCAGTTCAAAC  
 GAGAGATGTTCTTGAATTGACTCGACAGACTCTGCCCTACCTTAGACAAG  
 GTTTGACACCGCAATCTGCTAGGAGCGTTTGGGAAATTATAAGAGGCAT  
 ACTAATCTTGATGCTGTGGGATTAACAGATCGGTCAAACGTAATTAGCTCA  
 TATTGGTGTGGCCATGATCACCATATTGCAGGACAACCGGTCAAACAG  
 ACTTATCTAAAGTGTATTTTTGTATGGCGAACCAAGAAATTGCGCAAGAT  
 AAAGCGGCGATTTCTTGTCCAGATCACAACTGTGAGTTAAATCTGCTAT  
 TGTAGTTCTCTAAAAATAAATGATAAACTGTGTGCTTAAAAATGT



Table 58: Comparative Sequences relating to SAG0182

ACTTTG CAGGAGATAAGACAATGCTGAGGTGGAGGAAAACTAGTCCTT  
 GGTTTAGCGCAATATTTTCAGGACAACCTGGCAATGGGGATAACAGAGGA  
 ACAAATAAGTTAGCCAGTATGGCAGAGATAAAGGCTTTACAAGCACAAA  
 TCAACCTCATTTCTTTTAAATGCCATTACACAATTAGTGCAATTAATC  
 CGTATTGATTTCTGATAAAGCACGTTATGCACGTGTCAGTTAAGTACTTT  
 TTTTGAACAAGTTTGCAGGTGGTCAGGATCGTGAGGTAACGCTTGAGC  
 AAGAAAAATCACATGTGGATGCTTATATGAATGTTGAAAAATACGTTTC  
 CCGTATAAATATCAGTTATCTTATGATATTAGTGACCAGAAAAAATGAA  
 GTTACCGCTTTTGGTTTACAGGTACTGGTAGAGAATGCAGTTTCGACATG  
 CTTTCAAAGAACGTAAGACGGACAACCATATATTGGTTCAAATAAAGCCA  
 GATGGTCATTATTATTTGTTTCTGTTAGTGACAAATGGACAAGGAATCTC  
 AGATACTATCATTGATAAATTAGGTCAAGAAACAGTTGCAGAGAGTAAGG  
 GGACAGGTACTGCTCTAGTTAATCTAATAACAGGCTGAATTTATTATAT  
 GGTAGTGTAAAGTTGCTTCTATTTTTCGAGCGACAAGAATGGTACAAAAGT  
 TTGGTATCGAATACCTAATAGAATAAGGGAGGATGAGCATGAAAATTTTA  
 ATTCT

SEQ ID NO. 5808

STRAIN M781

TTGATGGTGTGTTATTCCAAAGGCTAGGAATTATTA  
 TGATTTAGCCCTTTTATTGGTAATAATAGTTATTTTCAGACAGTTAATT  
 GAAGAGCGGTCTAAACGTGAAACGGTAGTCTTGTTCATCATTTTCGGCTT  
 GTTGTATTATATCTAATATAACAGGAATTGAAATAAAGGGGATCGAA  
 GTTGGTCGAGCGCCCTTTCTAACAACGATTCCCATTTCTGACTCACTT  
 GCTAATACAGGACTTTAGTTATTACAACGGCAAGTTTGGTTGGTGGACC  
 TCTGGTTGGATCAATTGTTGGTTTATTGGAGGAGTTTCATCGCTTTTTC  
 AAGGAAGCTTTTCAGGTTCTTTCTATATTGTGAGTTTCAGTTCTAGTCGGC  
 ATTGTTAGCGGAAAGATTGGTGATAAGCTTAAGGAAAAACCATCTCTACCC  
 TTCAACAAGCCAAAGTTATTTTAAATTAGTATTATTGCCGAAAGTATCCAGA  
 TGCTATTGTTGGCATTTTTACAGGATGGGAACCTGTCAAATGATTGTC  
 ATTCCAATGATGATTATAAATAGTTTAGGTTCCACACTTTTCTTTCGAT  
 TTTGAAAACTTATTTGTCAAATGAAAGTCAGTTACGCGCAGTTCAAACGA  
 GAGATGTTCTGAATGACTCGACAGACTCTGCCCTACCTTAGACAAGGT  
 TTGACACCGCAATCTGCTAGGAGCGTTTGGCAATATAAAGAGGCATACT  
 TAACCTTTGATGCTGTGGGATTAACAGATCGGTCAAACGTAATTAGCTCATA  
 TTGGTGTGGCCATGATCACCATTATTCAGGACAACCGGTCAAACAGAC  
 TTAATCAAAAGTGTATTATTTTGTATGGCGAACCAGAAATTGCGCAAGATAA  
 AGCGGCGATTCTTGTCCAGATCACAACGTGTCAGTTAAATCTGCTATTG  
 TAGTTCTCTAAAAATAAATGATAAACTGTGTGTGCTTAAAAATGTACT  
 TTTGCAGGAGATAAGACAATGTCTGAGGTGGAGGAAAACTAGTCCTTGG  
 TTTAGCGCAAAATATTTTCAGGACAACCTGGCAATGGGGATAACAGAGGAAC  
 AAAATAAGTTAGCCAGTATGGCAGAGATAAAGGCTTTACAAGCACAAATCA  
 AACCTCATTTCTTCTTAAATGCCATTAAACAATTAGTGCAATTAATCCG  
 TATTGATTTCTGATAAAGCACGTTATGCACGTGTCAGTTAAGTACTTTTT  
 TTGAACAAGTTTGCAGGTGGTCAGGATCGTGAGGTAACGCTTGAGCAA  
 GAAAAATCACATGTGGATGCTTATATGAATGTTGAAAAATTACGTTTCCC  
 TGATAAATATCAGTTATCTTATGATATTAGTGCAACCAGAAAAAATGAAGT  
 TACCGCTTTTGGTTTACAGGTACTGGTAGAGAATGCAGTTTCGACATGCT  
 TTCAAAGAACGTAAGACGGACAACCATATATTGGTTCAAATAAAGCCAGA  
 TGGTCATTATTATTGTTTCTGTTAGTGACAAATGGACAAGGAATCTCAG  
 ATACTATCATTGATAAATTAGGTCAAGAAACAGTTGCAGAGAGTAAGGGG  
 ACAGGTACTGCTCTAGTTAATCTAATAACAGGCTGAATTTATTATATGG  
 TAGTGTAAAGTTGCTTCTATTTTTCGAGCGACAAGAATGGTACAAAAGTTT  
 GGTATCGAATACCTAATAGAATAAGGGAGGATGAGCATGAAAATTTTAAAT  
 TCT

SEQ ID NO. 5809

STRAIN CJB110

TTGATGGTGTGTTATTCCAAAGGCTAGGAATTATTA  
 GATTTAGCCCTTTTATTGGTAATAATAGTTATTTTCAGACAGTTAATTG  
 AAGAGCGGTCTAAACGTGAAACGGTAGTACTTGTTCATCATTTTCGGCTTG  
 TTTGTTATTATATCTAATATAACAGGAATTGAAATAAAGGGGATCGAAG  
 TTTGGTCGAGCGCCCTTTCTAACAACGATTCCCATTTCTGACTCACTTG  
 CTAATACAGGACTTTAGTTATTACAACGGCAAGTTTGGTTGGTGGACCT  
 CTGGTTGGATCAATTGTTGGTTTATTGGAGGAGTTTCATCGCTTTTTC  
 AGGAAGCTTTTCAGGTTCTTTCTATATTGTGAGTTTCAGTTCTAGTCGGCA  
 TTGTTAGCGGAAAGATTGGTGATAAGCTTAAGGAAAAACCATCTCTACCC  
 TCAACAAGCCAAAGTTATTTTAAATTAGTATTATTGCCGAAAGTATCCAGAT  
 GCTATTGTTGGTATTTTACAGGATGGGAACCTGTCAAATGATTGTCA  
 TTCCAATGATGATTATAAATAGTTTAGGTTCCACACTTTTCTTTCGAT  
 TTGAAAACTTATTTGTCAAATGAAAGTCAGTTACGCGCAGTTCAAACGAG  
 AGATGTTCTGAATGACTCGACAGACTCTGCCCTACCTCAGACAAGGTT  
 TGACACCGCAATCTGCTAGGAGCGTTTGGCAATATAAAGAGGCATACT  
 AACTTTGATGCTGTAGGATTAACAGATCGGTCAAACGTAATTAGCTCATA  
 TGGTGTGGCCATGATCACCATTATTCAGGACAACCGGTCAAACAGACC  
 TATCAAAAGTGTATTATTTTGTATGGCGAACCAGAAATTGCGCAAGATAAA  
 GCGGCGATTCTTGTCCAGATCACAACGTGTCAGTTAAATCTGCTATTGT  
 AGTTCTCTAAAAATAAATGATAAACTGTGGGTGCTTAAAAATGTACT  
 TTGCAGGAGATAAGACAATGTCTGAGGTGGAGGAAAACTAGTCCTTGGT  
 TTAGCGCAAAATATTTTCAGGACAACCTGGCAATGGGGATAACAGAGGAACA  
 AAATAAGTTAGCCAGTATGGCAGAGATAAAGGCTTTACAAGCACAAATCA  
 ACCCTCATTTTCTTAAATGCCATTAAACAATTAGTGCAATTAATCCGT  
 ATTGATTTCTGATAAAGCACGTTATGCACGTGTCAGTTAAGTACTTTTT

Table 58: Comparative Sequences relating to SAG0182

TAGAACAAAGTTTGAAGGTGGTCAGGATCGTGAGGTAACGCTTGAGCAAG  
 AAAAAATCAGATGTGGATGCTTATATGAATGTTGAAAAATTACGTTTCCT  
 GATAAATATCAGTTATCTTATGATATTAGTGACCAGAAAAAATGAAGTT  
 ACCGCTTTTGGTTTACAGGTACTGGTAGAGAATGCAGTTAGACATGCTT  
 TCAAGAAGCGTAAGACGGACAAACCATATATTGGTTCAAATAAAGCCAGAT  
 GGTCAATTATTATGTGTTTCTGTTAGTGACAATGGACAAGGAATCTCAGA  
 TACTATCATTGATAAATTAGGTCAAGAAACAGTTGCAGAGAGTAAGGGTA  
 CAGGTACTGCTCTAGTTAATCTAATAACAGGCTGAATTTTATATATGGT  
 AGTGTAAAGTTGCCCTTCATTTTTCGAGCGACAAGAAATGGTACAAAAGTTTG  
 GTATCGAATACCTAATAGAATAAGGGAGGATGAGCATGAAAAATTTTAATT  
 CT

SEQ ID NO. 5810

STRAIN 1169NT

TTGATGGTGTGTTATTCCAAAGGCTAGGAATTATT  
 ATGATTTTAGCCTTTTATTGGTAAATAATAGTTATTTTCAGACAGTTAAT  
 TGAAGAGCGGTCTAAACGTGAAACGGTAGTACTTGTGCATCATTTTCGGCT  
 TGTTTGTTATTATATCTAATATAACAGGAATTGAAATAAAGGGGATCGA  
 AGTTTGGTTCGAGCGCCCTTTTCTAACACGATTTCTCATTCTGACTCACT  
 TGCTAATACAAGGACTTTAGTTATTACAACGGCAAGTTTGGTTGGTGGAC  
 CTCTGGTTGGATCAATTGTTGGTTTATTGGAGGAGTTCATCGCTTTTTC  
 CAAGGAAGCTTTTCAGGTTCTTTCTATATTGTGAGTTAGTTCTAGTCGG  
 CATTGTGAGCGGAAAGATTGGTGATAAGCTTAAGGAAAACCATCTCTACC  
 CTTCAACAAGCCAAAGTTATTTTAATTAGTATTATTGCCGAAAGTATCCAG  
 ATGCTATTTGTTGGCATTTTTACAGGATGGGAACCTGTCAAATGATTGT  
 CATTCCAATGATGATTTTAAATAGTTTAGGTTCCACACTTTTCTTGGGA  
 TTTTGAAAACTTATTGTCAAATGAAAGTCAGTTACGCGCAGTTCAAACG  
 AGAGATGTTCTTGAATTGACTCGACAGACTCTGCCCTACCTTAGACAAGG  
 TTTGACACCGCAATCTGCTAGGAGCGTTTTCGAAATTATAAAGAGGCATA  
 CTAATTTTGATGCTGTGGGATTAACAGATCGGTCAAACGTATTAGCTCAT  
 ATTGGTGTGGCCATGATCACCATATTGCAGGACAACCGGTCAAACAGA  
 CCTATCTAAAAGTGTATTTTTGTATGGCGAACCAAGAATTGCGCAAGATA  
 AAGCGGCGATTTCTGTCCAGATCACAACGTGTCAGTTAAATTTCTGCTATT  
 GTAGTTCTCTTAAAAATAAATGATAAACTGTGGTGCCTTAAAAATGTA  
 CTTTGCAGGAGATAAGACAATGTCTGAGGTGGAGGAAAACCTAGTCTTGT  
 GTTTAGCGCAAAATATTTCAGGACAACCTGGCAATGGGGATAACAGAGGAA  
 CAAAATAAGTTAGCCAGTATGGCAGAGATAAAGGCTTTACAAGCACAAT  
 CAACCCCTCATTCTTCTTTAATGCCATTAAACAAATTAGTGCATTATCC  
 GTATTGATTCTGATAAAGCACGTTATGCACTGATGCAGTTAAGTACTTTT  
 TTTAGAACAGTTTGCAGGTGGTCAGGATCGTGAGGTAACGCTTGAGCA  
 AGAAAAATCAGATGTGGATGCTTATATGAATGTTGAAAAATTACGTTTCC  
 CTGATAAATATCAGTTATCTTATGATATTAGTGACCAGAAAAAATGAAG  
 TTACCGCCTTTTGGTTTACAGGTACTGGTAGAGAATGCAGTTTCGACATGC  
 TTTTAAAGAACGTAAGACGGACCAACCATATATTGGTTCAAATAAAGCCAG  
 ATGGTCATTATTATTGTGTTTCTGTTAGTGACAATGGACAAGGAATCTCA  
 GATACTATCATTGATAAATTAGGTCAAGAAACAGTTGCAGAGAGTAAGGG  
 TACAGGTACTGCTCTAGTTAATCTAATAACAGGCTGAATTTATATATG  
 GTAGTGAAGTTGCCCTTCATTTTTCGAGCGACAAGAAATGGTACAAAAGTT  
 TGGTATCGAATACCTAATAGAATAAGGGAGGATGAGCATGAAAAATTTTAA  
 TTCT

SEQ ID NO. 5810

STRAIN JM9130013

TTGATGGTGTGTTATTCCAAAGGCTAGGAATTATT  
 ATGATTTTAGCCTTTTATTGGTAAATAATAGTTATTTTCAGACAGTTAAT  
 TGAAGAGCGGTCTAAACGTGAAACGGTAGTACTTGTGCATCATTTTCGGCT  
 TGTTTGTTATTATATCTAATATAACAGGAATTGAAATAAAGGGGATCGA  
 AGTTTGGTTCGAGCGCCCTTTTCTAACACGATTTCTCATTCTGACTCACT  
 TGCTAATACAAGGACTTTAGTTATTACAACGGCAAGTTTGGTTGGTGGAC  
 CTCTGGTTGGATCAATTGTTGGTTTATTGGAGGAGTTCATCGCTTTTTC  
 CAAGGAAGCTTTTCAGGTTCTTTCTATATTGTGAGTTAGTTCTAGTCGG  
 CATTGTGAGCGGAAAGATTGGTGATAAGCTTAAGGAAAACCATCTCTACC  
 CTTCAACAAGCCAAAGTTATTTTAATTAGTATTATTGCCGAAAGTATCCAG  
 ATGCTATTTGTTGGCATTTTTACAGGATGGGAACCTGTCAAATGATTGT  
 CATTCCAATGATGATTTTAAATAGTTTAGGTTCCACACTTTTCTTGGGA  
 TTTTGAAAACTTATTGTCAAATGAAAGTCAGTTACGCGCAGTTCAAACG  
 AGAGATGTTCTTGAATTGACTCGACAGACTCTGCCCTACCTTAGACAAGG  
 TTTGACACCGCAATCTGCTAGGAGCGTTTTCGAAATTATAAAGAGGCATA  
 CTAACCTTTGATGCTGTGGGATTAACAGATCGGTCAAACGTATTAGCTCAT  
 ATTGGTGTGGCCATGATCACCATATTGCAGGACAACCGGTCAAACAGA  
 CTTATCTAAAAGTGTATTTTTGTATGGCGAACCAAGAATTGCGCAAGATA  
 AAGCGGCGATTTCTGTCCAGATCACAACGTGTCAGTTAAATTTCTGCTATT  
 GTAGTTCTCTTAAAAATAAATGATAAACTGTGGTGCCTTAAAAATGTA  
 CTTTGCAGGAGATAAGACAATGTCTGAGGTGGAGGAAAACCTAGTCTTGT  
 GTTTAGCGCAAAATATTTCAGGACAACCTGGCAATGGGGATAACAGAGGAA  
 CAAAATAAGTTAGCCAGTATGGCAGAGATAAAGGCTTTACAAGCACAAT  
 CAACCCCTCATTCTTCTTTAATGCCATTAAACAAATTAGTGCATTATCC  
 GTATTGATTCTGATAAAGCACGTTATGCACTGATGCAGTTAAGTACTTTT  
 TTTAGAACAGTTTGCAGGTGGTCAGGATCGTGAGGTAACGCTTGAGCA  
 agAAAAATCAGATGTGGATGCTTATATGAATGTTGAAAAATTACGTTTCC  
 CTGATAAATATCAGTTATCTTATGATATTAGTGACCAGAAAAAATGAAG  
 TTACCACTTTTGGTTTACAGGTACTGGTAGAGAATGCAGTTTCGACATGC  
 TTTCAAGAAGCGTAAGACGGACAACCATATATTGGTTCAAATAAAGCCAG

Table 58: Comparative Sequences relating to SAG0182

ATGGTCATTATTATTGTTCTGTTCTAGTGACAATGGACAAGGAATCTCA  
 GATACATCATTCGATAAATTAGGTCAGAAACAGTTGCAGAGAGTAAGGG  
 TACAGGTAAGTCTCTAGTTAATCTAAATAACAGGCTGAATTTATTATATG  
 GTAGTGAAGTTGCCCTTCATTTTCGAGCGACAAGAAATGGTACAAAAGTT  
 TGGTATCGAATACCTAATAGAATAAGGGAGGATGAGCATGAAAATTTTAA  
 TTCT

## MSA Alignment Results: Pretty output

PRETTY of: /biotmp/msa442667.2(\*) January 13, 2003 06:34 ..

```

1                                     50
msa442667.2{248_18RS21} TTGATGGTGT TGTATTCCA AAGGCTAGGA ATTATTATGA TTTTAGCCTT
msa442667.2{248_2603} TTGATGGTGT TGTATTCCA AAGGCTAGGA ATTATTATGA TTTTAGCCTT
msa442667.2{248_A909} TTGATGGTGT TGTATTCCA AAGGCTAGGA ATTATTATGA TTTTAGCCTT
msa442667.2{248_H36B} TTGATGGTGT TGTATTCCA AAGGCTAGGA ATTATTATGA TTTTAGCCTT
msa442667.2{248_JM9130013} TTGATGGTGT TGTATTCCA AAGGCTAGGA ATTATTATGA TTTTAGCCTT
msa442667.2{248_COH1} TTGATGGTGT TGTATTCCA AAGGCTAGGA ATTATTATGA TTTTAGCCTT
msa442667.2{248_M781} TTGATGGTGT TGTATTCCA AAGGCTAGGA ATTATTATGA TTTTAGCCTT
msa442667.2{248_M732} TTGATGGTGT TGTATTCCA AAGGCTAGGA ATTATTATGA TTTTAGCCTT
msa442667.2{248_090} TTGATGGTGT TGTATTCCA AAGGCTAGGA ATTATTATGA TTTTAGCCTT
msa442667.2{248_CJB110} TTGATGGTGT TGTATTCCA AAGGCTAGGA ATTATTATGA TTTTAGCCTT
msa442667.2{248_1169NT} TTGATGGTGT TGTATTCCA AAGGCTAGGA ATTATTATGA TTTTAGCCTT
Consensus *****

51                                     100
msa442667.2{248_18RS21} TTTATTGGTA AATAATAGTT ATTTcAGACA GTTAATTGAA GAGCGGTCTA
msa442667.2{248_2603} TTTATTGGTA AATAATAGTT ATTTcAGACA GTTAATTGAA GAGCGGTCTA
msa442667.2{248_A909} TTTATTGGTA AATAATAGTT ATTTcAGACA GTTAATTGAA GAGCGGTCTA
msa442667.2{248_H36B} TTTATTGGTA AATAATAGTT ATTTcAGACA GTTAATTGAA GAGCGGTCTA
msa442667.2{248_JM9130013} TTTATTGGTA AATAATAGTT ATTTcAGACA GTTAATTGAA GAGCGGTCTA
msa442667.2{248_COH1} TTTATTGGTA AATAATAGTT ATTTcAGACA GTTAATTGAA GAGCGGTCTA
msa442667.2{248_M781} TTTATTGGTA AATAATAGTT ATTTcAGACA GTTAATTGAA GAGCGGTCTA
msa442667.2{248_M732} TTTATTGGTA AATAATAGTT ATTTcAGACA GTTAATTGAA GAGCGGTCTA
msa442667.2{248_090} TTTATTGGTA AATAATAGTT ATTTcAGACA GTTAATTGAA GAGCGGTCTA
msa442667.2{248_CJB110} TTTATTGGTA AATAATAGTT ATTTcAGACA GTTAATTGAA GAGCGGTCTA
msa442667.2{248_1169NT} TTTATTGGTA AATAATAGTT ATTTcAGACA GTTAATTGAA GAGCGGTCTA
Consensus *****

101                                    150
msa442667.2{248_18RS21} AACGTGAAAC GGTAGTcCTT GTCATCATTT TCGGCTTGTT TGTATTATA
msa442667.2{248_2603} AACGTGAAAC GGTAGTcCTT GTCATCATTT TCGGCTTGTT TGTATTATA
msa442667.2{248_A909} AACGTGAAAC GGTAGTcCTT GTCATCATTT TCGGCTTGTT TGTATTATA
msa442667.2{248_H36B} AACGTGAAAC GGTAGTcCTT GTCATCATTT TCGGCTTGTT TGTATTATA
msa442667.2{248_JM9130013} AACGTGAAAC GGTAGTcCTT GTCATCATTT TCGGCTTGTT TGTATTATA
msa442667.2{248_COH1} AACGTGAAAC GGTAGTcCTT GTCATCATTT TCGGCTTGTT TGTATTATA
msa442667.2{248_M781} AACGTGAAAC GGTAGTcCTT GTCATCATTT TCGGCTTGTT TGTATTATA
msa442667.2{248_M732} AACGTGAAAC GGTAGTcCTT GTCATCATTT TCGGCTTGTT TGTATTATA
msa442667.2{248_090} AACGTGAAAC GGTAGTcCTT GTCATCATTT TCGGCTTGTT TGTATTATA
msa442667.2{248_CJB110} AACGTGAAAC GGTAGTcCTT GTCATCATTT TCGGCTTGTT TGTATTATA
msa442667.2{248_1169NT} AACGTGAAAC GGTAGTcCTT GTCATCATTT TCGGCTTGTT TGTATTATA
Consensus *****

151                                    200
msa442667.2{248_18RS21} TCTAATATAA CAGGAATTGA AATAAAAGGG GATCGAAGTT TGGTCGAGCG
msa442667.2{248_2603} TCTAATATAA CAGGAATTGA AATAAAAGGG GATCGAAGTT TGGTCGAGCG
msa442667.2{248_A909} TCTAATATAA CAGGAATTGA AATAAAAGGG GATCGAAGTT TGGTCGAGCG
msa442667.2{248_H36B} TCTAATATAA CAGGAATTGA AATAAAAGGG GATCGAAGTT TGGTCGAGCG
msa442667.2{248_JM9130013} TCTAATATAA CAGGAATTGA AATAAAAGGG GATCGAAGTT TGGTCGAGCG
msa442667.2{248_COH1} TCTAATATAA CAGGAATTGA AATAAAAGGG GATCGAAGTT TGGTCGAGCG
msa442667.2{248_M781} TCTAATATAA CAGGAATTGA AATAAAAGGG GATCGAAGTT TGGTCGAGCG
msa442667.2{248_M732} TCTAATATAA CAGGAATTGA AATAAAAGGG GATCGAAGTT TGGTCGAGCG
msa442667.2{248_090} TCTAATATAA CAGGAATTGA AATAAAAGGG GATCGAAGTT TGGTCGAGCG
msa442667.2{248_CJB110} TCTAATATAA CAGGAATTGA AATAAAAGGG GATCGAAGTT TGGTCGAGCG
msa442667.2{248_1169NT} TCTAATATAA CAGGAATTGA AATAAAAGGG GATCGAAGTT TGGTCGAGCG
Consensus *****

201                                    250
msa442667.2{248_18RS21} CCCTTTTCTA ACAACGATTT CtCATTCTGA CTCACTTGCT AATACAAGGA
msa442667.2{248_2603} CCCTTTTCTA ACAACGATTT CtCATTCTGA CTCACTTGCT AATACAAGGA
msa442667.2{248_A909} CCCTTTTCTA ACAACGATTT CtCATTCTGA CTCACTTGCT AATACAAGGA
msa442667.2{248_H36B} CCCTTTTCTA ACAACGATTT CtCATTCTGA CTCACTTGCT AATACAAGGA
msa442667.2{248_JM9130013} CCCTTTTCTA ACAACGATTT CtCATTCTGA CTCACTTGCT AATACAAGGA
msa442667.2{248_COH1} CCCTTTTCTA ACAACGATTT CtCATTCTGA CTCACTTGCT AATACAAGGA
msa442667.2{248_M781} CCCTTTTCTA ACAACGATTT CtCATTCTGA CTCACTTGCT AATACAAGGA
msa442667.2{248_M732} CCCTTTTCTA ACAACGATTT CtCATTCTGA CTCACTTGCT AATACAAGGA
msa442667.2{248_090} CCCTTTTCTA ACAACGATTT CtCATTCTGA CTCACTTGCT AATACAAGGA
msa442667.2{248_CJB110} CCCTTTTCTA ACAACGATTT CtCATTCTGA CTCACTTGCT AATACAAGGA
msa442667.2{248_1169NT} CCCTTTTCTA ACAACGATTT CtCATTCTGA CTCACTTGCT AATACAAGGA
Consensus *****

251                                    300
msa442667.2{248_18RS21} CTTTAGTTAT TACAACGGCA AGTTTGGTTG GTGGACCTCT GGTGGATCA
msa442667.2{248_2603} CTTTAGTTAT TACAACGGCA AGTTTGGTTG GTGGACCTCT GGTGGATCA

```

Table 58: Comparative Sequences relating to SAG0182

msa442667.2{248_A909}	CTTTAGTTAT	TACAACGGCA	AGTTTGGTTG	GTGGACCTCT	GGTTGGATCA
msa442667.2{248_H36B}	CTTTAGTTAT	TACAACGGCA	AGTTTGGTTG	GTGGACCTCT	GGTTGGATCA
msa442667.2{248_JM9130013}	CTTTAGTTAT	TACAACGGCA	AGTTTGGTTG	GTGGACCTCT	GGTTGGATCA
msa442667.2{248_COH1}	CTTTAGTTAT	TACAACGGCA	AGTTTGGTTG	GTGGACCTCT	GGTTGGATCA
msa442667.2{248_M781}	CTTTAGTTAT	TACAACGGCA	AGTTTGGTTG	GTGGACCTCT	GGTTGGATCA
msa442667.2{248_M732}	CTTTAGTTAT	TACAACGGCA	AGTTTGGTTG	GTGGACCTCT	GGTTGGATCA
msa442667.2{248_090}	CTTTAGTTAT	TACAACGGCA	AGTTTGGTTG	GTGGACCTCT	GGTTGGATCA
msa442667.2{248_CJB110}	CTTTAGTTAT	TACAACGGCA	AGTTTGGTTG	GTGGACCTCT	GGTTGGATCA
msa442667.2{248_1169NT}	CTTTAGTTAT	TACAACGGCA	AGTTTGGTTG	GTGGACCTCT	GGTTGGATCA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa442667.2{248_18RS21}	301	350			
msa442667.2{248_2603}	ATTGTTGGTT	TTATTGGAGG	AGTTCATCGC	TTTTTTC AAG	GAAGCTTTTC
msa442667.2{248_A909}	ATTGTTGGTT	TTATTGGAGG	AGTTCATCGC	TTTTTTC AAG	GAAGCTTTTC
msa442667.2{248_H36B}	ATTGTTGGTT	TTATTGGAGG	AGTTCATCGC	TTTTTTC AAG	GAAGCTTTTC
msa442667.2{248_JM9130013}	ATTGTTGGTT	TTATTGGAGG	AGTTCATCGC	TTTTTTC AAG	GAAGCTTTTC
msa442667.2{248_COH1}	ATTGTTGGTT	TTATTGGAGG	AGTTCATCGC	TTTTTTC AAG	GAAGCTTTTC
msa442667.2{248_M781}	ATTGTTGGTT	TTATTGGAGG	AGTTCATCGC	TTTTTTC AAG	GAAGCTTTTC
msa442667.2{248_M732}	ATTGTTGGTT	TTATTGGAGG	AGTTCATCGC	TTTTTTC AAG	GAAGCTTTTC
msa442667.2{248_090}	ATTGTTGGTT	TTATTGGAGG	AGTTCATCGC	TTTTTTC AAG	GAAGCTTTTC
msa442667.2{248_CJB110}	ATTGTTGGTT	TTATTGGAGG	AGTTCATCGC	TTTTTTC AAG	GAAGCTTTTC
msa442667.2{248_1169NT}	ATTGTTGGTT	TTATTGGAGG	AGTTCATCGC	TTTTTTC AAG	GAAGCTTTTC
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa442667.2{248_18RS21}	351	400			
msa442667.2{248_2603}	AGGTTCTTTC	TATATTGTCA	GTTTCAGTCT	AGTCGGCATT	GTLAGCGGAA
msa442667.2{248_A909}	AGGTTCTTTC	TATATTGTCA	GTTTCAGTCT	AGTCGGCATT	GTLAGCGGAA
msa442667.2{248_H36B}	AGGTTCTTTC	TATATTGTCA	GTTTCAGTCT	AGTCGGCATT	GTLAGCGGAA
msa442667.2{248_JM9130013}	AGGTTCTTTC	TATATTGTCA	GTTTCAGTCT	AGTCGGCATT	GTLAGCGGAA
msa442667.2{248_COH1}	AGGTTCTTTC	TATATTGTCA	GTTTCAGTCT	AGTCGGCATT	GTLAGCGGAA
msa442667.2{248_M781}	AGGTTCTTTC	TATATTGTCA	GTTTCAGTCT	AGTCGGCATT	GTLAGCGGAA
msa442667.2{248_M732}	AGGTTCTTTC	TATATTGTCA	GTTTCAGTCT	AGTCGGCATT	GTLAGCGGAA
msa442667.2{248_090}	AGGTTCTTTC	TATATTGTCA	GTTTCAGTCT	AGTCGGCATT	GTLAGCGGAA
msa442667.2{248_CJB110}	AGGTTCTTTC	TATATTGTCA	GTTTCAGTCT	AGTCGGCATT	GTLAGCGGAA
msa442667.2{248_1169NT}	AGGTTCTTTC	TATATTGTCA	GTTTCAGTCT	AGTCGGCATT	GTLAGCGGAA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa442667.2{248_18RS21}	401	450			
msa442667.2{248_2603}	AGATTGGTGA	TAAGCTTAAG	GAAAACCATC	TCTACCCCTC	AACAAGCCAA
msa442667.2{248_A909}	AGATTGGTGA	TAAGCTTAAG	GAAAACCATC	TCTACCCCTC	AACAAGCCAA
msa442667.2{248_H36B}	AGATTGGTGA	TAAGCTTAAG	GAAAACCATC	TCTACCCCTC	AACAAGCCAA
msa442667.2{248_JM9130013}	AGATTGGTGA	TAAGCTTAAG	GAAAACCATC	TCTACCCCTC	AACAAGCCAA
msa442667.2{248_COH1}	AGATTGGTGA	TAAGCTTAAG	GAAAACCATC	TCTACCCCTC	AACAAGCCAA
msa442667.2{248_M781}	AGATTGGTGA	TAAGCTTAAG	GAAAACCATC	TCTACCCCTC	AACAAGCCAA
msa442667.2{248_M732}	AGATTGGTGA	TAAGCTTAAG	GAAAACCATC	TCTACCCCTC	AACAAGCCAA
msa442667.2{248_090}	AGATTGGTGA	TAAGCTTAAG	GAAAACCATC	TCTACCCCTC	AACAAGCCAA
msa442667.2{248_CJB110}	AGATTGGTGA	TAAGCTTAAG	GAAAACCATC	TCTACCCCTC	AACAAGCCAA
msa442667.2{248_1169NT}	AGATTGGTGA	TAAGCTTAAG	GAAAACCATC	TCTACCCCTC	AACAAGCCAA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa442667.2{248_18RS21}	451	500			
msa442667.2{248_2603}	GTTATTTTAA	TTAGTATTAT	TGCCGAAAGT	ATCCAGATGC	TATTTGTTGG
msa442667.2{248_A909}	GTTATTTTAA	TTAGTATTAT	TGCCGAAAGT	ATCCAGATGC	TATTTGTTGG
msa442667.2{248_H36B}	GTTATTTTAA	TTAGTATTAT	TGCCGAAAGT	ATCCAGATGC	TATTTGTTGG
msa442667.2{248_JM9130013}	GTTATTTTAA	TTAGTATTAT	TGCCGAAAGT	ATCCAGATGC	TATTTGTTGG
msa442667.2{248_COH1}	GTTATTTTAA	TTAGTATTAT	TGCCGAAAGT	ATCCAGATGC	TATTTGTTGG
msa442667.2{248_M781}	GTTATTTTAA	TTAGTATTAT	TGCCGAAAGT	ATCCAGATGC	TATTTGTTGG
msa442667.2{248_M732}	GTTATTTTAA	TTAGTATTAT	TGCCGAAAGT	ATCCAGATGC	TATTTGTTGG
msa442667.2{248_090}	GTTATTTTAA	TTAGTATTAT	TGCCGAAAGT	ATCCAGATGC	TATTTGTTGG
msa442667.2{248_CJB110}	GTTATTTTAA	TTAGTATTAT	TGCCGAAAGT	ATCCAGATGC	TATTTGTTGG
msa442667.2{248_1169NT}	GTTATTTTAA	TTAGTATTAT	TGCCGAAAGT	ATCCAGATGC	TATTTGTTGG
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa442667.2{248_18RS21}	501	550			
msa442667.2{248_2603}	CATTTT TACA	GGATGGGAAC	TTGTCAA AAT	GATTGTCATT	CCAATGATGA
msa442667.2{248_A909}	CATTTT TACA	GGATGGGAAC	TTGTCAA AAT	GATTGTCATT	CCAATGATGA
msa442667.2{248_H36B}	CATTTT TACA	GGATGGGAAC	TTGTCAA AAT	GATTGTCATT	CCAATGATGA
msa442667.2{248_JM9130013}	CATTTT TACA	GGATGGGAAC	TTGTCAA AAT	GATTGTCATT	CCAATGATGA
msa442667.2{248_COH1}	CATTTT TACA	GGATGGGAAC	TTGTCAA AAT	GATTGTCATT	CCAATGATGA
msa442667.2{248_M781}	CATTTT TACA	GGATGGGAAC	TTGTCAA AAT	GATTGTCATT	CCAATGATGA
msa442667.2{248_M732}	CATTTT TACA	GGATGGGAAC	TTGTCAA AAT	GATTGTCATT	CCAATGATGA
msa442667.2{248_090}	CATTTT TACA	GGATGGGAAC	TTGTCAA AAT	GATTGTCATT	CCAATGATGA
msa442667.2{248_CJB110}	CATTTT TACA	GGATGGGAAC	TTGTCAA AAT	GATTGTCATT	CCAATGATGA
msa442667.2{248_1169NT}	CATTTT TACA	GGATGGGAAC	TTGTCAA AAT	GATTGTCATT	CCAATGATGA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa442667.2{248_18RS21}	551	600			
	TTTTAAATAG	TTTAGGTTCC	ACACTTTTCC	TTGCGATT TT	GAAAAC TTAT

Table 58: Comparative Sequences relating to SAG0182

msa442667.2{248_2603}	TTTTAAATAG	TTTAGGTTCC	ACACTTTTCC	TTGCGATTTT	GAAAACCTAT
msa442667.2{248_A909}	TTTTAAATAG	TTTAGGTTCC	ACACTTTTCC	TTGCGATTTT	GAAAACCTAT
msa442667.2{248_H36B}	TTTTAAATAG	TTTAGGTTCC	ACACTTTTCC	TTGCGATTTT	GAAAACCTAT
msa442667.2{248_JM9130013}	TTTTAAATAG	TTTAGGTTCC	ACACTTTTCC	TTGCGATTTT	GAAAACCTAT
msa442667.2{248_COH1}	TTTTAAATAG	TTTAGGTTCC	ACACTTTTCC	TTGCGATTTT	GAAAACCTAT
msa442667.2{248_M781}	TTTTAAATAG	TTTAGGTTCC	ACACTTTTCC	TTGCGATTTT	GAAAACCTAT
msa442667.2{248_M732}	TTTTAAATAG	TTTAGGTTCC	ACACTTTTCC	TTGCGATTTT	GAAAACCTAT
msa442667.2{248_090}	TTTTAAATAG	TTTAGGTTCC	ACACTTTTCC	TTGCGATTTT	GAAAACCTAT
msa442667.2{248_CJB110}	TTTTAAATAG	TTTAGGTTCC	ACACTTTTCC	TTGCGATTTT	GAAAACCTAT
msa442667.2{248_1169NT}	TTTTAAATAG	TTTAGGTTCC	ACACTTTTCC	TTGCGATTTT	GAAAACCTAT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa442667.2{248_18RS21}	TTGTCAAATG	AAAGTCAGTT	ACGCGCAGTT	CAAACGAGAG	ATGTTCTTGA
msa442667.2{248_2603}	TTGTCAAATG	AAAGTCAGTT	ACGCGCAGTT	CAAACGAGAG	ATGTTCTTGA
msa442667.2{248_A909}	TTGTCAAATG	AAAGTCAGTT	ACGCGCAGTT	CAAACGAGAG	ATGTTCTTGA
msa442667.2{248_H36B}	TTGTCAAATG	AAAGTCAGTT	ACGCGCAGTT	CAAACGAGAG	ATGTTCTTGA
msa442667.2{248_JM9130013}	TTGTCAAATG	AAAGTCAGTT	ACGCGCAGTT	CAAACGAGAG	ATGTTCTTGA
msa442667.2{248_COH1}	TTGTCAAATG	AAAGTCAGTT	ACGCGCAGTT	CAAACGAGAG	ATGTTCTTGA
msa442667.2{248_M781}	TTGTCAAATG	AAAGTCAGTT	ACGCGCAGTT	CAAACGAGAG	ATGTTCTTGA
msa442667.2{248_M732}	TTGTCAAATG	AAAGTCAGTT	ACGCGCAGTT	CAAACGAGAG	ATGTTCTTGA
msa442667.2{248_090}	TTGTCAAATG	AAAGTCAGTT	ACGCGCAGTT	CAAACGAGAG	ATGTTCTTGA
msa442667.2{248_CJB110}	TTGTCAAATG	AAAGTCAGTT	ACGCGCAGTT	CAAACGAGAG	ATGTTCTTGA
msa442667.2{248_1169NT}	TTGTCAAATG	AAAGTCAGTT	ACGCGCAGTT	CAAACGAGAG	ATGTTCTTGA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa442667.2{248_18RS21}	ATTGACTCGA	CAGACTCTGC	CCTACCTTAG	ACAAGGTTTG	ACACCGCAAT
msa442667.2{248_2603}	ATTGACTCGA	CAGACTCTGC	CCTACCTTAG	ACAAGGTTTG	ACACCGCAAT
msa442667.2{248_A909}	ATTGACTCGA	CAGACTCTGC	CCTACCTTAG	ACAAGGTTTG	ACACCGCAAT
msa442667.2{248_H36B}	ATTGACTCGA	CAGACTCTGC	CCTACCTTAG	ACAAGGTTTG	ACACCGCAAT
msa442667.2{248_JM9130013}	ATTGACTCGA	CAGACTCTGC	CCTACCTTAG	ACAAGGTTTG	ACACCGCAAT
msa442667.2{248_COH1}	ATTGACTCGA	CAGACTCTGC	CCTACCTTAG	ACAAGGTTTG	ACACCGCAAT
msa442667.2{248_M781}	ATTGACTCGA	CAGACTCTGC	CCTACCTTAG	ACAAGGTTTG	ACACCGCAAT
msa442667.2{248_M732}	ATTGACTCGA	CAGACTCTGC	CCTACCTTAG	ACAAGGTTTG	ACACCGCAAT
msa442667.2{248_090}	ATTGACTCGA	CAGACTCTGC	CCTACCTTAG	ACAAGGTTTG	ACACCGCAAT
msa442667.2{248_CJB110}	ATTGACTCGA	CAGACTCTGC	CCTACCTTAG	ACAAGGTTTG	ACACCGCAAT
msa442667.2{248_1169NT}	ATTGACTCGA	CAGACTCTGC	CCTACCTTAG	ACAAGGTTTG	ACACCGCAAT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa442667.2{248_18RS21}	CTGCTAGGAG	CGTTTGGGAA	ATTATAAAGA	GGCATACTAA	CTTTGATGCT
msa442667.2{248_2603}	CTGCTAGGAG	CGTTTGGGAA	ATTATAAAGA	GGCATACTAA	CTTTGATGCT
msa442667.2{248_A909}	CTGCTAGGAG	CGTTTGGGAA	ATTATAAAGA	GGCATACTAA	CTTTGATGCT
msa442667.2{248_H36B}	CTGCTAGGAG	CGTTTGGGAA	ATTATAAAGA	GGCATACTAA	CTTTGATGCT
msa442667.2{248_JM9130013}	CTGCTAGGAG	CGTTTGGGAA	ATTATAAAGA	GGCATACTAA	CTTTGATGCT
msa442667.2{248_COH1}	CTGCTAGGAG	CGTTTGGGAA	ATTATAAAGA	GGCATACTAA	CTTTGATGCT
msa442667.2{248_M781}	CTGCTAGGAG	CGTTTGGGAA	ATTATAAAGA	GGCATACTAA	CTTTGATGCT
msa442667.2{248_M732}	CTGCTAGGAG	CGTTTGGGAA	ATTATAAAGA	GGCATACTAA	CTTTGATGCT
msa442667.2{248_090}	CTGCTAGGAG	CGTTTGGGAA	ATTATAAAGA	GGCATACTAA	CTTTGATGCT
msa442667.2{248_CJB110}	CTGCTAGGAG	CGTTTGGGAA	ATTATAAAGA	GGCATACTAA	CTTTGATGCT
msa442667.2{248_1169NT}	CTGCTAGGAG	CGTTTGGGAA	ATTATAAAGA	GGCATACTAA	CTTTGATGCT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa442667.2{248_18RS21}	GTgGGATTAA	CAGATCGGTC	AAACGTATTA	GCTCATATTG	GTgTTGGCCA
msa442667.2{248_2603}	GTgGGATTAA	CAGATCGGTC	AAACGTATTA	GCTCATATTG	GTgTTGGCCA
msa442667.2{248_A909}	GTgGGATTAA	CAGATCGGTC	AAACGTATTA	GCTCATATTG	GTgTTGGCCA
msa442667.2{248_H36B}	GTgGGATTAA	CAGATCGGTC	AAACGTATTA	GCTCATATTG	GTgTTGGCCA
msa442667.2{248_JM9130013}	GTgGGATTAA	CAGATCGGTC	AAACGTATTA	GCTCATATTG	GTgTTGGCCA
msa442667.2{248_COH1}	GTgGGATTAA	CAGATCGGTC	AAACGTATTA	GCTCATATTG	GTgTTGGCCA
msa442667.2{248_M781}	GTgGGATTAA	CAGATCGGTC	AAACGTATTA	GCTCATATTG	GTgTTGGCCA
msa442667.2{248_M732}	GTgGGATTAA	CAGATCGGTC	AAACGTATTA	GCTCATATTG	GTgTTGGCCA
msa442667.2{248_090}	GTgGGATTAA	CAGATCGGTC	AAACGTATTA	GCTCATATTG	GTgTTGGCCA
msa442667.2{248_CJB110}	GTgGGATTAA	CAGATCGGTC	AAACGTATTA	GCTCATATTG	GTgTTGGCCA
msa442667.2{248_1169NT}	GTgGGATTAA	CAGATCGGTC	AAACGTATTA	GCTCATATTG	GTgTTGGCCA
Consensus	***-*****	*****	*****	*****	***-*****
msa442667.2{248_18RS21}	TGATCACCAT	ATTGCAGGAC	AACCGGTCAA	AACAGACTTA	TCTAAAAGTG
msa442667.2{248_2603}	TGATCACCAT	ATTGCAGGAC	AACCGGTCAA	AACAGACTTA	TCTAAAAGTG
msa442667.2{248_A909}	TGATCACCAT	ATTGCAGGAC	AACCGGTCAA	AACAGACTTA	TCTAAAAGTG
msa442667.2{248_H36B}	TGATCACCAT	ATTGCAGGAC	AACCGGTCAA	AACAGACTTA	TCTAAAAGTG
msa442667.2{248_JM9130013}	TGATCACCAT	ATTGCAGGAC	AACCGGTCAA	AACAGACTTA	TCTAAAAGTG
msa442667.2{248_COH1}	TGATCACCAT	ATTGCAGGAC	AACCGGTCAA	AACAGACTTA	TCTAAAAGTG
msa442667.2{248_M781}	TGATCACCAT	ATTGCAGGAC	AACCGGTCAA	AACAGACTTA	TCTAAAAGTG
msa442667.2{248_M732}	TGATCACCAT	ATTGCAGGAC	AACCGGTCAA	AACAGACTTA	TCTAAAAGTG
msa442667.2{248_090}	TGATCACCAT	ATTGCAGGAC	AACCGGTCAA	AACAGACTTA	TCTAAAAGTG
msa442667.2{248_CJB110}	TGATCACCAT	ATTGCAGGAC	AACCGGTCAA	AACAGACTTA	TCTAAAAGTG
msa442667.2{248_1169NT}	TGATCACCAT	ATTGCAGGAC	AACCGGTCAA	AACAGACTTA	TCTAAAAGTG
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****

Table 58: Comparative Sequences relating to SAG0182

msa442667.2{248_18RS21}	TTATTTTGA	TGGCGAACCA	AGAATTGCGC	AAGATAAAGC	GGCGATTCT
msa442667.2{248_2603}	TTATTTTGA	TGGCGAACCA	AGAATTGCGC	AAGATAAAGC	GGCGATTCT
msa442667.2{248_A909}	TTATTTTGA	TGGCGAACCA	AGAATTGCGC	AAGATAAAGC	GGCGATTCT
msa442667.2{248_H36B}	TTATTTTGA	TGGCGAACCA	AGAATTGCGC	AAGATAAAGC	GGCGATTCT
msa442667.2{248_JM9130013}	TTATTTTGA	TGGCGAACCA	AGAATTGCGC	AAGATAAAGC	GGCGATTCT
msa442667.2{248_COH1}	TTATTTTGA	TGGCGAACCA	AGAATTGCGC	AAGATAAAGC	GGCGATTCT
msa442667.2{248_M781}	TTATTTTGA	TGGCGAACCA	AGAATTGCGC	AAGATAAAGC	GGCGATTCT
msa442667.2{248_M732}	TTATTTTGA	TGGCGAACCA	AGAATTGCGC	AAGATAAAGC	GGCGATTCT
msa442667.2{248_090}	TTATTTTGA	TGGCGAACCA	AGAATTGCGC	AAGATAAAGC	GGCGATTCT
msa442667.2{248_CJB110}	TTATTTTGA	TGGCGAACCA	AGAATTGCGC	AAGATAAAGC	GGCGATTCT
msa442667.2{248_1169NT}	TTATTTTGA	TGGCGAACCA	AGAATTGCGC	AAGATAAAGC	GGCGATTCT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa442667.2{248_18RS21}	TGTCCAGATC	ACAACGTGCA	GTTAAATTCT	GCTATTGTAG	TTCCTCTAAA
msa442667.2{248_2603}	TGTCCAGATC	ACAACGTGCA	GTTAAATTCT	GCTATTGTAG	TTCCTCTAAA
msa442667.2{248_A909}	TGTCCAGATC	ACAACGTGCA	GTTAAATTCT	GCTATTGTAG	TTCCTCTAAA
msa442667.2{248_H36B}	TGTCCAGATC	ACAACGTGCA	GTTAAATTCT	GCTATTGTAG	TTCCTCTAAA
msa442667.2{248_JM9130013}	TGTCCAGATC	ACAACGTGCA	GTTAAATTCT	GCTATTGTAG	TTCCTCTAAA
msa442667.2{248_COH1}	TGTCCAGATC	ACAACGTGCA	GTTAAATTCT	GCTATTGTAG	TTCCTCTAAA
msa442667.2{248_M781}	TGTCCAGATC	ACAACGTGCA	GTTAAATTCT	GCTATTGTAG	TTCCTCTAAA
msa442667.2{248_M732}	TGTCCAGATC	ACAACGTGCA	GTTAAATTCT	GCTATTGTAG	TTCCTCTAAA
msa442667.2{248_090}	TGTCCAGATC	ACAACGTGCA	GTTAAATTCT	GCTATTGTAG	TTCCTCTAAA
msa442667.2{248_CJB110}	TGTCCAGATC	ACAACGTGCA	GTTAAATTCT	GCTATTGTAG	TTCCTCTAAA
msa442667.2{248_1169NT}	TGTCCAGATC	ACAACGTGCA	GTTAAATTCT	GCTATTGTAG	TTCCTCTAAA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa442667.2{248_18RS21}	AATAAATGAT	AAAACGTG	GTGCCCTTAA	AATGTACTTT	GCAGGAGATA
msa442667.2{248_2603}	AATAAATGAT	AAAACGTG	GTGCCCTTAA	AATGTACTTT	GCAGGAGATA
msa442667.2{248_A909}	AATAAATGAT	AAAACGTG	GTGCCCTTAA	AATGTACTTT	GCAGGAGATA
msa442667.2{248_H36B}	AATAAATGAT	AAAACGTG	GTGCCCTTAA	AATGTACTTT	GCAGGAGATA
msa442667.2{248_JM9130013}	AATAAATGAT	AAAACGTG	GTGCCCTTAA	AATGTACTTT	GCAGGAGATA
msa442667.2{248_COH1}	AATAAATGAT	AAAACGTG	GTGCCCTTAA	AATGTACTTT	GCAGGAGATA
msa442667.2{248_M781}	AATAAATGAT	AAAACGTG	GTGCCCTTAA	AATGTACTTT	GCAGGAGATA
msa442667.2{248_M732}	AATAAATGAT	AAAACGTG	GTGCCCTTAA	AATGTACTTT	GCAGGAGATA
msa442667.2{248_090}	AATAAATGAT	AAAACGTG	GTGCCCTTAA	AATGTACTTT	GCAGGAGATA
msa442667.2{248_CJB110}	AATAAATGAT	AAAACGTG	GTGCCCTTAA	AATGTACTTT	GCAGGAGATA
msa442667.2{248_1169NT}	AATAAATGAT	AAAACGTG	GTGCCCTTAA	AATGTACTTT	GCAGGAGATA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa442667.2{248_18RS21}	AGACAATGTC	TGAGGTGGAG	GAAAACCTAG	TCCTTGGTTT	AGCGCAAATA
msa442667.2{248_2603}	AGACAATGTC	TGAGGTGGAG	GAAAACCTAG	TCCTTGGTTT	AGCGCAAATA
msa442667.2{248_A909}	AGACAATGTC	TGAGGTGGAG	GAAAACCTAG	TCCTTGGTTT	AGCGCAAATA
msa442667.2{248_H36B}	AGACAATGTC	TGAGGTGGAG	GAAAACCTAG	TCCTTGGTTT	AGCGCAAATA
msa442667.2{248_JM9130013}	AGACAATGTC	TGAGGTGGAG	GAAAACCTAG	TCCTTGGTTT	AGCGCAAATA
msa442667.2{248_COH1}	AGACAATGTC	TGAGGTGGAG	GAAAACCTAG	TCCTTGGTTT	AGCGCAAATA
msa442667.2{248_M781}	AGACAATGTC	TGAGGTGGAG	GAAAACCTAG	TCCTTGGTTT	AGCGCAAATA
msa442667.2{248_M732}	AGACAATGTC	TGAGGTGGAG	GAAAACCTAG	TCCTTGGTTT	AGCGCAAATA
msa442667.2{248_090}	AGACAATGTC	TGAGGTGGAG	GAAAACCTAG	TCCTTGGTTT	AGCGCAAATA
msa442667.2{248_CJB110}	AGACAATGTC	TGAGGTGGAG	GAAAACCTAG	TCCTTGGTTT	AGCGCAAATA
msa442667.2{248_1169NT}	AGACAATGTC	TGAGGTGGAG	GAAAACCTAG	TCCTTGGTTT	AGCGCAAATA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa442667.2{248_18RS21}	TTTTCAGGAC	AACTGGCAAT	GGGGATAACA	GAGGAACAAA	ATAAGTTAGC
msa442667.2{248_2603}	TTTTCAGGAC	AACTGGCAAT	GGGGATAACA	GAGGAACAAA	ATAAGTTAGC
msa442667.2{248_A909}	TTTTCAGGAC	AACTGGCAAT	GGGGATAACA	GAGGAACAAA	ATAAGTTAGC
msa442667.2{248_H36B}	TTTTCAGGAC	AACTGGCAAT	GGGGATAACA	GAGGAACAAA	ATAAGTTAGC
msa442667.2{248_JM9130013}	TTTTCAGGAC	AACTGGCAAT	GGGGATAACA	GAGGAACAAA	ATAAGTTAGC
msa442667.2{248_COH1}	TTTTCAGGAC	AACTGGCAAT	GGGGATAACA	GAGGAACAAA	ATAAGTTAGC
msa442667.2{248_M781}	TTTTCAGGAC	AACTGGCAAT	GGGGATAACA	GAGGAACAAA	ATAAGTTAGC
msa442667.2{248_M732}	TTTTCAGGAC	AACTGGCAAT	GGGGATAACA	GAGGAACAAA	ATAAGTTAGC
msa442667.2{248_090}	TTTTCAGGAC	AACTGGCAAT	GGGGATAACA	GAGGAACAAA	ATAAGTTAGC
msa442667.2{248_CJB110}	TTTTCAGGAC	AACTGGCAAT	GGGGATAACA	GAGGAACAAA	ATAAGTTAGC
msa442667.2{248_1169NT}	TTTTCAGGAC	AACTGGCAAT	GGGGATAACA	GAGGAACAAA	ATAAGTTAGC
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa442667.2{248_18RS21}	CAGTATGGCA	GAGATAAAGG	CTTTACAAGC	ACAAATCAAC	CCTCATTTCT
msa442667.2{248_2603}	CAGTATGGCA	GAGATAAAGG	CTTTACAAGC	ACAAATCAAC	CCTCATTTCT
msa442667.2{248_A909}	CAGTATGGCA	GAGATAAAGG	CTTTACAAGC	ACAAATCAAC	CCTCATTTCT
msa442667.2{248_H36B}	CAGTATGGCA	GAGATAAAGG	CTTTACAAGC	ACAAATCAAC	CCTCATTTCT
msa442667.2{248_JM9130013}	CAGTATGGCA	GAGATAAAGG	CTTTACAAGC	ACAAATCAAC	CCTCATTTCT
msa442667.2{248_COH1}	CAGTATGGCA	GAGATAAAGG	CTTTACAAGC	ACAAATCAAC	CCTCATTTCT
msa442667.2{248_M781}	CAGTATGGCA	GAGATAAAGG	CTTTACAAGC	ACAAATCAAC	CCTCATTTCT
msa442667.2{248_M732}	CAGTATGGCA	GAGATAAAGG	CTTTACAAGC	ACAAATCAAC	CCTCATTTCT
msa442667.2{248_090}	CAGTATGGCA	GAGATAAAGG	CTTTACAAGC	ACAAATCAAC	CCTCATTTCT
msa442667.2{248_CJB110}	CAGTATGGCA	GAGATAAAGG	CTTTACAAGC	ACAAATCAAC	CCTCATTTCT
msa442667.2{248_1169NT}	CAGTATGGCA	GAGATAAAGG	CTTTACAAGC	ACAAATCAAC	CCTCATTTCT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****

Table 58: Comparative Sequences relating to SAG0182

msa442667.2{248_18RS21}	1151	TCTTTAATGC	CATTAACACA	ATTAGTGCAT	TAATCCGTAT	1200	TGATTCTGAT
		TCTTTAATGC	CATTAACACA	ATTAGTGCAT	TAATCCGTAT		TGATTCTGAT
		TCTTTAATGC	CATTAACACA	ATTAGTGCAT	TAATCCGTAT		TGATTCTGAT
		TCTTTAATGC	CATTAACACA	ATTAGTGCAT	TAATCCGTAT		TGATTCTGAT
		TCTTTAATGC	CATTAACACA	ATTAGTGCAT	TAATCCGTAT		TGATTCTGAT
		TCTTTAATGC	CATTAACACA	ATTAGTGCAT	TAATCCGTAT		TGATTCTGAT
		TCTTTAATGC	CATTAACACA	ATTAGTGCAT	TAATCCGTAT		TGATTCTGAT
		TCTTTAATGC	CATTAACACA	ATTAGTGCAT	TAATCCGTAT		TGATTCTGAT
		TCTTTAATGC	CATTAACACA	ATTAGTGCAT	TAATCCGTAT		TGATTCTGAT
		TCTTTAATGC	CATTAACACA	ATTAGTGCAT	TAATCCGTAT		TGATTCTGAT
msa442667.2{248_1169NT}		TCTTTAATGC	CATTAACACA	ATTAGTGCAT	TAATCCGTAT		TGATTCTGAT
Consensus		*****	*****	*****	*****	*****	*****
msa442667.2{248_18RS21}	1201	AAAGCACGTT	ATGCACTGAT	GCAGTTAAGT	ACTTTTTTTA	1250	GAACAAGTTT
		AAAGCACGTT	ATGCACTGAT	GCAGTTAAGT	ACTTTTTTTA		GAACAAGTTT
		AAAGCACGTT	ATGCACTGAT	GCAGTTAAGT	ACTTTTTTTA		GAACAAGTTT
		AAAGCACGTT	ATGCACTGAT	GCAGTTAAGT	ACTTTTTTTA		GAACAAGTTT
		AAAGCACGTT	ATGCACTGAT	GCAGTTAAGT	ACTTTTTTTA		GAACAAGTTT
		AAAGCACGTT	ATGCACTGAT	GCAGTTAAGT	ACTTTTTTTA		GAACAAGTTT
		AAAGCACGTT	ATGCACTGAT	GCAGTTAAGT	ACTTTTTTTA		GAACAAGTTT
		AAAGCACGTT	ATGCACTGAT	GCAGTTAAGT	ACTTTTTTTA		GAACAAGTTT
		AAAGCACGTT	ATGCACTGAT	GCAGTTAAGT	ACTTTTTTTA		GAACAAGTTT
		AAAGCACGTT	ATGCACTGAT	GCAGTTAAGT	ACTTTTTTTA		GAACAAGTTT
msa442667.2{248_1169NT}		AAAGCACGTT	ATGCACTGAT	GCAGTTAAGT	ACTTTTTTTA		GAACAAGTTT
Consensus		*****	*****	*****	*****	*****	*****
msa442667.2{248_18RS21}	1251	GCAGGGTGGT	CAGGATCGTG	AGGTAACGCT	TGAGCAAGAA	1300	AAATCACATG
		GCAGGGTGGT	CAGGATCGTG	AGGTAACGCT	TGAGCAAGAA		AAATCACATG
		GCAGGGTGGT	CAGGATCGTG	AGGTAACGCT	TGAGCAAGAA		AAATCACATG
		GCAGGGTGGT	CAGGATCGTG	AGGTAACGCT	TGAGCAAGAA		AAATCACATG
		GCAGGGTGGT	CAGGATCGTG	AGGTAACGCT	TGAGCAAGAA		AAATCACATG
		GCAGGGTGGT	CAGGATCGTG	AGGTAACGCT	TGAGCAAGAA		AAATCACATG
		GCAGGGTGGT	CAGGATCGTG	AGGTAACGCT	TGAGCAAGAA		AAATCACATG
		GCAGGGTGGT	CAGGATCGTG	AGGTAACGCT	TGAGCAAGAA		AAATCACATG
		GCAGGGTGGT	CAGGATCGTG	AGGTAACGCT	TGAGCAAGAA		AAATCACATG
		GCAGGGTGGT	CAGGATCGTG	AGGTAACGCT	TGAGCAAGAA		AAATCACATG
msa442667.2{248_1169NT}		GCAGGGTGGT	CAGGATCGTG	AGGTAACGCT	TGAGCAAGAA		AAATCACATG
Consensus		***-*****	*****	*****	*****	*****	*****
msa442667.2{248_18RS21}	1301	TGGATGCTTA	TATGAATGTT	GAAAAATTAC	GTTTCCCTGA	1350	TAAATATCAG
		TGGATGCTTA	TATGAATGTT	GAAAAATTAC	GTTTCCCTGA		TAAATATCAG
		TGGATGCTTA	TATGAATGTT	GAAAAATTAC	GTTTCCCTGA		TAAATATCAG
		TGGATGCTTA	TATGAATGTT	GAAAAATTAC	GTTTCCCTGA		TAAATATCAG
		TGGATGCTTA	TATGAATGTT	GAAAAATTAC	GTTTCCCTGA		TAAATATCAG
		TGGATGCTTA	TATGAATGTT	GAAAAATTAC	GTTTCCCTGA		TAAATATCAG
		TGGATGCTTA	TATGAATGTT	GAAAAATTAC	GTTTCCCTGA		TAAATATCAG
		TGGATGCTTA	TATGAATGTT	GAAAAATTAC	GTTTCCCTGA		TAAATATCAG
		TGGATGCTTA	TATGAATGTT	GAAAAATTAC	GTTTCCCTGA		TAAATATCAG
		TGGATGCTTA	TATGAATGTT	GAAAAATTAC	GTTTCCCTGA		TAAATATCAG
msa442667.2{248_1169NT}		TGGATGCTTA	TATGAATGTT	GAAAAATTAC	GTTTCCCTGA		TAAATATCAG
Consensus		*****	*****	*****	*****	*****	*****
msa442667.2{248_18RS21}	1351	TTATCTTATG	ATATTAGTGC	ACCAGAAAAA	ATGAAGTTAC	1400	CaCCTTTTGG
		TTATCTTATG	ATATTAGTGC	ACCAGAAAAA	ATGAAGTTAC		CaCCTTTTGG
		TTATCTTATG	ATATTAGTGC	ACCAGAAAAA	ATGAAGTTAC		CaCCTTTTGG
		TTATCTTATG	ATATTAGTGC	ACCAGAAAAA	ATGAAGTTAC		CaCCTTTTGG
		TTATCTTATG	ATATTAGTGC	ACCAGAAAAA	ATGAAGTTAC		CaCCTTTTGG
		TTATCTTATG	ATATTAGTGC	ACCAGAAAAA	ATGAAGTTAC		CaCCTTTTGG
		TTATCTTATG	ATATTAGTGC	ACCAGAAAAA	ATGAAGTTAC		CaCCTTTTGG
		TTATCTTATG	ATATTAGTGC	ACCAGAAAAA	ATGAAGTTAC		CaCCTTTTGG
		TTATCTTATG	ATATTAGTGC	ACCAGAAAAA	ATGAAGTTAC		CaCCTTTTGG
		TTATCTTATG	ATATTAGTGC	ACCAGAAAAA	ATGAAGTTAC		CaCCTTTTGG
msa442667.2{248_1169NT}		TTATCTTATG	ATATTAGTGC	ACCAGAAAAA	ATGAAGTTAC		CaCCTTTTGG
Consensus		*****	*****	*****	*****	*****	*****
msa442667.2{248_18RS21}	1401	TTTACAGGTA	CTGGTAGAGA	ATGCAGTTcG	ACATGCTTTc	1450	AAAGAACGTA
		TTTACAGGTA	CTGGTAGAGA	ATGCAGTTcG	ACATGCTTTc		AAAGAACGTA
		TTTACAGGTA	CTGGTAGAGA	ATGCAGTTcG	ACATGCTTTc		AAAGAACGTA
		TTTACAGGTA	CTGGTAGAGA	ATGCAGTTcG	ACATGCTTTc		AAAGAACGTA
		TTTACAGGTA	CTGGTAGAGA	ATGCAGTTcG	ACATGCTTTc		AAAGAACGTA
		TTTACAGGTA	CTGGTAGAGA	ATGCAGTTcG	ACATGCTTTc		AAAGAACGTA
		TTTACAGGTA	CTGGTAGAGA	ATGCAGTTcG	ACATGCTTTc		AAAGAACGTA
		TTTACAGGTA	CTGGTAGAGA	ATGCAGTTcG	ACATGCTTTc		AAAGAACGTA
		TTTACAGGTA	CTGGTAGAGA	ATGCAGTTcG	ACATGCTTTc		AAAGAACGTA
		TTTACAGGTA	CTGGTAGAGA	ATGCAGTTcG	ACATGCTTTc		AAAGAACGTA
msa442667.2{248_1169NT}		TTTACAGGTA	CTGGTAGAGA	ATGCAGTTcG	ACATGCTTTc		AAAGAACGTA
Consensus		*****	*****	*****	*****	*****	*****

Table 58: Comparative Sequences relating to SAG0182

		1451			1500	
msa442667.2{248_18RS21}		AGACGGACAA	CCATATATTG	GTTCAAATAA	AGCCAGATGG	TCATTATTAT
msa442667.2{248_2603}		AGACGGACAA	CCATATATTG	GTTCAAATAA	AGCCAGATGG	TCATTATTAT
msa442667.2{248_A909}		AGACGGACAA	CCATATATTG	GTTCAAATAA	AGCCAGATGG	TCATTATTAT
msa442667.2{248_H36B}		AGACGGACAA	CCATATATTG	GTTCAAATAA	AGCCAGATGG	TCATTATTAT
msa442667.2{248_JM9130013}		AGACGGACAA	CCATATATTG	GTTCAAATAA	AGCCAGATGG	TCATTATTAT
msa442667.2{248_COH1}		AGACGGACAA	CCATATATTG	GTTCAAATAA	AGCCAGATGG	TCATTATTAT
msa442667.2{248_M781}		AGACGGACAA	CCATATATTG	GTTCAAATAA	AGCCAGATGG	TCATTATTAT
msa442667.2{248_M732}		AGACGGACAA	CCATATATTG	GTTCAAATAA	AGCCAGATGG	TCATTATTAT
msa442667.2{248_090}		AGACGGACAA	CCATATATTG	GTTCAAATAA	AGCCAGATGG	TCATTATTAT
msa442667.2{248_CJB110}		AGACGGACAA	CCATATATTG	GTTCAAATAA	AGCCAGATGG	TCATTATTAT
msa442667.2{248_1169NT}		AGACGGACAA	CCATATATTG	GTTCAAATAA	AGCCAGATGG	TCATTATTAT
Consensus		*****	*****	*****	*****	*****
		1501			1550	
msa442667.2{248_18RS21}		TGTGTTTCTG	TTAGTGACAA	TGGACAAGGA	ATCTCAGATA	CTATCAATTGA
msa442667.2{248_2603}		TGTGTTTCTG	TTAGTGACAA	TGGACAAGGA	ATCTCAGATA	CTATCAATTGA
msa442667.2{248_A909}		TGTGTTTCTG	TTAGTGACAA	TGGACAAGGA	ATCTCAGATA	CTATCAATTGA
msa442667.2{248_H36B}		TGTGTTTCTG	TTAGTGACAA	TGGACAAGGA	ATCTCAGATA	CTATCAATTGA
msa442667.2{248_JM9130013}		TGTGTTTCTG	TTAGTGACAA	TGGACAAGGA	ATCTCAGATA	CTATCAATTGA
msa442667.2{248_COH1}		TGTGTTTCTG	TTAGTGACAA	TGGACAAGGA	ATCTCAGATA	CTATCAATTGA
msa442667.2{248_M781}		TGTGTTTCTG	TTAGTGACAA	TGGACAAGGA	ATCTCAGATA	CTATCAATTGA
msa442667.2{248_M732}		TGTGTTTCTG	TTAGTGACAA	TGGACAAGGA	ATCTCAGATA	CTATCAATTGA
msa442667.2{248_090}		TGTGTTTCTG	TTAGTGACAA	TGGACAAGGA	ATCTCAGATA	CTATCAATTGA
msa442667.2{248_CJB110}		TGTGTTTCTG	TTAGTGACAA	TGGACAAGGA	ATCTCAGATA	CTATCAATTGA
msa442667.2{248_1169NT}		TGTGTTTCTG	TTAGTGACAA	TGGACAAGGA	ATCTCAGATA	CTATCAATTGA
Consensus		*****	*****	*****	*****	*****
		1551			1600	
msa442667.2{248_18RS21}		TAAATTAGGT	CAAGAAACAG	TTGCAGAGAG	TAAGGGTACA	GGTACTGCTC
msa442667.2{248_2603}		TAAATTAGGT	CAAGAAACAG	TTGCAGAGAG	TAAGGGTACA	GGTACTGCTC
msa442667.2{248_A909}		TAAATTAGGT	CAAGAAACAG	TTGCAGAGAG	TAAGGGTACA	GGTACTGCTC
msa442667.2{248_H36B}		TAAATTAGGT	CAAGAAACAG	TTGCAGAGAG	TAAGGGTACA	GGTACTGCTC
msa442667.2{248_JM9130013}		TAAATTAGGT	CAAGAAACAG	TTGCAGAGAG	TAAGGGTACA	GGTACTGCTC
msa442667.2{248_COH1}		TAAATTAGGT	CAAGAAACAG	TTGCAGAGAG	TAAGGGTACA	GGTACTGCTC
msa442667.2{248_M781}		TAAATTAGGT	CAAGAAACAG	TTGCAGAGAG	TAAGGGTACA	GGTACTGCTC
msa442667.2{248_M732}		TAAATTAGGT	CAAGAAACAG	TTGCAGAGAG	TAAGGGTACA	GGTACTGCTC
msa442667.2{248_090}		TAAATTAGGT	CAAGAAACAG	TTGCAGAGAG	TAAGGGTACA	GGTACTGCTC
msa442667.2{248_CJB110}		TAAATTAGGT	CAAGAAACAG	TTGCAGAGAG	TAAGGGTACA	GGTACTGCTC
msa442667.2{248_1169NT}		TAAATTAGGT	CAAGAAACAG	TTGCAGAGAG	TAAGGGTACA	GGTACTGCTC
Consensus		*****	*****	*****	*****	*****
		1601			1650	
msa442667.2{248_18RS21}		TAGTTAATCT	AAATAACAGG	CTGAATTTAT	TATATGGTAG	TGTAAGTTGC
msa442667.2{248_2603}		TAGTTAATCT	AAATAACAGG	CTGAATTTAT	TATATGGTAG	TGTAAGTTGC
msa442667.2{248_A909}		TAGTTAATCT	AAATAACAGG	CTGAATTTAT	TATATGGTAG	TGTAAGTTGC
msa442667.2{248_H36B}		TAGTTAATCT	AAATAACAGG	CTGAATTTAT	TATATGGTAG	TGTAAGTTGC
msa442667.2{248_JM9130013}		TAGTTAATCT	AAATAACAGG	CTGAATTTAT	TATATGGTAG	TGTAAGTTGC
msa442667.2{248_COH1}		TAGTTAATCT	AAATAACAGG	CTGAATTTAT	TATATGGTAG	TGTAAGTTGC
msa442667.2{248_M781}		TAGTTAATCT	AAATAACAGG	CTGAATTTAT	TATATGGTAG	TGTAAGTTGC
msa442667.2{248_M732}		TAGTTAATCT	AAATAACAGG	CTGAATTTAT	TATATGGTAG	TGTAAGTTGC
msa442667.2{248_090}		TAGTTAATCT	AAATAACAGG	CTGAATTTAT	TATATGGTAG	TGTAAGTTGC
msa442667.2{248_CJB110}		TAGTTAATCT	AAATAACAGG	CTGAATTTAT	TATATGGTAG	TGTAAGTTGC
msa442667.2{248_1169NT}		TAGTTAATCT	AAATAACAGG	CTGAATTTAT	TATATGGTAG	TGTAAGTTGC
Consensus		*****	*****	*****	*****	*****
		1651			1700	
msa442667.2{248_18RS21}		CTTCATTTTT	CGAGCGACAA	GAATGGTACA	AAAGTTTGGT	ATCGAATACC
msa442667.2{248_2603}		CTTCATTTTT	CGAGCGACAA	GAATGGTACA	AAAGTTTGGT	ATCGAATACC
msa442667.2{248_A909}		CTTCATTTTT	CGAGCGACAA	GAATGGTACA	AAAGTTTGGT	ATCGAATACC
msa442667.2{248_H36B}		CTTCATTTTT	CGAGCGACAA	GAATGGTACA	AAAGTTTGGT	ATCGAATACC
msa442667.2{248_JM9130013}		CTTCATTTTT	CGAGCGACAA	GAATGGTACA	AAAGTTTGGT	ATCGAATACC
msa442667.2{248_COH1}		CTTCATTTTT	CGAGCGACAA	GAATGGTACA	AAAGTTTGGT	ATCGAATACC
msa442667.2{248_M781}		CTTCATTTTT	CGAGCGACAA	GAATGGTACA	AAAGTTTGGT	ATCGAATACC
msa442667.2{248_M732}		CTTCATTTTT	CGAGCGACAA	GAATGGTACA	AAAGTTTGGT	ATCGAATACC
msa442667.2{248_090}		CTTCATTTTT	CGAGCGACAA	GAATGGTACA	AAAGTTTGGT	ATCGAATACC
msa442667.2{248_CJB110}		CTTCATTTTT	CGAGCGACAA	GAATGGTACA	AAAGTTTGGT	ATCGAATACC
msa442667.2{248_1169NT}		CTTCATTTTT	CGAGCGACAA	GAATGGTACA	AAAGTTTGGT	ATCGAATACC
Consensus		*****	*****	*****	*****	*****
		1701			1740	
msa442667.2{248_18RS21}		TAATAGAATA	AGGGAGGATG	AGCATGAAAA	TTTTAATTCT	
msa442667.2{248_2603}		TAATAGAATA	AGGGAGGATG	AGCATGAAAA	TTTTAATTCT	
msa442667.2{248_A909}		TAATAGAATA	AGGGAGGATG	AGCATGAAAA	TTTTAATTCT	
msa442667.2{248_H36B}		TAATAGAATA	AGGGAGGATG	AGCATGAAAA	TTTTAATTCT	
msa442667.2{248_JM9130013}		TAATAGAATA	AGGGAGGATG	AGCATGAAAA	TTTTAATTCT	
msa442667.2{248_COH1}		TAATAGAATA	AGGGAGGATG	AGCATGAAAA	TTTTAATTCT	
msa442667.2{248_M781}		TAATAGAATA	AGGGAGGATG	AGCATGAAAA	TTTTAATTCT	
msa442667.2{248_M732}		TAATAGAATA	AGGGAGGATG	AGCATGAAAA	TTTTAATTCT	
msa442667.2{248_090}		TAATAGAATA	AGGGAGGATG	AGCATGAAAA	TTTTAATTCT	
msa442667.2{248_CJB110}		TAATAGAATA	AGGGAGGATG	AGCATGAAAA	TTTTAATTCT	
msa442667.2{248_1169NT}		TAATAGAATA	AGGGAGGATG	AGCATGAAAA	TTTTAATTCT	



Table 58: Comparative Sequences relating to SAG0182

Consensus \*\*\*\*\*

SEQ ID NO. 5811

STRAIN 2603 frame: 1

LMVLLFQRLGIIMILAFLLVNNSYFRQLIEERSKRETVVLVIIFGLFVVISNITGIEIKG  
 DRSLVERPFLTTISHSDSLANTRTLVITTASLVGGPLVGSIVGFIGGVHRFFQGSFSGSF  
 YIVSSVLVGVISGKIGDKLKENHLYPSTSQVILISIIAESIQMLFVGIFGTWELVKMIVI  
 PMMILNSLSTLFLAILKTYLSNESQLRAVQTRDVLELTRQTLPLYLRQGLTPQSARSVCE  
 IIKRHTNFDVAGLTDNRNVLAHIGVGHDDHIIAGQPVKTDLSKSVIFDGEPRIAQDKAAIS  
 CPDHNQCQLNSAIVVPLKINDKTGALKMYFAGDKTMSEVEENLVGLAQIFSGQLAMGIT  
 EQNKLASMAEIKALQAQINPHFFFNAINITISALIRIDSDKARYALMQLSTFFRTSLQGG  
 QDREVTLEQEKSHVDAYMNVKLRFPDKYQLSYDISAPEKMKLPPFGLQVLVENAVRHAF  
 KERKTDNHILVQIKPDGHYYCVSVSDNGQGISDTIIDKLQGETVAESKGTGTALVNLNLR  
 LNLLYGSVSLHFSDDKNGTKVWYRIPNRIREDEHENFNS

SEQ ID NO. 5812

STRAIN 090 frame: 1

LMVLLFQRLGIIMILAFLLVNNSYFRQLIEERSKRETVVLVIIFGLFVVISNITGIEIKG  
 DRSLVERPFLTTISHSDSLANTRTLVITTASLVGGPLVGSIVGFIGGVHRFFQGSFSGSF  
 YIVSSVLVGVISGKIGDKLKENHLYPSTSQVILISIIAESIQMLFVGIFGTWELVKMIVI  
 PMMILNSLSTLFLAILKTYLSNESQLRAVQTRDVLELTRQTLPLYLRQGLTPQSARSVCE  
 IIKRHTNFDVAGLTDNRNVLAHIGVGHDDHIIAGQPVKTDLSKSVIFDGEPRIAQDKAAIS  
 CPDHNQCQLNSAIVVPLKINDKTGALKMYFAGDKTMSEVEENLVGLAQIFSGQLAMGIT  
 EQNKLASMAEIKALQAQINPHFFFNAINITISALIRIDSDKARYALMQLSTFFRTSLQGG  
 QDREVTLEQEKSHVDAYMNVKLRFPDKYQLSYDISAPEKMKLPPFGLQVLVENAVRHAF  
 KERKTDNHILVQIKPDGHYYCVSVSDNGQGISDTIIDKLQGETVAESKGTGTALVNLNLR  
 LNLLYGSVSLHFSDDKNGTKVWYRIPNRIREDEHENFNS

SEQ ID NO. 5813

STRAIN A909 frame: 1

LMVLLFQRLGIIMILAFLLVNNSYFRQLIEERSKRETVVLVIIFGLFVVISNITGIEIKG  
 DRSLVERPFLTTISHSDSLANTRTLVITTASLVGGPLVGSIVGFIGGVHRFFQGSFSGSF  
 YIVSSVLVGVISGKIGDKLKENHLYPSTSQVILISIIAESIQMLFVGIFGTWELVKMIVI  
 PMMILNSLSTLFLAILKTYLSNESQLRAVQTRDVLELTRQTLPLYLRQGLTPQSARSVCE  
 IIKRHTNFDVAGLTDNRNVLAHIGVGHDDHIIAGQPVKTDLSKSVIFDGEPRIAQDKAAIS  
 CPDHNQCQLNSAIVVPLKINDKTGALKMYFAGDKTMSEVEENLVGLAQIFSGQLAMGIT  
 EQNKLASMAEIKALQAQINPHFFFNAINITISALIRIDSDKARYALMQLSTFFRTSLQGG  
 QDREVTLEQEKSHVDAYMNVKLRFPDKYQLSYDISAPEKMKLPPFGLQVLVENAVRHAF  
 KERKTDNHILVQIKPDGHYYCVSVSDNGQGISDTIIDKLQGETVAESKGTGTALVNLNLR  
 LNLLYGSVSLHFSDDKNGTKVWYRIPNRIREDEHENFNS

SEQ ID NO. 5814

STRAIN H36B frame: 1

LMVLLFQRLGIIMILAFLLVNNSYFRQLIEERSKRETVVLVIIFGLFVVISNITGIEIKG  
 DRSLVERPFLTTISHSDSLANTRTLVITTASLVGGPLVGSIVGFIGGVHRFFQGSFSGSF  
 YIVSSVLVGVISGKIGDKLKENHLYPSTSQVILISIIAESIQMLFVGIFGTWELVKMIVI  
 PMMILNSLSTLFLAILKTYLSNESQLRAVQTRDVLELTRQTLPLYLRQGLTPQSARSVCE  
 IIKRHTNFDVAGLTDNRNVLAHIGVGHDDHIIAGQPVKTDLSKSVIFDGEPRIAQDKAAIS  
 CPDHNQCQLNSAIVVPLKINDKTGALKMYFAGDKTMSEVEENLVGLAQIFSGQLAMGIT  
 EQNKLASMAEIKALQAQINPHFFFNAINITISALIRIDSDKARYALMQLSTFFRTSLQGG  
 QDREVTLEQEKSHVDAYMNVKLRFPDKYQLSYDISAPEKMKLPPFGLQVLVENAVRHAF  
 KERKTDNHILVQIKPDGHYYCVSVSDNGQGISDTIIDKLQGETVAESKGTGTALVNLNLR  
 LNLLYGSVSLHFSDDKNGTKVWYRIPNRIREDEHENFNS

SEQ ID NO. 5815

STRAIN 18RS21 frame: 1

LMVLLFQRLGIIMILAFLLVNNSYFRQLIEERSKRETVVLVIIFGLFVVISNITGIEIKG  
 DRSLVERPFLTTISHSDSLANTRTLVITTASLVGGPLVGSIVGFIGGVHRFFQGSFSGSF  
 YIVSSVLVGVISGKIGDKLKENHLYPSTSQVILISIIAESIQMLFVGIFGTWELVKMIVI  
 PMMILNSLSTLFLAILKTYLSNESQLRAVQTRDVLELTRQTLPLYLRQGLTPQSARSVCE  
 IIKRHTNFDVAGLTDNRNVLAHIGVGHDDHIIAGQPVKTDLSKSVIFDGEPRIAQDKAAIS  
 CPDHNQCQLNSAIVVPLKINDKTGALKMYFAGDKTMSEVEENLVGLAQIFSGQLAMGIT  
 EQNKLASMAEIKALQAQINPHFFFNAINITISALIRIDSDKARYALMQLSTFFRTSLQGG  
 QDREVTLEQEKSHVDAYMNVKLRFPDKYQLSYDISAPEKMKLPPFGLQVLVENAVRHAF  
 KERKTDNHILVQIKPDGHYYCVSVSDNGQGISDTIIDKLQGETVAESKGTGTALVNLNLR  
 LNLLYGSVSLHFSDDKNGTKVWYRIPNRIREDEHENFNS

SEQ ID NO. 5816

STRAIN M732 frame: 1

LMVLLFQRLGIIMILAFLLVNNSYFRQLIEERSKRETVVLVIIFGLFVVISNITGIEIKG  
 DRSLVERPFLTTISHSDSLANTRTLVITTASLVGGPLVGSIVGFIGGVHRFFQGSFSGSF  
 YIVSSVLVGVISGKIGDKLKENHLYPSTSQVILISIIAESIQMLFVGIFGTWELVKMIVI  
 PMMILNSLSTLFLAILKTYLSNESQLRAVQTRDVLELTRQTLPLYLRQGLTPQSARSVCE  
 IIKRHTNFDVAGLTDNRNVLAHIGVGHDDHIIAGQPVKTDLSKSVIFDGEPRIAQDKAAIS  
 CPDHNQCQLNSAIVVPLKINDKTGALKMYFAGDKTMSEVEENLVGLAQIFSGQLAMGIT  
 EQNKLASMAEIKALQAQINPHFFFNAINITISALIRIDSDKARYALMQLSTFFRTSLQGG  
 QDREVTLEQEKSHVDAYMNVKLRFPDKYQLSYDISAPEKMKLPPFGLQVLVENAVRHAF  
 KERKTDNHILVQIKPDGHYYCVSVSDNGQGISDTIIDKLQGETVAESKGTGTALVNLNLR  
 LNLLYGSVSLHFSDDKNGTKVWYRIPNRIREDEHENFNS

SEQ ID NO. 5817

Table 58: Comparative Sequences relating to SAG0182

STRAIN COH1 frame: 1

LMVLLFQRLGIIMILAFLLVNNSYFRQLIBERSKRETVVLVIIFGLFVIIISNITGIEIKG  
 DRSLVERPFLTTISHSDSLANTRTLVITTASLVGGPLVGSIVGFIGGVHRFFQGSFSGSF  
 YIVSSVLVGIIVSGKIGDKLKENHLYPSTSQVILISIIAESIQMLFVGIFTGWELVKMIVI  
 PMMILNSLGSSTLFLAILKTYLSNESQLRAVQTRDVLRLTQTLPLRQGLTPQSARSVCE  
 IIKRHTNFDAVGLTDRSNVLAHIGVGHDDHIIAGQPVKTDLSKSVIFDGEPRIAQDKAAIS  
 CPDHNCQLNSAIIVVPLKINDKTVCALKMYFAGDKTMSEVEENLVGLAQIFSGQLAMGIT  
 EEQNKLASMAEIKALQAQINPHFFFNAINITISALIRIDSDKARYALMQLSTFFRTSLQGG  
 QDREVTLEQEKSHVDAYMNVKLRFPDKYQLSYDISAPEKMKLPPFGLQVLVENAVRHAF  
 KERKTDNHILVQIKPDGHYYCVSVSDNGQGISDTIIDKLQGETVAESKGTGTALVNLNNR  
 LNLLYGSVSLHFSSDKNGTKVWYRIPNRIREDEHENFNS

SEQ ID NO. 5818

STRAIN M781 frame: 1

LMVLLFQRLGIIMILAFLLVNNSYFRQLIBERSKRETVVLVIIFGLFVIIISNITGIEIKG  
 DRSLVERPFLTTISHSDSLANTRTLVITTASLVGGPLVGSIVGFIGGVHRFFQGSFSGSF  
 YIVSSVLVGIIVSGKIGDKLKENHLYPSTSQVILISIIAESIQMLFVGIFTGWELVKMIVI  
 PMMILNSLGSSTLFLAILKTYLSNESQLRAVQTRDVLRLTQTLPLRQGLTPQSARSVCE  
 IIKRHTNFDAVGLTDRSNVLAHIGVGHDDHIIAGQPVKTDLSKSVIFDGEPRIAQDKAAIS  
 CPDHNCQLNSAIIVVPLKINDKTVCALKMYFAGDKTMSEVEENLVGLAQIFSGQLAMGIT  
 EEQNKLASMAEIKALQAQINPHFFFNAINITISALIRIDSDKARYALMQLSTFFRTSLQGG  
 QDREVTLEQEKSHVDAYMNVKLRFPDKYQLSYDISAPEKMKLPPFGLQVLVENAVRHAF  
 KERKTDNHILVQIKPDGHYYCVSVSDNGQGISDTIIDKLQGETVAESKGTGTALVNLNNR  
 LNLLYGSVSLHFSSDKNGTKVWYRIPNRIREDEHENFNS

SEQ ID NO. 5819

STRAIN CJB110 frame: 1

LMVLLFQRLGIIMILAFLLVNNSYFRQLIBERSKRETVVLVIIFGLFVIIISNITGIEIKG  
 DRSLVERPFLTTISHSDSLANTRTLVITTASLVGGPLVGSIVGFIGGVHRFFQGSFSGSF  
 YIVSSVLVGIIVSGKIGDKLKENHLYPSTSQVILISIIAESIQMLFVGIFTGWELVKMIVI  
 PMMILNSLGSSTLFLAILKTYLSNESQLRAVQTRDVLRLTQTLPLRQGLTPQSARSVCE  
 IIKRHTNFDAVGLTDRSNVLAHIGVGHDDHIIAGQPVKTDLSKSVIFDGEPRIAQDKAAIS  
 CPDHNCQLNSAIIVVPLKINDKTVCALKMYFAGDKTMSEVEENLVGLAQIFSGQLAMGIT  
 EEQNKLASMAEIKALQAQINPHFFFNAINITISALIRIDSDKARYALMQLSTFFRTSLQGG  
 QDREVTLEQEKSHVDAYMNVKLRFPDKYQLSYDISAPEKMKLPPFGLQVLVENAVRHAF  
 KERKTDNHILVQIKPDGHYYCVSVSDNGQGISDTIIDKLQGETVAESKGTGTALVNLNNR  
 LNLLYGSVSLHFSSDKNGTKVWYRIPNRIREDEHENFNS

SEQ ID NO. 5820

STRAIN 1169NT frame: 1

LMVLLFQRLGIIMILAFLLVNNSYFRQLIBERSKRETVVLVIIFGLFVIIISNITGIEIKG  
 DRSLVERPFLTTISHSDSLANTRTLVITTASLVGGPLVGSIVGFIGGVHRFFQGSFSGSF  
 YIVSSVLVGIIVSGKIGDKLKENHLYPSTSQVILISIIAESIQMLFVGIFTGWELVKMIVI  
 PMMILNSLGSSTLFLAILKTYLSNESQLRAVQTRDVLRLTQTLPLRQGLTPQSARSVCE  
 IIKRHTNFDAVGLTDRSNVLAHIGVGHDDHIIAGQPVKTDLSKSVIFDGEPRIAQDKAAIS  
 CPDHNCQLNSAIIVVPLKINDKTVCALKMYFAGDKTMSEVEENLVGLAQIFSGQLAMGIT  
 EEQNKLASMAEIKALQAQINPHFFFNAINITISALIRIDSDKARYALMQLSTFFRTSLQGG  
 QDREVTLEQEKSHVDAYMNVKLRFPDKYQLSYDISAPEKMKLPPFGLQVLVENAVRHAF  
 KERKTDNHILVQIKPDGHYYCVSVSDNGQGISDTIIDKLQGETVAESKGTGTALVNLNNR  
 LNLLYGSVSLHFSSDKNGTKVWYRIPNRIREDEHENFNS

SEQ ID NO. 5821

STRAIN JM9130013 frame: 1

LMVLLFQRLGIIMILAFLLVNNSYFRQLIBERSKRETVVLVIIFGLFVIIISNITGIEIKG  
 DRSLVERPFLTTISHSDSLANTRTLVITTASLVGGPLVGSIVGFIGGVHRFFQGSFSGSF  
 YIVSSVLVGIIVSGKIGDKLKENHLYPSTSQVILISIIAESIQMLFVGIFTGWELVKMIVI  
 PMMILNSLGSSTLFLAILKTYLSNESQLRAVQTRDVLRLTQTLPLRQGLTPQSARSVCE  
 IIKRHTNFDAVGLTDRSNVLAHIGVGHDDHIIAGQPVKTDLSKSVIFDGEPRIAQDKAAIS  
 CPDHNCQLNSAIIVVPLKINDKTVCALKMYFAGDKTMSEVEENLVGLAQIFSGQLAMGIT  
 EEQNKLASMAEIKALQAQINPHFFFNAINITISALIRIDSDKARYALMQLSTFFRTSLQGG  
 QDREVTLEQEKSHVDAYMNVKLRFPDKYQLSYDISAPEKMKLPPFGLQVLVENAVRHAF  
 KERKTDNHILVQIKPDGHYYCVSVSDNGQGISDTIIDKLQGETVAESKGTGTALVNLNNR  
 LNLLYGSVSLHFSSDKNGTKVWYRIPNRIREDEHENFNS

PRETTY of: /biotmp/msa442834.2(\*) January 13, 2003 06:47 ..

	1	50
msa442834.2{248_090}	LMVLLFQRLG IIMILAFLLV NNSYFRQLIE ERSKRETVVL VIIIFGLFVII	
msa442834.2{248_1169NT}	LMVLLFQRLG IIMILAFLLV NNSYFRQLIE ERSKRETVVL VIIIFGLFVII	
msa442834.2{248_18RS21}	LMVLLFQRLG IIMILAFLLV NNSYFRQLIE ERSKRETVVL VIIIFGLFVII	
msa442834.2{248_2603}	LMVLLFQRLG IIMILAFLLV NNSYFRQLIE ERSKRETVVL VIIIFGLFVII	
msa442834.2{248_A909}	LMVLLFQRLG IIMILAFLLV NNSYFRQLIE ERSKRETVVL VIIIFGLFVII	
msa442834.2{248_CJB110}	LMVLLFQRLG IIMILAFLLV NNSYFRQLIE ERSKRETVVL VIIIFGLFVII	
msa442834.2{248_H36B}	LMVLLFQRLG IIMILAFLLV NNSYFRQLIE ERSKRETVVL VIIIFGLFVII	
msa442834.2{248_JM9130013}	LMVLLFQRLG IIMILAFLLV NNSYFRQLIE ERSKRETVVL VIIIFGLFVII	
msa442834.2{248_COH1}	LMVLLFQRLG IIMILAFLLV NNSYFRQLIE ERSKRETVVL VIIIFGLFVII	
msa442834.2{248_M781}	LMVLLFQRLG IIMILAFLLV NNSYFRQLIE ERSKRETVVL VIIIFGLFVII	
msa442834.2{248_M732}	LMVLLFQRLG IIMILAFLLV NNSYFRQLIE ERSKRETVVL VIIIFGLFVII	
Consensus	*****	
	51	100
msa442834.2{248_090}	SNITGIEIKG DRSLVERPFL TTISHSDSLA NTRTLVITTA SLVGGPLVGS	
msa442834.2{248_1169NT}	SNITGIEIKG DRSLVERPFL TTISHSDSLA NTRTLVITTA SLVGGPLVGS	

Table 58: Comparative Sequences relating to SAG0182

msa442834.2{248_18RS21}	SNITGIEIKG	DRSLVERPFL	TTISHSDSLA	NRTTLVITTA	SLVGGPLVGS	
msa442834.2{248_2603}	SNITGIEIKG	DRSLVERPFL	TTISHSDSLA	NRTTLVITTA	SLVGGPLVGS	
msa442834.2{248_A909}	SNITGIEIKG	DRSLVERPFL	TTISHSDSLA	NRTTLVITTA	SLVGGPLVGS	
msa442834.2{248_CJB110}	SNITGIEIKG	DRSLVERPFL	TTISHSDSLA	NRTTLVITTA	SLVGGPLVGS	
msa442834.2{248_H36B}	SNITGIEIKG	DRSLVERPFL	TTISHSDSLA	NRTTLVITTA	SLVGGPLVGS	
msa442834.2{248_JM9130013}	SNITGIEIKG	DRSLVERPFL	TTISHSDSLA	NRTTLVITTA	SLVGGPLVGS	
msa442834.2{248_COH1}	SNITGIEIKG	DRSLVERPFL	TTISHSDSLA	NRTTLVITTA	SLVGGPLVGS	
msa442834.2{248_M781}	SNITGIEIKG	DRSLVERPFL	TTISHSDSLA	NRTTLVITTA	SLVGGPLVGS	
msa442834.2{248_M732}	SNITGIEIKG	DRSLVERPFL	TTISHSDSLA	NRTTLVITTA	SLVGGPLVGS	
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****	
msa442834.2{248_090}	101	IVGFIGGVHR	FFQGSFSGSF	YIVSSVLVGI	VSGKIGDKLK	ENHLYPSTSQ
msa442834.2{248_1169NT}	101	IVGFIGGVHR	FFQGSFSGSF	YIVSSVLVGI	VSGKIGDKLK	ENHLYPSTSQ
msa442834.2{248_18RS21}	101	IVGFIGGVHR	FFQGSFSGSF	YIVSSVLVGI	VSGKIGDKLK	ENHLYPSTSQ
msa442834.2{248_2603}	101	IVGFIGGVHR	FFQGSFSGSF	YIVSSVLVGI	VSGKIGDKLK	ENHLYPSTSQ
msa442834.2{248_A909}	101	IVGFIGGVHR	FFQGSFSGSF	YIVSSVLVGI	VSGKIGDKLK	ENHLYPSTSQ
msa442834.2{248_CJB110}	101	IVGFIGGVHR	FFQGSFSGSF	YIVSSVLVGI	VSGKIGDKLK	ENHLYPSTSQ
msa442834.2{248_H36B}	101	IVGFIGGVHR	FFQGSFSGSF	YIVSSVLVGI	VSGKIGDKLK	ENHLYPSTSQ
msa442834.2{248_JM9130013}	101	IVGFIGGVHR	FFQGSFSGSF	YIVSSVLVGI	VSGKIGDKLK	ENHLYPSTSQ
msa442834.2{248_COH1}	101	IVGFIGGVHR	FFQGSFSGSF	YIVSSVLVGI	VSGKIGDKLK	ENHLYPSTSQ
msa442834.2{248_M781}	101	IVGFIGGVHR	FFQGSFSGSF	YIVSSVLVGI	VSGKIGDKLK	ENHLYPSTSQ
msa442834.2{248_M732}	101	IVGFIGGVHR	FFQGSFSGSF	YIVSSVLVGI	VSGKIGDKLK	ENHLYPSTSQ
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****	*****
msa442834.2{248_090}	151	VILISIIAES	IQMLFVGIFT	GWELVKMIVI	PMMILNSLGS	TLFLAILKTY
msa442834.2{248_1169NT}	151	VILISIIAES	IQMLFVGIFT	GWELVKMIVI	PMMILNSLGS	TLFLAILKTY
msa442834.2{248_18RS21}	151	VILISIIAES	IQMLFVGIFT	GWELVKMIVI	PMMILNSLGS	TLFLAILKTY
msa442834.2{248_2603}	151	VILISIIAES	IQMLFVGIFT	GWELVKMIVI	PMMILNSLGS	TLFLAILKTY
msa442834.2{248_A909}	151	VILISIIAES	IQMLFVGIFT	GWELVKMIVI	PMMILNSLGS	TLFLAILKTY
msa442834.2{248_CJB110}	151	VILISIIAES	IQMLFVGIFT	GWELVKMIVI	PMMILNSLGS	TLFLAILKTY
msa442834.2{248_H36B}	151	VILISIIAES	IQMLFVGIFT	GWELVKMIVI	PMMILNSLGS	TLFLAILKTY
msa442834.2{248_JM9130013}	151	VILISIIAES	IQMLFVGIFT	GWELVKMIVI	PMMILNSLGS	TLFLAILKTY
msa442834.2{248_COH1}	151	VILISIIAES	IQMLFVGIFT	GWELVKMIVI	PMMILNSLGS	TLFLAILKTY
msa442834.2{248_M781}	151	VILISIIAES	IQMLFVGIFT	GWELVKMIVI	PMMILNSLGS	TLFLAILKTY
msa442834.2{248_M732}	151	VILISIIAES	IQMLFVGIFT	GWELVKMIVI	PMMILNSLGS	TLFLAILKTY
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****	*****
msa442834.2{248_090}	201	LSNESQLRAV	QTRDVLELTR	QTLPLYRQGL	TPQSARSVCE	IIKRHTNFDA
msa442834.2{248_1169NT}	201	LSNESQLRAV	QTRDVLELTR	QTLPLYRQGL	TPQSARSVCE	IIKRHTNFDA
msa442834.2{248_18RS21}	201	LSNESQLRAV	QTRDVLELTR	QTLPLYRQGL	TPQSARSVCE	IIKRHTNFDA
msa442834.2{248_2603}	201	LSNESQLRAV	QTRDVLELTR	QTLPLYRQGL	TPQSARSVCE	IIKRHTNFDA
msa442834.2{248_A909}	201	LSNESQLRAV	QTRDVLELTR	QTLPLYRQGL	TPQSARSVCE	IIKRHTNFDA
msa442834.2{248_CJB110}	201	LSNESQLRAV	QTRDVLELTR	QTLPLYRQGL	TPQSARSVCE	IIKRHTNFDA
msa442834.2{248_H36B}	201	LSNESQLRAV	QTRDVLELTR	QTLPLYRQGL	TPQSARSVCE	IIKRHTNFDA
msa442834.2{248_JM9130013}	201	LSNESQLRAV	QTRDVLELTR	QTLPLYRQGL	TPQSARSVCE	IIKRHTNFDA
msa442834.2{248_COH1}	201	LSNESQLRAV	QTRDVLELTR	QTLPLYRQGL	TPQSARSVCE	IIKRHTNFDA
msa442834.2{248_M781}	201	LSNESQLRAV	QTRDVLELTR	QTLPLYRQGL	TPQSARSVCE	IIKRHTNFDA
msa442834.2{248_M732}	201	LSNESQLRAV	QTRDVLELTR	QTLPLYRQGL	TPQSARSVCE	IIKRHTNFDA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****	*****
msa442834.2{248_090}	251	VGLTDRSNVL	AHIGvGHDHH	IAGQPVKTDL	SKSVIFDGEF	RIAQDKAAIS
msa442834.2{248_1169NT}	251	VGLTDRSNVL	AHIGvGHDHH	IAGQPVKTDL	SKSVIFDGEF	RIAQDKAAIS
msa442834.2{248_18RS21}	251	VGLTDRSNVL	AHIGvGHDHH	IAGQPVKTDL	SKSVIFDGEF	RIAQDKAAIS
msa442834.2{248_2603}	251	VGLTDRSNVL	AHIGvGHDHH	IAGQPVKTDL	SKSVIFDGEF	RIAQDKAAIS
msa442834.2{248_A909}	251	VGLTDRSNVL	AHIGvGHDHH	IAGQPVKTDL	SKSVIFDGEF	RIAQDKAAIS
msa442834.2{248_CJB110}	251	VGLTDRSNVL	AHIGvGHDHH	IAGQPVKTDL	SKSVIFDGEF	RIAQDKAAIS
msa442834.2{248_H36B}	251	VGLTDRSNVL	AHIGvGHDHH	IAGQPVKTDL	SKSVIFDGEF	RIAQDKAAIS
msa442834.2{248_JM9130013}	251	VGLTDRSNVL	AHIGvGHDHH	IAGQPVKTDL	SKSVIFDGEF	RIAQDKAAIS
msa442834.2{248_COH1}	251	VGLTDRSNVL	AHIGvGHDHH	IAGQPVKTDL	SKSVIFDGEF	RIAQDKAAIS
msa442834.2{248_M781}	251	VGLTDRSNVL	AHIGvGHDHH	IAGQPVKTDL	SKSVIFDGEF	RIAQDKAAIS
msa442834.2{248_M732}	251	VGLTDRSNVL	AHIGvGHDHH	IAGQPVKTDL	SKSVIFDGEF	RIAQDKAAIS
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****	*****
msa442834.2{248_090}	301	CPDHNCQLNS	AIVVPLKIND	KTVgALKMYF	AGDKTMSEVE	ENLVLGLAQI
msa442834.2{248_1169NT}	301	CPDHNCQLNS	AIVVPLKIND	KTVgALKMYF	AGDKTMSEVE	ENLVLGLAQI
msa442834.2{248_18RS21}	301	CPDHNCQLNS	AIVVPLKIND	KTVgALKMYF	AGDKTMSEVE	ENLVLGLAQI
msa442834.2{248_2603}	301	CPDHNCQLNS	AIVVPLKIND	KTVgALKMYF	AGDKTMSEVE	ENLVLGLAQI
msa442834.2{248_A909}	301	CPDHNCQLNS	AIVVPLKIND	KTVgALKMYF	AGDKTMSEVE	ENLVLGLAQI
msa442834.2{248_CJB110}	301	CPDHNCQLNS	AIVVPLKIND	KTVgALKMYF	AGDKTMSEVE	ENLVLGLAQI
msa442834.2{248_H36B}	301	CPDHNCQLNS	AIVVPLKIND	KTVgALKMYF	AGDKTMSEVE	ENLVLGLAQI
msa442834.2{248_JM9130013}	301	CPDHNCQLNS	AIVVPLKIND	KTVgALKMYF	AGDKTMSEVE	ENLVLGLAQI
msa442834.2{248_COH1}	301	CPDHNCQLNS	AIVVPLKIND	KTVgALKMYF	AGDKTMSEVE	ENLVLGLAQI
msa442834.2{248_M781}	301	CPDHNCQLNS	AIVVPLKIND	KTVgALKMYF	AGDKTMSEVE	ENLVLGLAQI
msa442834.2{248_M732}	301	CPDHNCQLNS	AIVVPLKIND	KTVgALKMYF	AGDKTMSEVE	ENLVLGLAQI
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****	*****
msa442834.2{248_090}	351	FSGQLAMGIT	BEQNKLASMA	BIKALQAQIN	PHFFFNAIN	ISALIRIDSD
	400					

Table 58: Comparative Sequences relating to SAG0182

msa442834.2{248_1169NT}	FSGQLAMGIT	EEQNKLASMA	EIKALQAQIN	PHFFFNAIN	ISALIRIDSD
msa442834.2{248_18RS21}	FSGQLAMGIT	EEQNKLASMA	EIKALQAQIN	PHFFFNAIN	ISALIRIDSD
msa442834.2{248_2603}	FSGQLAMGIT	EEQNKLASMA	EIKALQAQIN	PHFFFNAIN	ISALIRIDSD
msa442834.2{248_A909}	FSGQLAMGIT	EEQNKLASMA	EIKALQAQIN	PHFFFNAIN	ISALIRIDSD
msa442834.2{248_CJB110}	FSGQLAMGIT	EEQNKLASMA	EIKALQAQIN	PHFFFNAIN	ISALIRIDSD
msa442834.2{248_H36B}	FSGQLAMGIT	EEQNKLASMA	EIKALQAQIN	PHFFFNAIN	ISALIRIDSD
msa442834.2{248_JM9130013}	FSGQLAMGIT	EEQNKLASMA	EIKALQAQIN	PHFFFNAIN	ISALIRIDSD
msa442834.2{248_COH1}	FSGQLAMGIT	EEQNKLASMA	EIKALQAQIN	PHFFFNAIN	ISALIRIDSD
msa442834.2{248_M781}	FSGQLAMGIT	EEQNKLASMA	EIKALQAQIN	PHFFFNAIN	ISALIRIDSD
msa442834.2{248_M732}	FSGQLAMGIT	EEQNKLASMA	EIKALQAQIN	PHFFFNAIN	ISALIRIDSD
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa442834.2{248_090}	KARYALMQLS	TFFRSLQGG	QDREVTLEQE	KSHVDAYMNV	EKLRFDPKYY
msa442834.2{248_1169NT}	KARYALMQLS	TFFRSLQGG	QDREVTLEQE	KSHVDAYMNV	EKLRFDPKYY
msa442834.2{248_18RS21}	KARYALMQLS	TFFRSLQGG	QDREVTLEQE	KSHVDAYMNV	EKLRFDPKYY
msa442834.2{248_2603}	KARYALMQLS	TFFRSLQGG	QDREVTLEQE	KSHVDAYMNV	EKLRFDPKYY
msa442834.2{248_A909}	KARYALMQLS	TFFRSLQGG	QDREVTLEQE	KSHVDAYMNV	EKLRFDPKYY
msa442834.2{248_CJB110}	KARYALMQLS	TFFRSLQGG	QDREVTLEQE	KSHVDAYMNV	EKLRFDPKYY
msa442834.2{248_H36B}	KARYALMQLS	TFFRSLQGG	QDREVTLEQE	KSHVDAYMNV	EKLRFDPKYY
msa442834.2{248_JM9130013}	KARYALMQLS	TFFRSLQGG	QDREVTLEQE	KSHVDAYMNV	EKLRFDPKYY
msa442834.2{248_COH1}	KARYALMQLS	TFFRSLQGG	QDREVTLEQE	KSHVDAYMNV	EKLRFDPKYY
msa442834.2{248_M781}	KARYALMQLS	TFFRSLQGG	QDREVTLEQE	KSHVDAYMNV	EKLRFDPKYY
msa442834.2{248_M732}	KARYALMQLS	TFFRSLQGG	QDREVTLEQE	KSHVDAYMNV	EKLRFDPKYY
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa442834.2{248_090}	LSYDISAPEK	MKLPPFGLQV	LVENAVRHAF	KERKTDNHIL	VQIKPDGHYY
msa442834.2{248_1169NT}	LSYDISAPEK	MKLPPFGLQV	LVENAVRHAF	KERKTDNHIL	VQIKPDGHYY
msa442834.2{248_18RS21}	LSYDISAPEK	MKLPPFGLQV	LVENAVRHAF	KERKTDNHIL	VQIKPDGHYY
msa442834.2{248_2603}	LSYDISAPEK	MKLPPFGLQV	LVENAVRHAF	KERKTDNHIL	VQIKPDGHYY
msa442834.2{248_A909}	LSYDISAPEK	MKLPPFGLQV	LVENAVRHAF	KERKTDNHIL	VQIKPDGHYY
msa442834.2{248_CJB110}	LSYDISAPEK	MKLPPFGLQV	LVENAVRHAF	KERKTDNHIL	VQIKPDGHYY
msa442834.2{248_H36B}	LSYDISAPEK	MKLPPFGLQV	LVENAVRHAF	KERKTDNHIL	VQIKPDGHYY
msa442834.2{248_JM9130013}	LSYDISAPEK	MKLPPFGLQV	LVENAVRHAF	KERKTDNHIL	VQIKPDGHYY
msa442834.2{248_COH1}	LSYDISAPEK	MKLPPFGLQV	LVENAVRHAF	KERKTDNHIL	VQIKPDGHYY
msa442834.2{248_M781}	LSYDISAPEK	MKLPPFGLQV	LVENAVRHAF	KERKTDNHIL	VQIKPDGHYY
msa442834.2{248_M732}	LSYDISAPEK	MKLPPFGLQV	LVENAVRHAF	KERKTDNHIL	VQIKPDGHYY
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa442834.2{248_090}	CVSVSDNGQG	ISDTIIDKLG	QETVAESKGT	GTALVNLNLR	LNLLYGSVSC
msa442834.2{248_1169NT}	CVSVSDNGQG	ISDTIIDKLG	QETVAESKGT	GTALVNLNLR	LNLLYGSVSC
msa442834.2{248_18RS21}	CVSVSDNGQG	ISDTIIDKLG	QETVAESKGT	GTALVNLNLR	LNLLYGSVSC
msa442834.2{248_2603}	CVSVSDNGQG	ISDTIIDKLG	QETVAESKGT	GTALVNLNLR	LNLLYGSVSC
msa442834.2{248_A909}	CVSVSDNGQG	ISDTIIDKLG	QETVAESKGT	GTALVNLNLR	LNLLYGSVSC
msa442834.2{248_CJB110}	CVSVSDNGQG	ISDTIIDKLG	QETVAESKGT	GTALVNLNLR	LNLLYGSVSC
msa442834.2{248_H36B}	CVSVSDNGQG	ISDTIIDKLG	QETVAESKGT	GTALVNLNLR	LNLLYGSVSC
msa442834.2{248_JM9130013}	CVSVSDNGQG	ISDTIIDKLG	QETVAESKGT	GTALVNLNLR	LNLLYGSVSC
msa442834.2{248_COH1}	CVSVSDNGQG	ISDTIIDKLG	QETVAESKGT	GTALVNLNLR	LNLLYGSVSC
msa442834.2{248_M781}	CVSVSDNGQG	ISDTIIDKLG	QETVAESKGT	GTALVNLNLR	LNLLYGSVSC
msa442834.2{248_M732}	CVSVSDNGQG	ISDTIIDKLG	QETVAESKGT	GTALVNLNLR	LNLLYGSVSC
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa442834.2{248_090}	LHFSSDKNGT	KVWYRIPNRI	REDEHENFNS		
msa442834.2{248_1169NT}	LHFSSDKNGT	KVWYRIPNRI	REDEHENFNS		
msa442834.2{248_18RS21}	LHFSSDKNGT	KVWYRIPNRI	REDEHENFNS		
msa442834.2{248_2603}	LHFSSDKNGT	KVWYRIPNRI	REDEHENFNS		
msa442834.2{248_A909}	LHFSSDKNGT	KVWYRIPNRI	REDEHENFNS		
msa442834.2{248_CJB110}	LHFSSDKNGT	KVWYRIPNRI	REDEHENFNS		
msa442834.2{248_H36B}	LHFSSDKNGT	KVWYRIPNRI	REDEHENFNS		
msa442834.2{248_JM9130013}	LHFSSDKNGT	KVWYRIPNRI	REDEHENFNS		
msa442834.2{248_COH1}	LHFSSDKNGT	KVWYRIPNRI	REDEHENFNS		
msa442834.2{248_M781}	LHFSSDKNGT	KVWYRIPNRI	REDEHENFNS		
msa442834.2{248_M732}	LHFSSDKNGT	KVWYRIPNRI	REDEHENFNS		
Consensus	*****	*****	*****		

Table 59: Comparative Sequences relating to SAG2147

SEQ ID NO. 5901

STRAIN 2603

ATGAATAAAAGAGAAAATTATCAAAATGAATGTAAAAAATCATTTAGCTTATGGA  
GCTATCATTCTAGTAGCCCTTTTTCATGTATTTGGCTGTAATGGTCATCTTTAAAAAGT  
TCACAAGTTACTACTGAATCTTTGTCAAAAGCAGATAAAGTTCGCGTAGCCAAAAAATCA  
AAAATGACTAAGGCGACATCTAAATCAAAAGTAGAAGATGTAAACAGGCTCCAAACCT  
TCTCAGGCTATCTAATGAAGCCCCAAATCAAGTTCTCAATCTACAGAAGCTAATTCTCAG  
CAACAAGTTACTGCGAGTGAAGAGGAGCTGTAGAACAAAGCAGTTGTAACAGAAAAACACC  
CCTGCTACCAAGTCAAGGCAACAAGCTTATGCTGTTACTGAGACAACCTTATAGACCTGCT  
CAACACCAGACGAGTGGCCAAGTATTGAGTAATGGAAATACGTCAGGGGCTATTGGCTCA  
GCAGCTGCAGCACAATAAGGCTGCTGCAACAGGAGTCCCTCAGTCTACTTGGGAACATATT  
ATTGCCCCGTAATCAATGGTAAATCCTAATGTTGCTAATGCCTCAGGAGCTTCAGGACTT  
TTCAAAACGATGCCAGGTTGGGGTTCAACAGCTACAGTTCAAGATCAAGTTAATTCAGCT  
ATTAAGCTTATCGTCTCAAGGTTTATCAGCTTGGGGTTACTAG

SEQ ID NO. 5902

STRAIN JM9130013

AAAAGTTCACAAGTTACTACTGAATCTTTGTCAAA  
AGCAGATAAAGTTCGCGTAGCCAAAAATCAAAATGAATAAGGCAACAT  
CTAAATCAAAAGTAGAAGGTGTAAAAAGGCTCCAAAAACCAAGTTCTCAA  
TCTACAGAAGCTAATTCTCAGCAACAAGTTACTGCGAGTGAAGAGGCGAGC  
TGTAGAACAAAGCAGTTGTAAACAGAAAAATACCCCTGCTACCAAGTCAAGCAC  
AACAGCTTATGCTGTTACTGAGACAACCTTATAGACCTGCTCAACACCAG  
CGAGTGGGCCAAGTATTGAGCAATGGAAATACGTCAGGGGTTATTGGCTC  
AGCAGCAGCAGCACAATGGCTGCTGCAACGGGAGTTCTCAGTCTACTT  
GGGAACATATTATTGCCCGTGAATCAAAATGGTAATCCTAACGTTGCTAAT  
GCCTCAGGAGCTTCAGGACTTTTCCAAACGATGCCAGGTTGGGGTTCAAC  
AGCTACAGTTTCAGGATCAAGTTAATCAGCTATTAAAGCTTATCGTGCTC  
AAGGTTTATCAGCTTGGGGTTAC

SEQ ID NO. 5903

STRAIN 1169NT reverse complement

AAAAGTTCACAAGTTACTACTGAATCTTTGTCAAAAGCAGATAAAGTTCGCGTAGCC  
AAAAAATCAAAATGACTAAGGCGACATCTAAATCAAAAGTAGAAGATGTAAACAGGCT  
CCAAAACCTTCTCAGGCATCTAATGAAGTCCCAAAATCAAGTTCTCAATCTACAGAAGCT  
AATTTCTCAGCAACAAGTTACTGCGAGTGAAGAGGCGGCTGTAGAACAAAGCAGTTGTAAAC  
GAAAATACCCCTGCTACCCAGTCAAGGCAACAACAATCTATGCTGTTACTGAGACAACCTTAC  
AAACCTGCTCAACACCAGACAAGTGGCCAAGTATTGAGCAATGGAAATACGTCAGGGGCG  
GTGCGATCTGCTGCTGCAGCACAATGGCTGCTGCAACAGGAGTCCCTCAGTCTACTTGG  
GAACATATTATTGCCCGTGAATCAAAATGGTAATCCTAATGTTGCTAATGCCTCAGGAGCT  
TCAGGACTTTTCCAAACGATGCCAGGTTGGGGTTCAACAGCTACAGTTTCAGGATCAAGTT  
AATTCAGCTATTAAAGCTTATCGTGCTCAAGGTTTATCAGCTTGGGGTTAC

SEQ ID NO. 5904

STRAIN 18RS21 reverse complement

AAAAGTTCACAAGTTACTACTGAATCTTTGTCAAAAGCAGATAAAGTTC  
GCGTAGCCAAAAATCAAAATGACTAAGGCGACATCTAAATCAAAAGTAGAAGATGTAA  
ACAGGCTCCAAAACCTTCTCAGGCATCTAATGAAGCCCCAAATCAAGTTCTCAATCTA  
CAGAAGCTAATTTCTCAGCAACAAGTTACTGCGAGTGAAGAGGCGAGCTGTAGAACAAAGCAG  
TTGTAACAGAAAAACCCCTGCTACCAAGTCAAGGCAACAACAAGCTTATGCTGTTACTGAGA  
CACTTATAGACCTGCTCAACACCAGACGAGTGGCCAAGTATTGAGTAATGGAAATACGTC  
CAGGGGCTATTGGCTCAGCAGCTGCAGCACAATGGCTGCTGCAACAGGAGTCCCTCAGTCTA  
CTACTTGGGAACATATTATTGCCCGTGAATCAAAATGGTAATCCTAATGTTGCTAATGCCT  
CAGGAGCTTCAGGACTTTTCCAAACGATGCCAGGTTGGGGTTCAACAGCTACAGTTTCAGG  
ATCAAGTTAATTCAGCTATTAAAGCTTATCGTGCTCAAGGTTTATCAGCTTGGGGTTAC

SEQ ID NO. 5905

STRAIN 090 reverse complement

TAGCCAAAAATCAAAATGATTAAAGGCGACATCTAAATCAAAAGTAGAAGATGTAAAC  
AGGCTCCAAAACCTTCTCAGGCATCTAATGAAGCCCCAAATCAAGTTCTCAATCTACAG  
AAGCTAATTTCTCAGCAACAAGTTACTGCGAGTGAAGAGGCGAGCTGTAGAACAAAGCAGTTG  
TAACAGAAAAACCCCTGCTACCAAGTCAAGGCAACAACAAGCTTATGCTGTTACTGAGACAA  
CTTATAGACCTGCTCAACACCAGACGAGTGGCCAAGTATTGAGTAATGGAAATACGTCAG  
GGGCTATTGGCTCAGCAGCTGCAGCACAATGGCTGCTGCAACAGGAGTCCCTCAGTCTA  
CTTGGGAACATATTATTGCCCGTGAATCAAAATGGTAATCCTAATGTTGCTAATGCCTCAG  
GAGCTTCAGGACTTTTCCAAACGATGCCAGGTTGGGGTTCAACAGCTACAGTTTCAGGA

SEQ ID NO. 5906

STRAIN A909 reverse complement

AAGGCGACATCTAAATCAAAAGTAGAAGATGTAAACAGGCTCCAAAACCTTCTCAGGCA  
TCTAATGAAGCCCCAAATCAAGTTCTCAATCTACAGAAGCTAATTCTCAGCAACAAGTT  
ACTGGAGTGAAGAGGCGAGCTGTAGAACAAAGCAGTTGTAAACAGAAAAACCCCTGCTACC  
AGTCAGGCAACAAGCTTATGCTGTTACTGAGACAACCTTATAGACCTGCTCAACACCAG  
ACAAGTGGCCAAGTATTGAGTAATGGAAATACGTCAGGGGCTATTGGCTCAGCAGCTGCA  
GCACAATGGCTGCTGCAACAGGAGTCCCTCAGTCTACTTGGGAACATATTATTGCCCGT  
GAATCAAAATGGTAATCCTAATGTTGCTAATGCCTCAGGAGCTTCAGGACTTTTCCAAACG  
ATGCCAGTTGGGGTTCAACAGCTACAGTTCAAGATCAAGTTAATTCAGCTATTAAAGCT  
TATCGTGCTCAAGGTTTATCA

SEQ ID NO. 5907

STRAIN CJB110 reverse complement

AATCTTTGTCAAAAGCAGATAAAGTTCGCGTAGCCAAAAATCAAAATGACTAAGGCGA

Table 59: Comparative Sequences relating to SAG2147

CATCTAAATCAAAAGTAGAAGATGTAAACAGGCTCCAAAACCTTCTCAGGCATCTAATG  
 AAGCCCCAAAATCAAGTTCTCAATCTACAGAAGCTAATTCTCAGCAACAAGTTACTGCGA  
 GTGAAGAGGCGAGCTGTAGAACCAAGCAGTTGTAAACAGAAAACACCCCTGCTACCAAGTCAGG  
 CACAACCAAGCTTATGCTGTACTGAGACAACCTATAGACCTGCTCAACACCAGACGAGTG  
 GCCAAGTATTGAGTAATGGAAATACTGCAGGGGCTATTGGCTCAGCAGCTGCAGCACAAA  
 TGGCTGCTGCAACAGGAGTCCCTCAGTCTACTTGGGAACATATTATGCCCGTGAATCAA  
 ATGGTAAATCCTAATGTTGCTAATGCCTCAGGAGCTTCAGGACTTTTCCAAACGATGCCAG  
 GTTGGGGTTCAACAGCTACAGTTCAAGTTAATTACAGTATTAAAGCTTATCGTG  
 CTCAGGTTTATCAGCTTGGGGTTAC

SEQ ID NO. 5908

STRAIN COH1 reverse complement

AAAAGTTCACAAGTTACTACTGAATCTTTGTCAAAGCAGATAA  
 AGTTTCGCTAGCCAAAAAATCAAAAATGACTAAGGCGACATCTAAATCAAAAGTAGAAGA  
 GTGAAAACAGGCTCCAAAACCTTCTCAGGCATCTAATGAAGCCCCAAAATCAAGTTCTCA  
 ATCTACAGAAGCTAATTCTCAGCAACAAGTTACTGCGAGTGAAGAGGCGGCTGTAGAACAA  
 AGCAGTTGTAAACAGAAAATACCCCTGCTACCAAGTCAGGCAACAACAACCTTATGCTGTAC  
 TGAGACAACCTTACAACCTGCTCAACACCAGACAAGTGGCCAAGTATTGAGCAATGGAAA  
 TACTGCAGGGGCGGTCCGATCTGCTGCTGCAGCACAAATGGCTGCTGCAACAGGAGTCCC  
 TCAGTCTACTTGGGAACATATTATGCCCCGTGAATCAAATGGTAAATCCTAATGTTGCTAA  
 TGCCTCAGGAGCTTCAGGACTTTTCCAAACGATGCCAGGTTGGGGTTCAACAGCTACAGT  
 TCAGGATCAAGTTAATTACAGTATTAAAGCTTATCGTGCTCAAGGTTTATCAGCTTGGGG  
 TTAC

SEQ ID NO. 5909

STRAIN H36B reverse complement

AAAAGTTCACAAGTTACTACTGAATCTTTGTCAAAGCAGATAA  
 AGATAAGTTTCGCGTAGCCAAAAAATCAAAAATGACTAAGGCGACATCTAAATCAAAAGT  
 AGAAGATGTAAACAGGCTCCAAAACCTTCTCAGGCATCTAATGAAGCCCCAAAATCAAG  
 TTCTCAATCTACAGAAGCTAATTCTCAGCAACAAGTTACTGCGAGTGAAGAGGCGAGCTGT  
 AGAACAAGCAGTTGTACAGAAAACACCCCTGCTACCAAGTCAGGCAACAACAAGCTTATGC  
 TGTACTAGAGACAACCTTATAGACCTGCTCAACACCAGACAAGTGGCCAAGTATTGAGTAA  
 TGGAAATACCTGCAGGGGCTATTGGCTCAGCAGCTGCAGCACAAATGGCTGCTGCAACAGG  
 AGTCCCTCAGTCTACTTGGGAACATATTATGCCCCGTGAATCAAATGGTAAATCCTAATG  
 TGCTAATGCCTCAGGAGCTTCAGGACTTTTCCAAACGATGCCAGGTTGGGGTTCAACAGC  
 TACAGTTCAAGGATCAAGTTAATTACAGTATTAAAGCTT

SEQ ID NO. 5910

STRAIN M732 reverse complement

AAAAGTTCACAAGTTACTACTGAATCTTTGTCAAAGCAGATAAAGTTTCGCGTAGC  
 CAAAAAATCAAAATGACTAAGGCGACATCTAAATCAAAAGTAGAAGATGTAAACAGGC  
 TCCAAAACCTTCTCAGGCTCTAATGAAGCCCCAAAATCAAGTTCTCAATCTACAGAAGC  
 TAATTCTCAGCAACAAGTTACTGCGAGTGAAGAGGCGGCTGTAGAACCAAGCAGTTGTAAAC  
 AGAAAATACCCCTGCTACCAAGTCAGGCAACAACAACCTTATGCTGTACTGAGACAACCTTA  
 CAAACCTGCTCAACACCAGACAAGTGGCCAAGTATTGAGCAATGGAAATACCTGCAGGGG  
 GGTGCGATCTGCTGCTGCAGCACAAATGGCTGCTGCAACAGGAGTCCCTCAGTCTACTTG  
 GGAACATATTATTGCCCGTGAATCAAATGGTAAATCCTAATGTTGCTAATGCCTCAGGAGC  
 TTCAGGACTTTTCCAAACGATGCCAGGTTGGGGTTCAACAGCTACAGTTCAAGGATCAAGT  
 TAATTACAGCTATTAAAGCTTATCGTGCTCAAGGTTTATCAGCTTGGGGTTA

SEQ ID NO. 5911

STRAIN M781 reverse complement

TCCTTGTCAAAGCAGATAAAGTTTCGCGTAGCCAAAAAATCAAAAATGACTAAGGCGACA  
 TCTAAATCAAAAGTAGAAGATGTAAACAGGCTCCAAAACCTTCTCAGGCATCTAATGAA  
 GCCCAAAATCAAGTTCTCAATCTACAGAAGCTAATTCTCAGCAACAAGTTACTGCGAGT  
 GAAGAGGCGGCTGTAGAACCAAGCAGTTGTACAGAAAATACCCCTGCTACCAAGTCAGGCA  
 CACAACAACCTTATGCTGTACTGAGACAACCTTACAACCTGCTCAACACCAGACAAGTGGC  
 CAAGTATTGAGCAATGGAAATACTGCAGGGGCGGTGCGATCTGCTGCTGCAGCACAAATG  
 GCTGCTGCAACAGGAGTCCCTCAGTCTACTTGGGAACATATTATGCCCGTGAATCAAAT  
 GGTAAATCCTAATGTTGCTAATGCCTCAGGAGCTTCAGGACTTTTCCAAACGATGCCAGG  
 TGGGGTTCAACAGCTACAGTTCAAGTTAATTACAGTATTAAAGCTTATCGTGCT  
 CAAGGTTTATCAGCTTGGGGTTAC

PRETTY of: /biotmp/msa519780.2{\*} March 10, 2003 06:25 ..

	1	50
msa519780.2{25_COH1}	-----	-----
msa519780.2{25_M781}	-----	-----
msa519780.2{25_M732}	-----	-----
msa519780.2{25_1169NT}	-----	-----
msa519780.2{25_18R821}	-----	-----
msa519780.2{25_A909}	-----	-----
msa519780.2{25_090}	-----	-----
msa519780.2{25_CJB110}	-----	-----
msa519780.2{2603}	atgaataaaa	gaagaaaatt atcaaaattg aatgtaaaaa aacatcattt
msa519780.2{25_H36B}	-----	-----
msa519780.2{25_JM9130013}	-----	-----
Consensus	*****	*****
	51	100
msa519780.2{25_COH1}	-----	-----
msa519780.2{25_M781}	-----	-----
msa519780.2{25_M732}	-----	-----

Table 59: Comparative Sequences relating to SAG2147

msa519780.2{25_1169NT}	-----	-----	-----	-----	-----
msa519780.2{25_18RS21}	-----	-----	-----	-----	-----
msa519780.2{25_A909}	-----	-----	-----	-----	-----
msa519780.2{25_090}	-----	-----	-----	-----	-----
msa519780.2{25_CJB110}	-----	-----	-----	-----	-----
msa519780.2{2603}	agcttatgga	gctatcactt	tagtagccct	tttttcatgt	attttggtg
msa519780.2{25_H36B}	-----	-----	-----	-----	-----
msa519780.2{25_JM9130013}	-----	-----	-----	-----	-----
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa519780.2{25_COH1}	-----	-----	-----	-----	-----
msa519780.2{25_M781}	-----	-----	-----	-----	-----
msa519780.2{25_M732}	-----	-----	-----	-----	-----
msa519780.2{25_1169NT}	-----	-----	-----	-----	-----
msa519780.2{25_18RS21}	-----	-----	-----	-----	-----
msa519780.2{25_A909}	-----	-----	-----	-----	-----
msa519780.2{25_090}	-----	-----	-----	-----	-----
msa519780.2{25_CJB110}	-----	-----	-----	-----	-----
msa519780.2{2603}	taatgggtcat	ctttaaaagt	tcacaagtta	ctactgaatc	tttgtcaaaa
msa519780.2{25_H36B}	-----	-----	-----	-----	-----
msa519780.2{25_JM9130013}	-----	-----	-----	-----	-----
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa519780.2{25_COH1}	-----	-----	-----	-----	-----
msa519780.2{25_M781}	-----	-----	-----	-----	-----
msa519780.2{25_M732}	-----	-----	-----	-----	-----
msa519780.2{25_1169NT}	-----	-----	-----	-----	-----
msa519780.2{25_18RS21}	-----	-----	-----	-----	-----
msa519780.2{25_A909}	-----	-----	-----	-----	-----
msa519780.2{25_090}	-----	-----	-----	-----	-----
msa519780.2{25_CJB110}	-----	-----	-----	-----	-----
msa519780.2{2603}	gcagataaag	ttcgcgtagc	caaaaaatca	aaaatgactA	AGGCgACATC
msa519780.2{25_H36B}	gcagataaag	ttcgcgtagc	caaaaaatca	aaaatgactA	AGGCgACATC
msa519780.2{25_JM9130013}	gcagataaag	ttcgcgtagc	caaaaaatca	aaaatgactA	AGGCgACATC
Consensus	gcagataaag	ttcgcgtagc	caaaaaatca	aaaatgactA	AGGCgACATC
msa519780.2{25_COH1}	-----	-----	-----	-----	-----
msa519780.2{25_M781}	-----	-----	-----	-----	-----
msa519780.2{25_M732}	-----	-----	-----	-----	-----
msa519780.2{25_1169NT}	-----	-----	-----	-----	-----
msa519780.2{25_18RS21}	-----	-----	-----	-----	-----
msa519780.2{25_A909}	-----	-----	-----	-----	-----
msa519780.2{25_090}	-----	-----	-----	-----	-----
msa519780.2{25_CJB110}	-----	-----	-----	-----	-----
msa519780.2{2603}	gcagataaag	ttcgcgtagc	caaaaaatca	aaaatgactA	AGGCgACATC
msa519780.2{25_H36B}	gcagataaag	ttcgcgtagc	caaaaaatca	aaaatgactA	AGGCgACATC
msa519780.2{25_JM9130013}	gcagataaag	ttcgcgtagc	caaaaaatca	aaaatgaatA	AGGCaACATC
Consensus	gcagataaag	ttcgcgtagc	caaaaaatca	aaaatgaatA	AGGCaACATC
msa519780.2{25_COH1}	-----	-----	-----	-----	-----
msa519780.2{25_M781}	-----	-----	-----	-----	-----
msa519780.2{25_M732}	-----	-----	-----	-----	-----
msa519780.2{25_1169NT}	-----	-----	-----	-----	-----
msa519780.2{25_18RS21}	-----	-----	-----	-----	-----
msa519780.2{25_A909}	-----	-----	-----	-----	-----
msa519780.2{25_090}	-----	-----	-----	-----	-----
msa519780.2{25_CJB110}	-----	-----	-----	-----	-----
msa519780.2{2603}	TAAATCAAAA	GTAGAAGaTG	TAAACAGGC	TCCAAACct	tctcaggcat
msa519780.2{25_H36B}	TAAATCAAAA	GTAGAAGaTG	TAAACAGGC	TCCAAACct	tctcaggcat
msa519780.2{25_JM9130013}	TAAATCAAAA	GTAGAAGaTG	TAAACAGGC	TCCAAACct	tctcaggcat
Consensus	TAAATCAAAA	GTAGAAGaTG	TAAACAGGC	TCCAAACct	tctcaggcat
msa519780.2{25_COH1}	-----	-----	-----	-----	-----
msa519780.2{25_M781}	-----	-----	-----	-----	-----
msa519780.2{25_M732}	-----	-----	-----	-----	-----
msa519780.2{25_1169NT}	-----	-----	-----	-----	-----
msa519780.2{25_18RS21}	-----	-----	-----	-----	-----
msa519780.2{25_A909}	-----	-----	-----	-----	-----
msa519780.2{25_090}	-----	-----	-----	-----	-----
msa519780.2{25_CJB110}	-----	-----	-----	-----	-----
msa519780.2{2603}	ctaataaagc	cccaaaatCA	AGTTCTCAAT	CTACAGAAGC	TAATTCTCAG
msa519780.2{25_H36B}	ctaataaagc	cccaaaatCA	AGTTCTCAAT	CTACAGAAGC	TAATTCTCAG
msa519780.2{25_JM9130013}	ctaataaagc	cccaaaatCA	AGTTCTCAAT	CTACAGAAGC	TAATTCTCAG
Consensus	ctaataaagc	cccaaaatCA	AGTTCTCAAT	CTACAGAAGC	TAATTCTCAG
msa519780.2{25_COH1}	-----	-----	-----	-----	-----
msa519780.2{25_M781}	-----	-----	-----	-----	-----
msa519780.2{25_M732}	-----	-----	-----	-----	-----
msa519780.2{25_1169NT}	-----	-----	-----	-----	-----
msa519780.2{25_18RS21}	-----	-----	-----	-----	-----
msa519780.2{25_A909}	-----	-----	-----	-----	-----
msa519780.2{25_090}	-----	-----	-----	-----	-----
msa519780.2{25_CJB110}	-----	-----	-----	-----	-----
msa519780.2{2603}	CAACAAGTTA	CTGCGAGTGA	AGAGGCgGCT	GTAGAACAAG	CAGTTGTAAC
msa519780.2{25_H36B}	CAACAAGTTA	CTGCGAGTGA	AGAGGCgGCT	GTAGAACAAG	CAGTTGTAAC
msa519780.2{25_JM9130013}	CAACAAGTTA	CTGCGAGTGA	AGAGGCgGCT	GTAGAACAAG	CAGTTGTAAC
Consensus	CAACAAGTTA	CTGCGAGTGA	AGAGGCgGCT	GTAGAACAAG	CAGTTGTAAC
msa519780.2{25_COH1}	-----	-----	-----	-----	-----
msa519780.2{25_M781}	-----	-----	-----	-----	-----
msa519780.2{25_M732}	-----	-----	-----	-----	-----
msa519780.2{25_1169NT}	-----	-----	-----	-----	-----
msa519780.2{25_18RS21}	-----	-----	-----	-----	-----
msa519780.2{25_A909}	-----	-----	-----	-----	-----
msa519780.2{25_090}	-----	-----	-----	-----	-----
msa519780.2{25_CJB110}	-----	-----	-----	-----	-----
msa519780.2{2603}	AGAAAAATACC	CCTGCTACCA	GTCAGGCACA	ACAAACTTAT	GCTGTTACTG
msa519780.2{25_H36B}	AGAAAAATACC	CCTGCTACCA	GTCAGGCACA	ACAAACTTAT	GCTGTTACTG
msa519780.2{25_JM9130013}	AGAAAAATACC	CCTGCTACCA	GTCAGGCACA	ACAAACTTAT	GCTGTTACTG
Consensus	AGAAAAATACC	CCTGCTACCA	GTCAGGCACA	ACAAACTTAT	GCTGTTACTG

Table 59: Comparative Sequences relating to SAG2147

msa519780.2{25_M732}	AGAAATACC	CCTGCTACCA	GTCAgGCACA	ACAAaCTTAT	GCTGTTACTG
msa519780.2{25_1169NT}	AGAAATACC	CCTGCTACCA	GTCAgGCACA	ACAAaCTTAT	GCTGTTACTG
msa519780.2{25_18RS21}	AGAAATACC	CCTGCTACCA	GTCAgGCACA	ACAAgCTTAT	GCTGTTACTG
msa519780.2{25_A909}	AGAAATACC	CCTGCTACCA	GTCAgGCACA	ACAAgCTTAT	GCTGTTACTG
msa519780.2{25_090}	AGAAATACC	CCTGCTACCA	GTCAgGCACA	ACAAgCTTAT	GCTGTTACTG
msa519780.2{25_CJB110}	AGAAATACC	CCTGCTACCA	GTCAgGCACA	ACAAgCTTAT	GCTGTTACTG
msa519780.2{2603}	AGAAATACC	CCTGCTACCA	GTCAgGCACA	ACAAgCTTAT	GCTGTTACTG
msa519780.2{25_H36B}	AGAAATACC	CCTGCTACCA	GTCAgGCACA	ACAAgCTTAT	GCTGTTACTG
msa519780.2{25_JM9130013}	AGAAATACC	CCTGCTACCA	GTCAgGCACA	ACAAgCTTAT	GCTGTTACTG
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
401					
msa519780.2{25_COH1}	AGACAACTTA	cAaACCTGCT	CAACACCAGA	CaAGTGGCCA	AGTATTGAGc
msa519780.2{25_M781}	AGACAACTTA	cAaACCTGCT	CAACACCAGA	CaAGTGGCCA	AGTATTGAGc
msa519780.2{25_M732}	AGACAACTTA	cAaACCTGCT	CAACACCAGA	CaAGTGGCCA	AGTATTGAGc
msa519780.2{25_1169NT}	AGACAACTTA	cAaACCTGCT	CAACACCAGA	CaAGTGGCCA	AGTATTGAGc
msa519780.2{25_18RS21}	AGACAACTTA	tAgACCTGCT	CAACACCAGA	CgAGTGGCCA	AGTATTGAGt
msa519780.2{25_A909}	AGACAACTTA	tAgACCTGCT	CAACACCAGA	CgAGTGGCCA	AGTATTGAGt
msa519780.2{25_090}	AGACAACTTA	tAgACCTGCT	CAACACCAGA	CgAGTGGCCA	AGTATTGAGt
msa519780.2{25_CJB110}	AGACAACTTA	tAgACCTGCT	CAACACCAGA	CgAGTGGCCA	AGTATTGAGt
msa519780.2{2603}	AGACAACTTA	tAgACCTGCT	CAACACCAGA	CgAGTGGCCA	AGTATTGAGt
msa519780.2{25_H36B}	AGACAACTTA	tAgACCTGCT	CAACACCAGA	CgAGTGGCCA	AGTATTGAGt
msa519780.2{25_JM9130013}	AGACAACTTA	tAgACCTGCT	CAACACCAGA	CgAGTGGCCA	AGTATTGAGt
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
451					
msa519780.2{25_COH1}	AATGGAAATA	CTGCAGGGGc	ggTcGGaTct	GctGctGCAG	CACAAATGGC
msa519780.2{25_M781}	AATGGAAATA	CTGCAGGGGc	ggTcGGaTct	GctGctGCAG	CACAAATGGC
msa519780.2{25_M732}	AATGGAAATA	CTGCAGGGGc	ggTcGGaTct	GctGctGCAG	CACAAATGGC
msa519780.2{25_1169NT}	AATGGAAATA	CTGCAGGGGc	ggTcGGaTct	GctGctGCAG	CACAAATGGC
msa519780.2{25_18RS21}	AATGGAAATA	CTGCAGGGGc	taTtGGcTca	GcAGctGCAG	CACAAATGGC
msa519780.2{25_A909}	AATGGAAATA	CTGCAGGGGc	taTtGGcTca	GcAGctGCAG	CACAAATGGC
msa519780.2{25_090}	AATGGAAATA	CTGCAGGGGc	taTtGGcTca	GcAGctGCAG	CACAAATGGC
msa519780.2{25_CJB110}	AATGGAAATA	CTGCAGGGGc	taTtGGcTca	GcAGctGCAG	CACAAATGGC
msa519780.2{2603}	AATGGAAATA	CTGCAGGGGc	taTtGGcTca	GcAGctGCAG	CACAAATGGC
msa519780.2{25_H36B}	AATGGAAATA	CTGCAGGGGc	taTtGGcTca	GcAGctGCAG	CACAAATGGC
msa519780.2{25_JM9130013}	AATGGAAATA	CTGCAGGGGt	taTtGGcTca	GcAGcCaGCAG	CACAAATGGC
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
501					
msa519780.2{25_COH1}	TGCTGCAACa	GGAGTcCCTC	AGTCTACTTG	GGAACATATT	ATTGCCCGTG
msa519780.2{25_M781}	TGCTGCAACa	GGAGTcCCTC	AGTCTACTTG	GGAACATATT	ATTGCCCGTG
msa519780.2{25_M732}	TGCTGCAACa	GGAGTcCCTC	AGTCTACTTG	GGAACATATT	ATTGCCCGTG
msa519780.2{25_1169NT}	TGCTGCAACa	GGAGTcCCTC	AGTCTACTTG	GGAACATATT	ATTGCCCGTG
msa519780.2{25_18RS21}	TGCTGCAACa	GGAGTcCCTC	AGTCTACTTG	GGAACATATT	ATTGCCCGTG
msa519780.2{25_A909}	TGCTGCAACa	GGAGTcCCTC	AGTCTACTTG	GGAACATATT	ATTGCCCGTG
msa519780.2{25_090}	TGCTGCAACa	GGAGTcCCTC	AGTCTACTTG	GGAACATATT	ATTGCCCGTG
msa519780.2{25_CJB110}	TGCTGCAACa	GGAGTcCCTC	AGTCTACTTG	GGAACATATT	ATTGCCCGTG
msa519780.2{2603}	TGCTGCAACa	GGAGTcCCTC	AGTCTACTTG	GGAACATATT	ATTGCCCGTG
msa519780.2{25_H36B}	TGCTGCAACa	GGAGTcCCTC	AGTCTACTTG	GGAACATATT	ATTGCCCGTG
msa519780.2{25_JM9130013}	TGCTGCAACg	GGAGTtCCTC	AGTCTACTTG	GGAACATATT	ATTGCCCGTG
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
551					
msa519780.2{25_COH1}	AATCAAATGG	TAATCCTAAT	GTTGCTAATG	CCTCAGGAGC	TTcAGGACTT
msa519780.2{25_M781}	AATCAAATGG	TAATCCTAAT	GTTGCTAATG	CCTCAGGAGC	TTcAGGACTT
msa519780.2{25_M732}	AATCAAATGG	TAATCCTAAT	GTTGCTAATG	CCTCAGGAGC	TTcAGGACTT
msa519780.2{25_1169NT}	AATCAAATGG	TAATCCTAAT	GTTGCTAATG	CCTCAGGAGC	TTcAGGACTT
msa519780.2{25_18RS21}	AATCAAATGG	TAATCCTAAT	GTTGCTAATG	CCTCAGGAGC	TTcAGGACTT
msa519780.2{25_A909}	AATCAAATGG	TAATCCTAAT	GTTGCTAATG	CCTCAGGAGC	TTcAGGACTT
msa519780.2{25_090}	AATCAAATGG	TAATCCTAAT	GTTGCTAATG	CCTCAGGAGC	TTcAGGACTT
msa519780.2{25_CJB110}	AATCAAATGG	TAATCCTAAT	GTTGCTAATG	CCTCAGGAGC	TTcAGGACTT
msa519780.2{2603}	AATCAAATGG	TAATCCTAAT	GTTGCTAATG	CCTCAGGAGC	TTcAGGACTT
msa519780.2{25_H36B}	AATCAAATGG	TAATCCTAAT	GTTGCTAATG	CCTCAGGAGC	TTcAGGACTT
msa519780.2{25_JM9130013}	AATCAAATGG	TAATCCTAAT	GTTGCTAATG	CCTCAGGAGC	TTcAGGACTT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
601					
msa519780.2{25_COH1}	TTCCAAACGA	TGCCAGGTTG	GGGTTCAACA	GCTACAGTTC	AGgAtcaagt
msa519780.2{25_M781}	TTCCAAACGA	TGCCAGGTTG	GGGTTCAACA	GCTACAGTTC	AGgAtcaagt
msa519780.2{25_M732}	TTCCAAACGA	TGCCAGGTTG	GGGTTCAACA	GCTACAGTTC	AGgAtcaagt
msa519780.2{25_1169NT}	TTCCAAACGA	TGCCAGGTTG	GGGTTCAACA	GCTACAGTTC	AGgAtcaagt
msa519780.2{25_18RS21}	TTCCAAACGA	TGCCAGGTTG	GGGTTCAACA	GCTACAGTTC	AGgAtcaagt
msa519780.2{25_A909}	TTCCAAACGA	TGCCAGGTTG	GGGTTCAACA	GCTACAGTTC	AGgAtcaagt
msa519780.2{25_090}	TTCCAAACGA	TGCCAGGTTG	GGGTTCAACA	GCTACAGTTC	AGgAtcaagt
msa519780.2{25_CJB110}	TTCCAAACGA	TGCCAGGTTG	GGGTTCAACA	GCTACAGTTC	AGgAtcaagt
msa519780.2{2603}	TTCCAAACGA	TGCCAGGTTG	GGGTTCAACA	GCTACAGTTC	AGgAtcaagt
msa519780.2{25_H36B}	TTCCAAACGA	TGCCAGGTTG	GGGTTCAACA	GCTACAGTTC	AGgAtcaagt
msa519780.2{25_JM9130013}	TTCCAAACGA	TGCCAGGTTG	GGGTTCAACA	GCTACAGTTC	AGgAtcaagt
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
651					
msa519780.2{25_COH1}	taattcagct	attaaagctt	atcgtgtctca	agggttatca	gcttgagggtt
700					



Table 59: C mparative Sequences relating to SAG2147

msa519780.2{25_M781}	taattcagct attaaagctt atcgtgctca aggtttatca gcttgggggtt
msa519780.2{25_M732}	taattcagct attaaagctt atcgtgctca aggtttatca gcttgggggtt
msa519780.2{25_1169NT}	taattcagct attaaagctt atcgtgctca aggtttatca gcttgggggtt
msa519780.2{25_18RS21}	taattcagct attaaagctt atcgtgctca aggtttatca gcttgggggtt
msa519780.2{25_A909}	taattcagct attaaagctt atcgtgctca aggtttatca -----
msa519780.2{25_090}	-----
msa519780.2{25_CJB110}	taattcagct attaaagctt atcgtgctca aggtttatca gcttgggggtt
msa519780.2{2603}	taattcagct attaaagctt atcgtgctca aggtttatca gcttgggggtt
msa519780.2{25_H36B}	taattcagct attaaagctt -----
msa519780.2{25_JM9130013}	taattcagct attaaagctt atcgtgctca aggtttatca gcttgggggtt
Consensus	-----

	701
msa519780.2{25_COH1}	ac---
msa519780.2{25_M781}	ac---
msa519780.2{25_M732}	a----
msa519780.2{25_1169NT}	ac---
msa519780.2{25_18RS21}	ac---
msa519780.2{25_A909}	-----
msa519780.2{25_090}	-----
msa519780.2{25_CJB110}	ac---
msa519780.2{2603}	actag
msa519780.2{25_H36B}	-----
msa519780.2{25_JM9130013}	ac---
Consensus	-----

## SEQ ID NO. 5912

STRAIN 2603 frame: 1

MNKRRLSLKLVKHHLAYGAITLVALFSCILAVMVIKSSQVTTESLSKADKVRVAKKS  
KMTKATSKSKVEDVKQAPKPSQASNEAPKSSSQSTEANSQQQVTASEEAAVEQAVVTENT  
PATSAQQAYAVTETTYRPAQHQTSGQVLSNGNTAGAI GSAAAAQMAAATGVPQSTWEHI  
IARESNGNPNVANASGASGLFQTMPGWGSTATVQDQVNSAIKAYRAQGLSANGY

## SEQ ID NO. 5913

STRAIN 1169NT frame: 1

KSSQVTTESLSKADKVRVAKSKMTKATSKSKVEDVKQAPKPSQASNEVPKSSSQSTEAN  
SQQQVTASEEAAVEQAVVTENTPATSAQQQYAVTETTYRPAQHQTSGQVLSNGNTAGAV  
GSAAAAQMAAATGVPQSTWEHI IARESNGNPNVANASGASGLFQTMPGWGSTATVQDQVN  
SAIKAYRAQGLSANGY

## SEQ ID NO. 5914

STRAIN 18RS21 frame: 1

KSSQVTTESLSKADKVRVAKSKMTKATSKSKVEDVKQAPKPSQASNEAPKSSSQSTEAN  
SQQQVTASEEAAVEQAVVTENTPATSAQQQYAVTETTYRPAQHQTSGQVLSNGNTAGAI  
GSAAAAQMAAATGVPQSTWEHI IARESNGNPNVANASGASGLFQTMPGWGSTATVQDQVN  
SAIKAYRAQGLSANGY

## SEQ ID NO. 5915

STRAIN 2603 frame: 1

KSSQVTTESLSKADKVRVAKSKMTKATSKSKVEDVKQAPKPSQASNEAPKSSSQSTEAN  
SQQQVTASEEAAVEQAVVTENTPATSAQQQYAVTETTYRPAQHQTSGQVLSNGNTAGAI  
GSAAAAQMAAATGVPQSTWEHI IARESNGNPNVANASGASGLFQTMPGWGSTATVQDQVN  
SAIKAYRAQGLSANGY

## SEQ ID NO. 5916

STRAIN 090 frame: 3

AKKSKMIKATSKSKVEDVKQAPKPSQASNEAPKSSSQSTEANSQQQVTASEEAAVEQAVV  
TENTPATSAQQQYAVTETTYRPAQHQTSGQVLSNGNTAGAI GSAAAAQMAAATGVPQST  
WEHI IARESNGNPNVANASGASGLFQTMPGWGSTATVQ

## SEQ ID NO. 5917

STRAIN A909 frame: 1

KATSKSKVEDVKQAPKPSQASNEAPKSSSQSTEANSQQQVTASEEAAVEQAVVTENTPAT  
SAQQQYAVTETTYRPAQHQTSGQVLSNGNTAGAI GSAAAAQMAAATGVPQSTWEHI IAR  
ESNGNPNVANASGASGLFQTMPGWGSTATVQDQVNSAIKAYRAQGLS

## SEQ ID NO. 5918

STRAIN CJB110 frame: 3

SLSKADKVRVAKSKMTKATSKSKVEDVKQAPKPSQASNEAPKSSSQSTEANSQQQVTAS  
EEAAVEQAVVTENTPATSAQQQYAVTETTYRPAQHQTSGQVLSNGNTAGAI GSAAAAQMA  
AATGVPQSTWEHI IARESNGNPNVANASGASGLFQTMPGWGSTATVQDQVNSAIKAYRA  
QGLSANGY

## SEQ ID NO. 5919

STRAIN COH1 frame: 1

KSSQVTTESLSKADKVRVAKSKMTKATSKSKVEDVKQAPKPSQASNEAPKSSSQSTEAN  
SQQQVTASEEAAVEQAVVTENTPATSAQQQYAVTETTYRPAQHQTSGQVLSNGNTAGAV  
GSAAAAQMAAATGVPQSTWEHI IARESNGNPNVANASGASGLFQTMPGWGSTATVQDQVN  
SAIKAYRAQGLSANGY

## SEQ ID NO. 5920

STRAIN H36B frame: 1

Table 59: Comparative Sequences relating to SAG2147

KSSQVTTESLSKADKVRVAKKSKMTKATSKSKVEDVKQAPKPSQASNEAPKSSSQSTEAN  
 SQQQVTASEEAAVEQAVVTENTPATSOAQQAAYAVTETTYRPAQHQTSGQVLSNGNTAGAI  
 GSAAAAQMAAATGVPQSTWEHI IARESNNGNPNVANASGASGLFQTMPGWGSTATVQDQVN  
 SAIKA

SEQ ID NO. 5921

STRAIN M732 frame: 1

KSSQVTTESLSKADKVRVAKKSKMTKATSKSKVEDVKQAPKPSQASNEAPKSSSQSTEAN  
 SQQQVTASEEAAVEQAVVTENTPATSOAQQAAYAVTETTYRPAQHQTSGQVLSNGNTAGAV  
 GSAAAAQMAAATGVPQSTWEHI IARESNNGNPNVANASGASGLFQTMPGWGSTATVQDQVN  
 SAIKAYRAQGLSAWG

SEQ ID NO. 5922

STRAIN M781 frame: 4

SLSKADKVRVAKKSKMTKATSKSKVEDVKQAPKPSQASNEAPKSSSQSTEANSQQQVTAS  
 EEAQVEQAVVTENTPATSOAQQAAYAVTETTYRPAQHQTSGQVLSNGNTAGAVGSAAAAQMA  
 AATGVPQSTWEHI IARESNNGNPNVANASGASGLFQTMPGWGSTATVQDQVNSAIKAYRA  
 QGLSAWGY

SEQ ID NO. 5923

STRAIN JM9130013 frame: 1

KSSQVTTESLSKADKVRVAKKSKMTKATSKSKVEGVKQAPKPSQSTEANSQQQVTASEE  
 AAVEQAVVTENTPATSOAQQAAYAVTETTYRPAQHQPQSGQVLSNGNTAGVIGSAAAAQMAA  
 ATGVPQSTWEHI IARESNNGNPNVANASGASGLFQTMPGWGSTATVQDQVNSAIKAYRAQ  
 LSAWGY

MSA Alignment Results: Pretty output

PRETTY of: /biotmp/msa519418.2(\*) March 10, 2003 06:15 ..

	1	50
msa519418.2{25_090}	-----	-----KS SQVTTESLSK
msa519418.2{25_H36B}	-----	-----KS SQVTTESLSK
msa519418.2{25_COH1}	-----	-----SLSK
msa519418.2{25_M781}	-----	-----KS SQVTTESLSK
msa519418.2{25_1169NT}	-----	-----KS SQVTTESLSK
msa519418.2{25_M732}	-----	-----KS SQVTTESLSK
msa519418.2{25_18RS21}	-----	-----SLSK
msa519418.2{25_CJB110}	-----	-----KS SQVTTESLSK
msa519418.2{25_2603}	-----	-----KS SQVTTESLSK
msa519418.2{2603}	mmkrrklslk nvkhhhllyg aittlvalfsc ilavmvifks	SQVTTESLSK
msa519418.2{25_A909}	-----	-----KS SQVTTESLSK
msa519418.2{25_JM9130013}	-----	-----KS SQVTTESLSK
Consensus	*****	*****

	51	100
msa519418.2{25_090}	-----akks kmikATSKSK VEdVKQAPKP sqasneapks	SSQSTEANSQ
msa519418.2{25_H36B}	ADKVRVakks kmtKATSKSK VEdVKQAPKP sqasneapks	SSQSTEANSQ
msa519418.2{25_COH1}	ADKVRVakks kmtKATSKSK VEdVKQAPKP sqasneapks	SSQSTEANSQ
msa519418.2{25_M781}	ADKVRVakks kmtKATSKSK VEdVKQAPKP sqasneapks	SSQSTEANSQ
msa519418.2{25_1169NT}	ADKVRVakks kmtKATSKSK VEdVKQAPKP sqasneapks	SSQSTEANSQ
msa519418.2{25_M732}	ADKVRVakks kmtKATSKSK VEdVKQAPKP sqasneapks	SSQSTEANSQ
msa519418.2{25_18RS21}	ADKVRVakks kmtKATSKSK VEdVKQAPKP sqasneapks	SSQSTEANSQ
msa519418.2{25_CJB110}	ADKVRVakks kmtKATSKSK VEdVKQAPKP sqasneapks	SSQSTEANSQ
msa519418.2{25_2603}	ADKVRVakks kmtKATSKSK VEdVKQAPKP sqasneapks	SSQSTEANSQ
msa519418.2{2603}	ADKVRVakks kmtKATSKSK VEdVKQAPKP sqasneapks	SSQSTEANSQ
msa519418.2{25_A909}	-----KATSKSK VEdVKQAPKP sqasneapks	SSQSTEANSQ
msa519418.2{25_JM9130013}	ADKVRVakks kmnKATSKSK VEdVKQAPKP	SSQSTEANSQ
Consensus	*****	*****

	101	150
msa519418.2{25_090}	QQVTASEEAA VEQAVVTENT PATSOAQQAy AVTETTYrPA QHQtSGQVLS	
msa519418.2{25_H36B}	QQVTASEEAA VEQAVVTENT PATSOAQQAy AVTETTYrPA QHQtSGQVLS	
msa519418.2{25_COH1}	QQVTASEEAA VEQAVVTENT PATSOAQQAy AVTETTYrPA QHQtSGQVLS	
msa519418.2{25_M781}	QQVTASEEAA VEQAVVTENT PATSOAQQAy AVTETTYrPA QHQtSGQVLS	
msa519418.2{25_1169NT}	QQVTASEEAA VEQAVVTENT PATSOAQQAy AVTETTYrPA QHQtSGQVLS	
msa519418.2{25_M732}	QQVTASEEAA VEQAVVTENT PATSOAQQAy AVTETTYrPA QHQtSGQVLS	
msa519418.2{25_18RS21}	QQVTASEEAA VEQAVVTENT PATSOAQQAy AVTETTYrPA QHQtSGQVLS	
msa519418.2{25_CJB110}	QQVTASEEAA VEQAVVTENT PATSOAQQAy AVTETTYrPA QHQtSGQVLS	
msa519418.2{25_2603}	QQVTASEEAA VEQAVVTENT PATSOAQQAy AVTETTYrPA QHQtSGQVLS	
msa519418.2{2603}	QQVTASEEAA VEQAVVTENT PATSOAQQAy AVTETTYrPA QHQtSGQVLS	
msa519418.2{25_A909}	QQVTASEEAA VEQAVVTENT PATSOAQQAy AVTETTYrPA QHQtSGQVLS	
msa519418.2{25_JM9130013}	QQVTASEEAA VEQAVVTENT PATSOAQQAy AVTETTYrPA QHQtSGQVLS	
Consensus	*****	*****

	151	200
msa519418.2{25_090}	NGNTAGaIGS AAAAQMAAAT GVPQSTWEHI IARESNNGNPN VANASGASGL	
msa519418.2{25_H36B}	NGNTAGaIGS AAAAQMAAAT GVPQSTWEHI IARESNNGNPN VANASGASGL	
msa519418.2{25_COH1}	NGNTAGaIGS AAAAQMAAAT GVPQSTWEHI IARESNNGNPN VANASGASGL	
msa519418.2{25_M781}	NGNTAGaIGS AAAAQMAAAT GVPQSTWEHI IARESNNGNPN VANASGASGL	
msa519418.2{25_1169NT}	NGNTAGaIGS AAAAQMAAAT GVPQSTWEHI IARESNNGNPN VANASGASGL	
msa519418.2{25_M732}	NGNTAGaIGS AAAAQMAAAT GVPQSTWEHI IARESNNGNPN VANASGASGL	
msa519418.2{25_18RS21}	NGNTAGaIGS AAAAQMAAAT GVPQSTWEHI IARESNNGNPN VANASGASGL	
msa519418.2{25_CJB110}	NGNTAGaIGS AAAAQMAAAT GVPQSTWEHI IARESNNGNPN VANASGASGL	

Table 59: Comparative Sequences relating t SAG2147

msa519418.2{25_2603}	NGNTAGaIGS	AAAAQMAAAT	GVPQSTWEHI	IARESNGNPN	VANASGASGL
msa519418.2{2603}	NGNTAGaIGS	AAAAQMAAAT	GVPQSTWEHI	IARESNGNPN	VANASGASGL
msa519418.2{25_A909}	NGNTAGaIGS	AAAAQMAAAT	GVPQSTWEHI	IARESNGNPN	VANASGASGL
msa519418.2{25_JM9130013}	NGNTAGviGS	AAAAQMAAAT	GVPQSTWEHI	IARESNGNPN	VANASGASGL
Consensus	*****-***	*****	*****	*****	*****
		201		234	
msa519418.2{25_090}	FQIMPGWGST	ATVQ-----	-----	----	
msa519418.2{25_H36B}	FQIMPGWGST	ATVQDQVNSA	IKA-----	----	
msa519418.2{25_COH1}	FQIMPGWGST	ATVQDQVNSA	IKAYRAQGLS	AWGY	
msa519418.2{25_M781}	FQIMPGWGST	ATVQDQVNSA	IKAYRAQGLS	AWGY	
msa519418.2{25_1169NT}	FQIMPGWGST	ATVQDQVNSA	IKAYRAQGLS	AWGY	
msa519418.2{25_M732}	FQIMPGWGST	ATVQDQVNSA	IKAYRAQGLS	AWG-	
msa519418.2{25_18RS21}	FQIMPGWGST	ATVQDQVNSA	IKAYRAQGLS	AWGY	
msa519418.2{25_CJB110}	FQIMPGWGST	ATVQDQVNSA	IKAYRAQGLS	AWGY	
msa519418.2{25_2603}	FQIMPGWGST	ATVQDQVNSA	IKAYRAQGLS	AWGY	
msa519418.2{2603}	FQIMPGWGST	ATVQDQVNSA	IKAYRAQGLS	AWGY	
msa519418.2{25_A909}	FQIMPGWGST	ATVQnQVNSA	IKAYRAQGLS	----	
msa519418.2{25_JM9130013}	FQIMPGWGST	ATVQDQVNSA	IKAYRAQGLS	AWGY	
Consensus	*****	*****	*****	****	

Table 60: Comparative Sequences relating to SAG1945

## SEQ ID NO. 6001

## STRAIN 2603

ATGAAAGAAAAACAGTCGAAAAGGCTTATTTATATACTACTGTTGTTTCCATTATTTT  
 ATAAGTGTTTTACATACAGTATTAGCCAGCCTTCTAAACTACTTCCACCAAAGAATTA  
 GTTATTCTAAGTCCAAATAGTCAAGCCATTTTAACAGGAACGATTCCAGCTTTGAGGAA  
 AAATACGGTATAAAAGTTAAGCTTATTCAAGGTGGGACAGGGCAACTAATAGATAGATT  
 AGTAAGGAGGGTAAGCAGTTGAAGGCGGATATTTCTTTGGAGGAAATATACGCAATTT  
 GAAAGTCATAAGGCATTGTTTGAGTCTTACGTATCAAAGAATGTTTACTGTTATCCCA  
 GACTATATCCATCCAAGTGATACGGCGACACCTTATACTATAAATGGGAGTGTCTTGATT  
 GTAAATAACGAATTAGCTAAGGGACTTACCATCAAGAGTTATGAAGATTATTACAGCCT  
 TCCTTAAAGGTTAAATTGCCCTTTGCAGATCCGAATACCTCTCTAGTGCTTTCTCACA  
 CTCCTAATATACTCTTGGCCAAAGGGTGGTTACCAATCCAAAGCGTGGAACTATGTT  
 AAAAGCTACAACATAATTAATGCTATCAAATCTTCTAGCTCTTCAGAAGTTTATCAA  
 TCAGTTGCAGAGGAAAAATGATTGTGGGGCTGACTTACGAAGACCCCTAGTGTCATTTG  
 CAAAAAGTGGTGCCCAATGTTCTATTGTATATCCGACAGAAGGACAGTTTGTGCCA  
 TCCTCGGTTGCATTTATAAAGAAATGCTCCTCTATGAAAGAAGCAAAGTTATTATTAAT  
 TTTATGCTTTCTTAGATGTTCAAAATGCCTTTGGGCAGTCAACGAGTAACCGACCTATT  
 CGTAAAGATGCCCAAACGAGTAATGGCATGAAAGCTTTAAAGGATATTGCTACTCTTAAA  
 GAGATTATCGCTATGTCATAAGCATAAGGGCCAAATCCTTAAACCTATAATCGTATT  
 CGTAGAAATGCTGAT

## SEQ ID NO. 6002

## STRAIN 090

CAGCCTTCTAAACTACTTCCACCAAAGAATTAGTTATTCTAAGT  
 CCAATAGTCAAGCCATTTTAACAGGAACGATTCCAGCTTTGAGGAAAA  
 ATACGGTATAAAAGTTAAGCTTATTCAAGGTGGGACAGGGCAACTAATAG  
 ATAGATTAAAGTAAGGAGGGTAAGCAGTTGAAGGCGGATATTTCTTTGGA  
 GGAAATTATACGCAATTGAAAGTCATAAGGCATTGTTTGAGTCTTACGT  
 ATCAAAGAATGTTCTACTGTTATTCCAGACTATATCCATCCAAGTGATA  
 CGGCGACACCTTATACTATAAATGGGAGTGTCTTGATTGTAATAACGAA  
 TTAGCTTAAGGGACTTACCATCAAGAGTTATGAAGATTATTACAGCCTTC  
 CTAAAGGTTAAATTGCCCTTTGCAGATCCGAATACCTCTCTAGTGCTT  
 TCTCACAACCTCACTAATATACTCTTGGCCAAAGGGTGGTTACCAATCCA  
 AAGCGTGGAACTATGTTAAAAAGCTACAACATAATTAATGCTATCAA  
 ATCTTCTAGCTCTTCAGAAGTTTATCAATCAGTTGCAGAAGGAAAAATGA  
 TTGTGGGGCTGACTTACGAAGACCCCTAGTGTCATTTGCAAAAAGTGGT  
 GCCAATGTTCTATTGTATATCCGACAGAAGGGACAGTTTGTGCCATC  
 TTCGGTTGCAATTATAAAGAATGCTCCTTCTATGAAAGAAGCAAAGTTAT  
 TTATTAAATTTATGCTTCTTTAGATGTTCAAAATGCCTTTGGGCAGTCA  
 ACGAGTAACGACCTATTGCTAAAGATGCCCAAACGAGTAATGGCATGAA  
 AGCTTTAAAGGATATTGCTACTCTTAAAGAAGATTATCGCTATGTCATA  
 AGCATAAGGGCCAAATCCTTAAACCTATAATCGTATTGCTAGAAATGCT  
 GAT

## SEQ ID NO. 6003

## STRAIN A909

CAGCCTTCTAAACTACTTCCACCAAAGAATTAG  
 TTATTCTAAGTCCAAATAGTCAAGCCATTTTAACAGGAACGATTCCAGCT  
 TTTGAGGAAAAATACGGTATAAAAGTTAAGCTTATTCAAGGTGGGACAGG  
 TCAACTAATAGATAGATTAAAGTAAGGAGGGTAAGCAGTTGAAGGCGGATA  
 TTTTCTTTGGAGGAAATTATACGCAATTGAAAGTCATAAGGCATTGTTT  
 GAGTCTTACGTATCAAAGAATATTCTACTGTTATTCCAGATTATATCCA  
 TCCGAGTGATACGGCGACACCTTATACTATAAATGGGAGTGTCTTGATTG  
 TAAATAAGCAATTAGCTAAGGGACTTACCATCAAGAGTTATGAAGATTTA  
 TTACAGCCTTCTTAAAGGTTAAATTGCCCTTTGCAGATCCGAATACCTC  
 CTCAGTGCTTTCTCACAACCTCACTAATATACTCTTGGCCAAAGGGTGGT  
 ACACCAATCCAAAAGCGTGGAACTATGTTAAAAAGCTACAACATAATATT  
 AATGCTATCAAATCTTCTAGCTCTTCAGAAGTTTATCAATCAGTTGCAGA  
 AGGAAAAATGATTGTTGGGGTTGACTTACGAAGACCCCTAGTGTCATTTGC  
 AAAAAAGTGGTGCCAAATGTTCTATTGTATATCCGACAGAAGGGACAGTT  
 TTTGTCCCATCTTCGGTTGCAATTATAAAGATGCTCCTTCTATGAAAGA  
 AGCAAAGTTATTATTAAATTTATGCTTCTTTAGATGTTCAAAATGCCT  
 TTGGGCAGTCAACGAGTAACCGACCTATTGCTAAAGATGCCCAAACGAGT  
 AATGGCATGAAAGCTTTAAAGGATATTGCTACTCTTAAAGAAGATTATCG  
 CTATGTCATAAGCATAAGGGCCAAATCCTTAAACCTATAATCGTATTTC  
 GTAGAAATGCTGAT

## SEQ ID NO. 6004

## STRAIN H36B

TAAACTACTTCCACCAAAGAATTAGTTATTCTAAGTCCAAATAGTCAAG  
 CCATTTTAACAGGAACGATTCCAGCTTTGAGGAAAAATACGGTATAAAA  
 GTTAAGCTTATTCAAGGTGGGACAGGTCAACTAATAGATAGATTAAAGTAA  
 GGAGGGTAAGCAGTTGAAGGCGGATATTTCTTTGGAGGAAATTATACGC  
 AATTTGAAAGTCATAAGGCATTGTTTGAGTCTTACGTATCAAAGAATATT  
 CATATGTTATTCCAGATTATATCCATCCGAGTGATACGGCGACACCTTA  
 TACTATAAATGGGAGTGTCTTGATTGTAATAACGAATTAGTTAAGGGAC  
 TTACCATCAAGAGTTATGAAGATTATTACAGCCTTCTTAAAGGTTAA  
 ATTGCTTTGCAGATCCGAATACCTCTCTCTAGTGCTTTCTCACAACCTCAC  
 TAATATACTCTTGGCCAAAGGGTGGTTACCAATCCAAAGCGTGGAACT  
 ATGTTAAAAAGCTACAACATAATTAATGCTATCAAATCTTCTAGCTCT  
 TCAGAAGTTTATCAATCAGTTGCAGAAGGAAAAATGATTGTGGGGTTGAC  
 TTACGAAGACCCCTAGTGTCATTTGCAAAAAGTGGTGCCAAATGTTCTTA  
 TTGTATATCCGACAGAAGGGACAGTTTGTGCCATCTTCGGTTGCAATT

Table 60: Comparative Sequences relating to SAG1945

ATAAAGAATGCTCCTTCTATGAAAGAAGCAAAGTTATTATTAAATTTTAT  
 GCTTTCTTTAGATGTTCAAATGCTTTTGGGCAGTCAACGAGTAAACCGAC  
 CTATTCTGTAAGATGCCCAAACGAGTAATGGCATGAAAGCTTTAAAGGAT  
 ATTGCTACTCTTAAAGAAGATTATCGCTATGTCACTAAGCATAGGGCCA  
 AATCCTTAAACCTATAATCGTATTTCGTAGAAATGCTGAT

SEQ ID NO. 6005

STRAIN 18RS21

CAGCCTTCTAACTACTTCCACCAAAGAATTAGTTATTCTAAGTCCAAA  
 TAGTCAAGCCATTTTAAACAGGAACGATTCCAGCITTTGAGGAAAAATACG  
 GTATAAAAGTTAAGCTTATTCAAGGTGGGACAGGGCAACTAATAGATAGA  
 TTAAGTAAGGAGGGTAAGCAGTTGAAGGCGATATTTCTTTGGAGGAAA  
 TTATACGCAATTTGAAAGTCATAAGGCATTTGTTGAGTCTTACGTATCAA  
 AGAATGTTCACTGTTATTCCAGACTATATCCATCCAAGTGATAACGGCG  
 ACACCTTATACTATAAATGGGAGTGTCTTGATTGTAATAACGAATTAGC  
 TAAGGGACTTACCATCAAGAGTTATGAAGATTATTACAGCCTTCTCTAA  
 AAGGTAAAATTGCTTTTGCAGATCCGAATACTTCTCTAGTGCTTTCTCA  
 CACTCACTAATATACTCTTGGCCAGGGTGGTTACACCAATCCAAAGC  
 GTGGAACATGTTAAAAGCTACAACTAATATTAATGCTATCAAATCTT  
 CTAGCTCTTCAAGATTATCAATCAGTTGCGAAGGAAAAATGATTGTG  
 GGGCTGACTTACGAAGACCCCTAGTGTCAATTTGCAAAAAGTGGTGCCAA  
 TGTCTCTATTGTATATCCGACAGAGGGACAGTTTGTGCCCATCTTCGG  
 TTGCAATTAAGAAGTGTCTCTTCTATGAAAGAAGCAAAGTTATTATT  
 AATTTTATGCTTTCTTTAGATGTTCAAATGCTTTTGGGCAGTCAACGAG  
 TAACCGACCTATTCTGTAAGATGCCCAAACGAGTAATGGCATGAAAGCTT  
 TAAAGGATATTGCTACTCTTAAAGAAGATTATCGCTATGTCACTAAGCAT  
 AAGGGCCAATCCTTAAACCTATAATCGTATTTCGTAGAAATGCTGAT

SEQ ID NO. 6006

STRAIN M732

CAGCCTTCTAACTACTTCCACCAAAGAATTAGT  
 TATTCTAAGTCCAAATAGTCAAGCCATTTTAAACAGGAACGATTCCAGCTT  
 TTGAGGAAAAATACGGTATAAAGTTAAGCTTATTCAAGGTGGGACAGGG  
 CACTAATAGATAGATTAAAGTAAGGAGGGTAAGCAGTTGAAGGCGGATAT  
 TTTCTTTGGAGGAAATTATACGCAATTTGAAAGTCATAAGGCATTTGTTG  
 AGTCTTAAGTATCAAAGAATGTTCACTGTTATTCCAGACTATATCCAT  
 CCGAGTGATACGGCGACACCTTATACTATAAATGGGAGTGTCTTGATTGT  
 AAATAACGAATTAGCTAAGGGACTTACCATCAAGAGTTATGAAGATTAT  
 TACAGCCTTCTTAAAGGTAAAATTGCTTTGCGAGATCCGAATACTTCC  
 TCTAGTGCTTTCTCAACTCACTAATATACTCTTGGCCAGGGTGGTTA  
 CACCAATCCAAAGCGTGAACTATGTTAAAAGCTACAACTAATATTA  
 ATGCTATCAAATCTTCTAGCTCTTCAAGAGTTATCAATCAGTTGCGAGAA  
 GGAATAATGATTGTGGGGTTGACTTACGAAGACCCCTAGTGTCAATTTGCA  
 AAAAAGTGGTGCCCAATGTTTCTATTGTATACCGACAGAGGGACAGTTT  
 TTGTCCCATCTTCTGGTTGCAATTATAAAGAATGCTCTTCTATGAAAGAA  
 GCAGAGTTATTATTAAATTTATGCTTTCTTTAGATGTTCAAATGCTT  
 TGGGCAGTCAACGAGTAACCGACCTATTCTGTAAGATGCCCAAACAAGTA  
 ATGGCATGAAGCTTTAAAGGATATCGCTACTCTTAAAGAAGATTATCGC  
 TATGTCACTAAGCATAGAGCCAAATCCTTAAACCTATAATCGCATTCG  
 TAGAAATGCTGAT

SEQ ID NO. 6007

STRAIN COH1

CAGCCTTCTAACTACTTCCACCAAAGAATTAGTT  
 ATTCTAAGTCCAAATAGTCAAGCCATTTTAAACAGGAACGATTCCAGCTTT  
 TGAGGAAAAATACGGTATAAAGTTAAGCTTATTCAAGGTGGGACAGGGC  
 AACTAATAGATAGATTAAAGTAAGGAGGGTAAGCAGTTGAAGGCGGATATT  
 TTCTTTGGAGGAAATTATACGCAATTTGAAAGTCATAAGGCATTTGTTGA  
 GTCTTACGTATCAAAGAATGTTCACTGTTATTCCAGACTATATCCATC  
 CGAGTGATACGGCGACACCTTATACTATAAATGGGAGTGTCTTGATTGTA  
 AATAACGAATTAGCTAAGGGACTTACCATCAAGAGTTATGAAGATTATT  
 ACAGCCTTCTTAAAGGTAAAATTGCTTTGCGAGATCCGAATACTTCTCT  
 CTAGTGCTTTCTCACAACTCACTAATATACCTTGGCCAGGGTGGTTAC  
 ACCAATCCAAAGCGTGGAATGTTTAAAAGCTACAACTAATATTAA  
 TGCTATCAAATCTTCTAGCTCTTCAAGAGTTATCAATCAGTTGCGAGAAG  
 GAAAAATGATTGTGGGGTTGACTTACGAAGACCCCTAGTGTCAATTTGCAA  
 AAAAGTGGTGCCCAATGTTTCTATTGTATACCGACAGAGGGACAGTTT  
 TGTCCATCTTGGTTGCAATTATAAAGAATGCTCTTCTATGAAAGAAG  
 CAAAGTTATTATTAAATTTATGCTTTCTTTAGATGTTCAAATGCTTT  
 GGGCAGTCAACGAGTAACCGACCTATTCTGTAAGATGCCCAAACAAGTAA  
 TGGCATGAAGCTTTAAAGGATATCGCTACTCTTAAAGAAGATTATCGCT  
 ATGTCACTAAGCATAGAGCCAAATCCTTAAACCTATAATCGCATTCG  
 AGAAATGCTGAT

SEQ ID NO. 6008

STRAIN M781

CAGCCTTCTAACTACTTCCACCAAAGAATTAGTTATT  
 CTAAGTCCAAATAGTCAAGCCATTTTAAACAGGAACGATTCCAGCTTTTGA  
 GAAAAATACGGTATAAAGTTAAGCTTATTCAAGGTGGGACAGGGCAAC  
 TAATAGATAGATTAAAGTAAGGAGGGTAAGCAGTTGAAGGCGGATATTTC  
 TTTGGAGGAAATTATACGCAATTTGAAAGTCATAAGGCATTTGTTGAGTC  
 TTACGTATCAAAGAATGTTCACTGTTATTCCAGACTATATCCATCCGA  
 GTGATACGGCGACACCTTATACTATAAATGGGAGTGTCTTGATTGTAAT

Table 60: Comparative Sequences relating to SAG1945

AACGAATTAGCTAAGGGACTTACCATCAAGAGTTATGAAGATTTATTACA  
GCCTTCCTTAAAGGTAAAGTTGCCTTTGCAGATCCGAATACCTTCTCTA  
GTGCTTTCTCACAACCTCACTAATATACTCTTGGCCAAGGGTGGTTACACC  
AATCCAAAGCGTGGAACTATGTTAAAGCTACAACATAATATTAATGC  
TATCAAATCTTCTAGCTCTTCAGAAGTTTATCAATCAGTTGCAGAAGGAA  
AAATGATTGTGGGGTTGACTTACGAAGACCTTAGTGTCAATTTGCAAAAA  
AGTGGTGCCAATGTTTCTATGTATACCCGACAGAAGGGACAGTTTGTGT  
CCCATCTTCGGTTGCAATTATAAAGAATGCTCCTTCTATGAAAGAAGCAA  
AGTTATTTATTAAATTTTATGCTTTCTTTAGATGTTCAAAATGCCTTTGGG  
CAGTCAACGAGTAACCGACCTATTGTAAGATGCCCAAACAAGTAATGG  
CATGAAAGCTTTAAAGGATATCGCTACTCTTAAAGAAGATTATCGCTATG  
TCACTAAGCATAAGAGCCAAATCCTTAAACCTATAATCGCATTGCTAGA  
AATGCTGAT

SEQ ID NO. 6009

STRAIN CJB110

CAGCCTTTTAACTACTTCCACCAAAAGAATTAGTTATTCT  
AAGTCCAAATAGTCAAGCCATTTTAAACAGGAACGATTCCAGCTTTTGAGG  
AAAAATACGGTATAAAAGTTAAGCTTATTCAAGGTGGGACAGGGCAACTA  
ATAGATAGATTAAAGTAAGGAGGGTAAGCAGTTGAAGGCGGATATTTCTT  
TGGAGGAAATTATACGCAATTTGAAAGTCATAAGGCATTGTTTGGAGTCTT  
ACGTATCAAGAAGTGTTCATACTGTTTATTCAGACTATATCCATCCAGT  
GATACGGCGACACCTTATATATAAATGGGAGTGTCTTGATTGTAATAA  
CGAATTAGCTAAGGGACTTACCATCAAGAGTTATGAAGATTATTACAGC  
CTTCTCTAAAGGTAAATTTGCCTTTGCAGATCCGAATACCTTCTCTAGT  
GCTTTCTCACAACCTCACTAATATACTCTTGGCCAAGGGTGGTTACACCAA  
TCCAAAGCGTGGAACTATGTTAAAGCTCAACATAATATTAATGCTA  
TCAAATCTTCTAGCTCTTCAGAAGTTTATCAATCAGTTGCAGAAGGAAAA  
ATGATTGTGGGGCTGACTTACGAAGACCTTAGTGTCAATTTGCAAAAAAG  
TGGTGCCAATGTTTCTATTGTATATCCGACAGAAGGGACAGTTTTGTGCC  
CATCTTCGGTTGCAATTATAAAGAATGCTCCTTCTATGAAAGAAGCAAAG  
TTATTTATTAAATTTTATGCTTTCTTTAGATGTTCAAAATGCCTTTGGGCA  
GTCAACGAGTAACCGACCTATTGTAAGATGCCCAAACGAGTAATGGCA  
TGAAAGCTTTAAAGGATATTGCTACTCTTAAAGAAGATTATCGCTATGTC  
ACTAAGCATAAGGGCCAAATCCTTAAACCTATAATCGTATTGTAAGAA  
TGCTGAT

SEQ ID NO. 6010

STRAIN 1169NT

ATAGTCAAGCCATTTTAAACAGGAACGATTCCAGCTTTTGAGGAAAAATAC  
GGTATAAAAGTTAAGCTTATTCAAGGTGGGACAGGGCACTAATAGATAG  
ATTAAGTAAGGAGGGTAAGCATTGAAAGCGGATATTTCTTGGAGGAA  
ATTATACGCAATTTGAAAGTCATAAGGCATTGTTTGGAGTCTTACGTATCA  
AAGAATGTTCTACTGTTATTCCAGACTATATCCATCCAGTGATACGGC  
GACACCTTATACTATAAATGGGAGTGTCTTGATTGTAATAACGAATTAG  
CTAAGGGACTTACCATCAAGAGTTATGAAGATTATTACAGCCCTTCTTA  
AAAGGTAAATTTGCCTTTGCAGATCCGAATACCTTCTAGTGTCTTCTC  
ACAACTCACAATATACTCTTGGCAAGGGTGGTTACACCAATCCAAAG  
CGTGGAACTATGTTAAAGCTACAACATAATATTAATGCTATCAAATCT  
TCTAGCTCTTCAGAAGTTTATCAATCAGTTGCAGAAGGAAAAATGATTGT  
GGGGTTGACTTACGAAGACCTTAGTGTCAATTTGCAAAAAAGTGGTGCCA  
ATGTTTCTATTGTATATCCGACAGAAGGGACAGTTTTTGTCCCCTCTTCG  
GTTGCAATTATAAAGAATGCTCCTTCTATGAAAGAAGCAAAGTTATTAT  
TAATTTTATGCTTTCTTTAGATGTTCAAAATGCCTTTGGGCAGTCAACGA  
GTAACCGACCTATTGTAAGATGCCCAAACGAGTAATGGCATGAAAGCT  
TTAAAGGATATTGCTACTCTTAAAGAAGATTATCGCTATGTCATAAGCA  
TAAGGGCCAAATCCTTAAACCTATAATCGTATTGCTAGAAATGCTGAT

SEQ ID NO. 6011

STRAIN JM91130013

CAGCCTTCTAACTACTTCCACCAAAAGAATTAGT  
TATTCTAAGTCCAAATAGTCAAGCCATTTTAAACAGGAACGATTCCAGCTT  
TTGAGGAAAAATACGGTATAAAAGTTAAGCTTATTCAAGGTGGGACAGGG  
CAACTAATAGATAGATTAAAGTAAGGAGGGTAAGCAGTTGAAGGCGGATGT  
TTTCTTTGGAGGAAATTATACGCAATTTGAAAGTCATAAGGCATTGTTTG  
AGTCTTACGTATCAAAGAATGTTCTACTGTTATTCCAGACTATATCCAT  
CCGAGTGATACGGCGACACCTTATACTATAAATGGGAGTGTCTTGATTGT  
AAATAACGAATTAGCTAAGGGACTTACCATCAAGAGTTATGAAGATTAT  
TACAGCCTTCTTAAAGGTAAATTTGCCTTTGCAGATCCGAATACCTTCC  
TCTAGTGCTTTCTCACAACCTCACAATATACTCTTGGCAAGGGTGGTTA  
CACCAATCCAAAGCGTGGAACTATGTTAAAGCTACAACATAATATTA  
ATGCTATCAAATCTTCTAGCTCTTCAGAAGTTTATCAATCAGTTGCAGAA  
GGCAAAATGATTGTGGGGCTGACTTACGAAGACCTTAGTGTCAATTTGCA  
AAAAAGTGGTGCCAATGTTTCTATTGTGTATCCGACAGAAGGGACAGTTT  
TTGTCCCCTCTTCGGTTGCAATTATAAAGAATGCTCCTTCTATGAAAGAA  
GCAAGTTATTTATTAATTTTATGCTTTCTTTAGATGTTCAAAATGCCTT  
TGGGCAGTCAACGAGTAACCGACCTATTGTAAGATGCCCAAACGAGTA  
ATGGCATGAAAGCTTTAAAGGATATTGCTACTCTTAAAGAAGATTATCGC  
TATGTCATAAGCATAAGGGCCAAATCCTTAAACCTATAATCGTATTGCTG  
TAGAAATGCTGAT

PRETTY of: /biotmp/msa523010.2{\*} April 28, 2003 08:55 ..

Table 60: Comparative Sequences relating to SAG1945

	1				50
msa523010.2{263_COH1}	-----	-----	-----	-----	-----
msa523010.2{263_M732}	-----	-----	-----	-----	-----
msa523010.2{263_M781}	-----	-----	-----	-----	-----
msa523010.2{263_A909}	-----	-----	-----	-----	-----
msa523010.2{263_H36B}	-----	-----	-----	-----	-----
msa523010.2{263_O90}	-----	-----	-----	-----	-----
msa523010.2{263_18RS21}	-----	-----	-----	-----	-----
msa523010.2{263_2603}	atgaaagaaa	aaacagtcgaa	aaggcttatt	tatatactac	tggttggttc
msa523010.2{263_CJB110}	-----	-----	-----	-----	-----
msa523010.2{263_1169NT}	-----	-----	-----	-----	-----
msa523010.2{263_JM91130013}	-----	-----	-----	-----	-----
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
	51				100
msa523010.2{263_COH1}	-----	-----	-----	-----cag	ccttctaaac
msa523010.2{263_M732}	-----	-----	-----	-----cag	ccttctaaac
msa523010.2{263_M781}	-----	-----	-----	-----cag	ccttctaaac
msa523010.2{263_A909}	-----	-----	-----	-----cag	ccttctaaac
msa523010.2{263_H36B}	-----	-----	-----	-----taaac	-----
msa523010.2{263_O90}	-----	-----	-----	-----cag	ccttctaaac
msa523010.2{263_18RS21}	-----	-----	-----	-----cag	ccttctaaac
msa523010.2{263_2603}	cattattttt	ataagtgtt	ttacatacag	tattagccag	ccttctaaac
msa523010.2{263_CJB110}	-----	-----	-----	-----cag	ccttctaaac
msa523010.2{263_1169NT}	-----	-----	-----	-----cag	ccttctaaac
msa523010.2{263_JM91130013}	-----	-----	-----	-----cag	ccttctaaac
Consensus	*****	*****	*****	*****	-----
	101				150
msa523010.2{263_COH1}	tacttccacc	aaaagaatta	gttattctaa	gtccaaATAG	TCAAGCCATT
msa523010.2{263_M732}	tacttccacc	aaaagaatta	gttattctaa	gtccaaATAG	TCAAGCCATT
msa523010.2{263_M781}	tacttccacc	aaaagaatta	gttattctaa	gtccaaATAG	TCAAGCCATT
msa523010.2{263_A909}	tacttccacc	aaaagaatta	gttattctaa	gtccaaATAG	TCAAGCCATT
msa523010.2{263_H36B}	tacttccacc	aaaagaatta	gttattctaa	gtccaaATAG	TCAAGCCATT
msa523010.2{263_O90}	tacttccacc	aaaagaatta	gttattctaa	gtccaaATAG	TCAAGCCATT
msa523010.2{263_18RS21}	tacttccacc	aaaagaatta	gttattctaa	gtccaaATAG	TCAAGCCATT
msa523010.2{263_2603}	tacttccacc	aaaagaatta	gttattctaa	gtccaaATAG	TCAAGCCATT
msa523010.2{263_CJB110}	tacttccacc	aaaagaatta	gttattctaa	gtccaaATAG	TCAAGCCATT
msa523010.2{263_1169NT}	tacttccacc	aaaagaatta	gttattctaa	gtccaaATAG	TCAAGCCATT
msa523010.2{263_JM91130013}	tacttccacc	aaaagaatta	gttattctaa	gtccaaATAG	TCAAGCCATT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
	151				200
msa523010.2{263_COH1}	TAAACAGGAA	CGATTCCAGC	TTTTGAGGAA	AAATACGGTA	TAAAAGTTAA
msa523010.2{263_M732}	TAAACAGGAA	CGATTCCAGC	TTTTGAGGAA	AAATACGGTA	TAAAAGTTAA
msa523010.2{263_M781}	TAAACAGGAA	CGATTCCAGC	TTTTGAGGAA	AAATACGGTA	TAAAAGTTAA
msa523010.2{263_A909}	TAAACAGGAA	CGATTCCAGC	TTTTGAGGAA	AAATACGGTA	TAAAAGTTAA
msa523010.2{263_H36B}	TAAACAGGAA	CGATTCCAGC	TTTTGAGGAA	AAATACGGTA	TAAAAGTTAA
msa523010.2{263_O90}	TAAACAGGAA	CGATTCCAGC	TTTTGAGGAA	AAATACGGTA	TAAAAGTTAA
msa523010.2{263_18RS21}	TAAACAGGAA	CGATTCCAGC	TTTTGAGGAA	AAATACGGTA	TAAAAGTTAA
msa523010.2{263_2603}	TAAACAGGAA	CGATTCCAGC	TTTTGAGGAA	AAATACGGTA	TAAAAGTTAA
msa523010.2{263_CJB110}	TAAACAGGAA	CGATTCCAGC	TTTTGAGGAA	AAATACGGTA	TAAAAGTTAA
msa523010.2{263_1169NT}	TAAACAGGAA	CGATTCCAGC	TTTTGAGGAA	AAATACGGTA	TAAAAGTTAA
msa523010.2{263_JM91130013}	TAAACAGGAA	CGATTCCAGC	TTTTGAGGAA	AAATACGGTA	TAAAAGTTAA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
	201				250
msa523010.2{263_COH1}	GCTTATTCAA	GGTGGGACAG	GgCAACTAAT	AGATAGATTA	AGTAAGGAGG
msa523010.2{263_M732}	GCTTATTCAA	GGTGGGACAG	GgCAACTAAT	AGATAGATTA	AGTAAGGAGG
msa523010.2{263_M781}	GCTTATTCAA	GGTGGGACAG	GgCAACTAAT	AGATAGATTA	AGTAAGGAGG
msa523010.2{263_A909}	GCTTATTCAA	GGTGGGACAG	GtCAACTAAT	AGATAGATTA	AGTAAGGAGG
msa523010.2{263_H36B}	GCTTATTCAA	GGTGGGACAG	GtCAACTAAT	AGATAGATTA	AGTAAGGAGG
msa523010.2{263_O90}	GCTTATTCAA	GGTGGGACAG	GgCAACTAAT	AGATAGATTA	AGTAAGGAGG
msa523010.2{263_18RS21}	GCTTATTCAA	GGTGGGACAG	GgCAACTAAT	AGATAGATTA	AGTAAGGAGG
msa523010.2{263_2603}	GCTTATTCAA	GGTGGGACAG	GgCAACTAAT	AGATAGATTA	AGTAAGGAGG
msa523010.2{263_CJB110}	GCTTATTCAA	GGTGGGACAG	GgCAACTAAT	AGATAGATTA	AGTAAGGAGG
msa523010.2{263_1169NT}	GCTTATTCAA	GGTGGGACAG	GgCAACTAAT	AGATAGATTA	AGTAAGGAGG
msa523010.2{263_JM91130013}	GCTTATTCAA	GGTGGGACAG	GgCAACTAAT	AGATAGATTA	AGTAAGGAGG
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
	251				300
msa523010.2{263_COH1}	GTAAGCagTT	GAAGGCGGAT	aTTTCTTTG	GAGGAAATTA	TACGCAATTT
msa523010.2{263_M732}	GTAAGCagTT	GAAGGCGGAT	aTTTCTTTG	GAGGAAATTA	TACGCAATTT
msa523010.2{263_M781}	GTAAGCagTT	GAAGGCGGAT	aTTTCTTTG	GAGGAAATTA	TACGCAATTT
msa523010.2{263_A909}	GTAAGCagTT	GAAGGCGGAT	aTTTCTTTG	GAGGAAATTA	TACGCAATTT
msa523010.2{263_H36B}	GTAAGCagTT	GAAGGCGGAT	aTTTCTTTG	GAGGAAATTA	TACGCAATTT
msa523010.2{263_O90}	GTAAGCagTT	GAAGGCGGAT	aTTTCTTTG	GAGGAAATTA	TACGCAATTT
msa523010.2{263_18RS21}	GTAAGCagTT	GAAGGCGGAT	aTTTCTTTG	GAGGAAATTA	TACGCAATTT
msa523010.2{263_2603}	GTAAGCagTT	GAAGGCGGAT	aTTTCTTTG	GAGGAAATTA	TACGCAATTT
msa523010.2{263_CJB110}	GTAAGCagTT	GAAGGCGGAT	aTTTCTTTG	GAGGAAATTA	TACGCAATTT
msa523010.2{263_1169NT}	GTAAGCagTT	GAAGGCGGAT	aTTTCTTTG	GAGGAAATTA	TACGCAATTT
msa523010.2{263_JM91130013}	GTAAGCagTT	GAAGGCGGAT	aTTTCTTTG	GAGGAAATTA	TACGCAATTT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****

Table 60: Comparative Sequences relating to SAG1945

		301			350	
msa523010.2{263_COH1}		GAAAGTCATA	AGGCATTGTT	TGAGTCTTAC	GTATCAAAGA	ATgTTCATAC
msa523010.2{263_M732}		GAAAGTCATA	AGGCATTGTT	TGAGTCTTAC	GTATCAAAGA	ATgTTCATAC
msa523010.2{263_M781}		GAAAGTCATA	AGGCATTGTT	TGAGTCTTAC	GTATCAAAGA	ATgTTCATAC
msa523010.2{263_A909}		GAAAGTCATA	AGGCATTGTT	TGAGTCTTAC	GTATCAAAGA	ATgTTCATAC
msa523010.2{263_H36B}		GAAAGTCATA	AGGCATTGTT	TGAGTCTTAC	GTATCAAAGA	ATgTTCATAC
msa523010.2{263_090}		GAAAGTCATA	AGGCATTGTT	TGAGTCTTAC	GTATCAAAGA	ATgTTCATAC
msa523010.2{263_18RS21}		GAAAGTCATA	AGGCATTGTT	TGAGTCTTAC	GTATCAAAGA	ATgTTCATAC
msa523010.2{263_2603}		GAAAGTCATA	AGGCATTGTT	TGAGTCTTAC	GTATCAAAGA	ATgTTCATAC
msa523010.2{263_CJB110}		GAAAGTCATA	AGGCATTGTT	TGAGTCTTAC	GTATCAAAGA	ATgTTCATAC
msa523010.2{263_1169NT}		GAAAGTCATA	AGGCATTGTT	TGAGTCTTAC	GTATCAAAGA	ATgTTCATAC
msa523010.2{263_JM91130013}		GAAAGTCATA	AGGCATTGTT	TGAGTCTTAC	GTATCAAAGA	ATgTTCATAC
Consensus		*****	*****	*****	*****	*****
		351			400	
msa523010.2{263_COH1}		TGTTATTCCA	GACATATATCC	ATCCgAGTGA	TACGGCGACA	CCTTATACTA
msa523010.2{263_M732}		TGTTATTCCA	GACATATATCC	ATCCgAGTGA	TACGGCGACA	CCTTATACTA
msa523010.2{263_M781}		TGTTATTCCA	GACATATATCC	ATCCgAGTGA	TACGGCGACA	CCTTATACTA
msa523010.2{263_A909}		TGTTATTCCA	GACATATATCC	ATCCgAGTGA	TACGGCGACA	CCTTATACTA
msa523010.2{263_H36B}		TGTTATTCCA	GACATATATCC	ATCCgAGTGA	TACGGCGACA	CCTTATACTA
msa523010.2{263_090}		TGTTATTCCA	GACATATATCC	ATCCaAGTGA	TACGGCGACA	CCTTATACTA
msa523010.2{263_18RS21}		TGTTATTCCA	GACATATATCC	ATCCaAGTGA	TACGGCGACA	CCTTATACTA
msa523010.2{263_2603}		TGTTATTCCA	GACATATATCC	ATCCaAGTGA	TACGGCGACA	CCTTATACTA
msa523010.2{263_CJB110}		TGTTATTCCA	GACATATATCC	ATCCaAGTGA	TACGGCGACA	CCTTATACTA
msa523010.2{263_1169NT}		TGTTATTCCA	GACATATATCC	ATCCaAGTGA	TACGGCGACA	CCTTATACTA
msa523010.2{263_JM91130013}		TGTTATTCCA	GACATATATCC	ATCCgAGTGA	TACGGCGACA	CCTTATACTA
Consensus		*****	*****	*****	*****	*****
		401			450	
msa523010.2{263_COH1}		TAAATGGGAG	TGTCCTTGATT	GTAATAACG	AATTAGcTAA	GGGACTTACC
msa523010.2{263_M732}		TAAATGGGAG	TGTCCTTGATT	GTAATAACG	AATTAGcTAA	GGGACTTACC
msa523010.2{263_M781}		TAAATGGGAG	TGTCCTTGATT	GTAATAACG	AATTAGcTAA	GGGACTTACC
msa523010.2{263_A909}		TAAATGGGAG	TGTCCTTGATT	GTAATAACG	AATTAGcTAA	GGGACTTACC
msa523010.2{263_H36B}		TAAATGGGAG	TGTCCTTGATT	GTAATAACG	AATTAGcTAA	GGGACTTACC
msa523010.2{263_090}		TAAATGGGAG	TGTCCTTGATT	GTAATAACG	AATTAGcTAA	GGGACTTACC
msa523010.2{263_18RS21}		TAAATGGGAG	TGTCCTTGATT	GTAATAACG	AATTAGcTAA	GGGACTTACC
msa523010.2{263_2603}		TAAATGGGAG	TGTCCTTGATT	GTAATAACG	AATTAGcTAA	GGGACTTACC
msa523010.2{263_CJB110}		TAAATGGGAG	TGTCCTTGATT	GTAATAACG	AATTAGcTAA	GGGACTTACC
msa523010.2{263_1169NT}		TAAATGGGAG	TGTCCTTGATT	GTAATAACG	AATTAGcTAA	GGGACTTACC
msa523010.2{263_JM91130013}		TAAATGGGAG	TGTCCTTGATT	GTAATAACG	AATTAGcTAA	GGGACTTACC
Consensus		*****	*****	*****	*****	*****
		451			500	
msa523010.2{263_COH1}		ATCAAGAGTT	ATGAAGATT	ATTACAGCCT	TCCTTAAAG	GTAATAATGC
msa523010.2{263_M732}		ATCAAGAGTT	ATGAAGATT	ATTACAGCCT	TCCTTAAAG	GTAATAATGC
msa523010.2{263_M781}		ATCAAGAGTT	ATGAAGATT	ATTACAGCCT	TCCTTAAAG	GTAATAATGC
msa523010.2{263_A909}		ATCAAGAGTT	ATGAAGATT	ATTACAGCCT	TCCTTAAAG	GTAATAATGC
msa523010.2{263_H36B}		ATCAAGAGTT	ATGAAGATT	ATTACAGCCT	TCCTTAAAG	GTAATAATGC
msa523010.2{263_090}		ATCAAGAGTT	ATGAAGATT	ATTACAGCCT	TCCTTAAAG	GTAATAATGC
msa523010.2{263_18RS21}		ATCAAGAGTT	ATGAAGATT	ATTACAGCCT	TCCTTAAAG	GTAATAATGC
msa523010.2{263_2603}		ATCAAGAGTT	ATGAAGATT	ATTACAGCCT	TCCTTAAAG	GTAATAATGC
msa523010.2{263_CJB110}		ATCAAGAGTT	ATGAAGATT	ATTACAGCCT	TCCTTAAAG	GTAATAATGC
msa523010.2{263_1169NT}		ATCAAGAGTT	ATGAAGATT	ATTACAGCCT	TCCTTAAAG	GTAATAATGC
msa523010.2{263_JM91130013}		ATCAAGAGTT	ATGAAGATT	ATTACAGCCT	TCCTTAAAG	GTAATAATGC
Consensus		*****	*****	*****	*****	*****
		501			550	
msa523010.2{263_COH1}		CTTTGCAGAT	CCGAATACTT	CCTCTAGTGC	TTTCTCACAA	CTCActAATA
msa523010.2{263_M732}		CTTTGCAGAT	CCGAATACTT	CCTCTAGTGC	TTTCTCACAA	CTCActAATA
msa523010.2{263_M781}		CTTTGCAGAT	CCGAATACTT	CCTCTAGTGC	TTTCTCACAA	CTCActAATA
msa523010.2{263_A909}		CTTTGCAGAT	CCGAATACTT	CCTCTAGTGC	TTTCTCACAA	CTCActAATA
msa523010.2{263_H36B}		CTTTGCAGAT	CCGAATACTT	CCTCTAGTGC	TTTCTCACAA	CTCActAATA
msa523010.2{263_090}		CTTTGCAGAT	CCGAATACTT	CCTCTAGTGC	TTTCTCACAA	CTCActAATA
msa523010.2{263_18RS21}		CTTTGCAGAT	CCGAATACTT	CCTCTAGTGC	TTTCTCACAA	CTCActAATA
msa523010.2{263_2603}		CTTTGCAGAT	CCGAATACTT	CCTCTAGTGC	TTTCTCACAA	CTCActAATA
msa523010.2{263_CJB110}		CTTTGCAGAT	CCGAATACTT	CCTCTAGTGC	TTTCTCACAA	CTCActAATA
msa523010.2{263_1169NT}		CTTTGCAGAT	CCGAATACTT	CCTCTAGTGC	TTTCTCACAA	CTCActAATA
msa523010.2{263_JM91130013}		CTTTGCAGAT	CCGAATACTT	CCTCTAGTGC	TTTCTCACAA	CTCActAATA
Consensus		*****	*****	*****	*****	*****
		551			600	
msa523010.2{263_COH1}		TACTCTTGCC	CAAGGGTGGT	TACACCAATC	CAAAAGCGTG	GAACATATGTT
msa523010.2{263_M732}		TACTCTTGCC	CAAGGGTGGT	TACACCAATC	CAAAAGCGTG	GAACATATGTT
msa523010.2{263_M781}		TACTCTTGCC	CAAGGGTGGT	TACACCAATC	CAAAAGCGTG	GAACATATGTT
msa523010.2{263_A909}		TACTCTTGCC	CAAGGGTGGT	TACACCAATC	CAAAAGCGTG	GAACATATGTT
msa523010.2{263_H36B}		TACTCTTGCC	CAAGGGTGGT	TACACCAATC	CAAAAGCGTG	GAACATATGTT
msa523010.2{263_090}		TACTCTTGCC	CAAGGGTGGT	TACACCAATC	CAAAAGCGTG	GAACATATGTT
msa523010.2{263_18RS21}		TACTCTTGCC	CAAGGGTGGT	TACACCAATC	CAAAAGCGTG	GAACATATGTT
msa523010.2{263_2603}		TACTCTTGCC	CAAGGGTGGT	TACACCAATC	CAAAAGCGTG	GAACATATGTT
msa523010.2{263_CJB110}		TACTCTTGCC	CAAGGGTGGT	TACACCAATC	CAAAAGCGTG	GAACATATGTT
msa523010.2{263_1169NT}		TACTCTTGCC	CAAGGGTGGT	TACACCAATC	CAAAAGCGTG	GAACATATGTT
msa523010.2{263_JM91130013}		TACTCTTGCC	CAAGGGTGGT	TACACCAATC	CAAAAGCGTG	GAACATATGTT



Table 60: C mparative Sequences relating to SAG1945

Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
	601				650
msa523010.2{263_COH1}	AAAAAGCTAC	AACATAATAT	TAATGCTATC	AAATCTTCTA	GCTCTTCAGA
msa523010.2{263_M732}	AAAAAGCTAC	AACATAATAT	TAATGCTATC	AAATCTTCTA	GCTCTTCAGA
msa523010.2{263_M781}	AAAAAGCTAC	AACATAATAT	TAATGCTATC	AAATCTTCTA	GCTCTTCAGA
msa523010.2{263_A909}	AAAAAGCTAC	AACATAATAT	TAATGCTATC	AAATCTTCTA	GCTCTTCAGA
msa523010.2{263_H36B}	AAAAAGCTAC	AACATAATAT	TAATGCTATC	AAATCTTCTA	GCTCTTCAGA
msa523010.2{263_090}	AAAAAGCTAC	AACATAATAT	TAATGCTATC	AAATCTTCTA	GCTCTTCAGA
msa523010.2{263_18RS21}	AAAAAGCTAC	AACATAATAT	TAATGCTATC	AAATCTTCTA	GCTCTTCAGA
msa523010.2{263_2603}	AAAAAGCTAC	AACATAATAT	TAATGCTATC	AAATCTTCTA	GCTCTTCAGA
msa523010.2{263_CJB110}	AAAAAGCTAC	AACATAATAT	TAATGCTATC	AAATCTTCTA	GCTCTTCAGA
msa523010.2{263_1169NT}	AAAAAGCTAC	AACATAATAT	TAATGCTATC	AAATCTTCTA	GCTCTTCAGA
msa523010.2{263_JM91130013}	AAAAAGCTAC	AACATAATAT	TAATGCTATC	AAATCTTCTA	GCTCTTCAGA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
	651				700
msa523010.2{263_COH1}	AGTTTATCAA	TCAGTTGCAG	AAGGaAAAAAT	GATTGTGGGG	tTGACTTACG
msa523010.2{263_M732}	AGTTTATCAA	TCAGTTGCAG	AAGGaAAAAAT	GATTGTGGGG	tTGACTTACG
msa523010.2{263_M781}	AGTTTATCAA	TCAGTTGCAG	AAGGaAAAAAT	GATTGTGGGG	tTGACTTACG
msa523010.2{263_A909}	AGTTTATCAA	TCAGTTGCAG	AAGGaAAAAAT	GATTGTGGGG	tTGACTTACG
msa523010.2{263_H36B}	AGTTTATCAA	TCAGTTGCAG	AAGGaAAAAAT	GATTGTGGGG	tTGACTTACG
msa523010.2{263_090}	AGTTTATCAA	TCAGTTGCAG	AAGGaAAAAAT	GATTGTGGGG	tTGACTTACG
msa523010.2{263_18RS21}	AGTTTATCAA	TCAGTTGCAG	AAGGaAAAAAT	GATTGTGGGG	tTGACTTACG
msa523010.2{263_2603}	AGTTTATCAA	TCAGTTGCAG	AAGGaAAAAAT	GATTGTGGGG	tTGACTTACG
msa523010.2{263_CJB110}	AGTTTATCAA	TCAGTTGCAG	AAGGaAAAAAT	GATTGTGGGG	tTGACTTACG
msa523010.2{263_1169NT}	AGTTTATCAA	TCAGTTGCAG	AAGGaAAAAAT	GATTGTGGGG	tTGACTTACG
msa523010.2{263_JM91130013}	AGTTTATCAA	TCAGTTGCAG	AAGGaAAAAAT	GATTGTGGGG	tTGACTTACG
Consensus	*****	*****	****-*****	*****	-*****
	701				750
msa523010.2{263_COH1}	AAGACCCTAG	TGTCAATTG	CAAAAAAGTG	GTGCCAATGT	TTCTATTGTa
msa523010.2{263_M732}	AAGACCCTAG	TGTCAATTG	CAAAAAAGTG	GTGCCAATGT	TTCTATTGTa
msa523010.2{263_M781}	AAGACCCTAG	TGTCAATTG	CAAAAAAGTG	GTGCCAATGT	TTCTATTGTa
msa523010.2{263_A909}	AAGACCCTAG	TGTCAATTG	CAAAAAAGTG	GTGCCAATGT	TTCTATTGTa
msa523010.2{263_H36B}	AAGACCCTAG	TGTCAATTG	CAAAAAAGTG	GTGCCAATGT	TTCTATTGTa
msa523010.2{263_090}	AAGACCCTAG	TGTCAATTG	CAAAAAAGTG	GTGCCAATGT	TTCTATTGTa
msa523010.2{263_18RS21}	AAGACCCTAG	TGTCAATTG	CAAAAAAGTG	GTGCCAATGT	TTCTATTGTa
msa523010.2{263_2603}	AAGACCCTAG	TGTCAATTG	CAAAAAAGTG	GTGCCAATGT	TTCTATTGTa
msa523010.2{263_CJB110}	AAGACCCTAG	TGTCAATTG	CAAAAAAGTG	GTGCCAATGT	TTCTATTGTa
msa523010.2{263_1169NT}	AAGACCCTAG	TGTCAATTG	CAAAAAAGTG	GTGCCAATGT	TTCTATTGTa
msa523010.2{263_JM91130013}	AAGACCCTAG	TGTCAATTG	CAAAAAAGTG	GTGCCAATGT	TTCTATTGTg
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****-
	751				800
msa523010.2{263_COH1}	TACCCGACAG	AAGGGACAGT	TTTTGTCCCA	TCTTCGGTTG	CAATTATAAA
msa523010.2{263_M732}	TACCCGACAG	AAGGGACAGT	TTTTGTCCCA	TCTTCGGTTG	CAATTATAAA
msa523010.2{263_M781}	TACCCGACAG	AAGGGACAGT	TTTTGTCCCA	TCTTCGGTTG	CAATTATAAA
msa523010.2{263_A909}	TACCCGACAG	AAGGGACAGT	TTTTGTCCCA	TCTTCGGTTG	CAATTATAAA
msa523010.2{263_H36B}	TACCCGACAG	AAGGGACAGT	TTTTGTCCCA	TCTTCGGTTG	CAATTATAAA
msa523010.2{263_090}	TACCCGACAG	AAGGGACAGT	TTTTGTCCCA	TCTTCGGTTG	CAATTATAAA
msa523010.2{263_18RS21}	TACCCGACAG	AAGGGACAGT	TTTTGTCCCA	TCTTCGGTTG	CAATTATAAA
msa523010.2{263_2603}	TACCCGACAG	AAGGGACAGT	TTTTGTCCCA	TCTTCGGTTG	CAATTATAAA
msa523010.2{263_CJB110}	TACCCGACAG	AAGGGACAGT	TTTTGTCCCA	TCTTCGGTTG	CAATTATAAA
msa523010.2{263_1169NT}	TACCCGACAG	AAGGGACAGT	TTTTGTCCCA	TCTTCGGTTG	CAATTATAAA
msa523010.2{263_JM91130013}	TACCCGACAG	AAGGGACAGT	TTTTGTCCCA	TCTTCGGTTG	CAATTATAAA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
	801				850
msa523010.2{263_COH1}	GAATGCTCCT	TCTATGAAAG	AAGCAAAGTT	ATTATTAAT	TTTATGCTTT
msa523010.2{263_M732}	GAATGCTCCT	TCTATGAAAG	AAGCAAAGTT	ATTATTAAT	TTTATGCTTT
msa523010.2{263_M781}	GAATGCTCCT	TCTATGAAAG	AAGCAAAGTT	ATTATTAAT	TTTATGCTTT
msa523010.2{263_A909}	GAATGCTCCT	TCTATGAAAG	AAGCAAAGTT	ATTATTAAT	TTTATGCTTT
msa523010.2{263_H36B}	GAATGCTCCT	TCTATGAAAG	AAGCAAAGTT	ATTATTAAT	TTTATGCTTT
msa523010.2{263_090}	GAATGCTCCT	TCTATGAAAG	AAGCAAAGTT	ATTATTAAT	TTTATGCTTT
msa523010.2{263_18RS21}	GAATGCTCCT	TCTATGAAAG	AAGCAAAGTT	ATTATTAAT	TTTATGCTTT
msa523010.2{263_2603}	GAATGCTCCT	TCTATGAAAG	AAGCAAAGTT	ATTATTAAT	TTTATGCTTT
msa523010.2{263_CJB110}	GAATGCTCCT	TCTATGAAAG	AAGCAAAGTT	ATTATTAAT	TTTATGCTTT
msa523010.2{263_1169NT}	GAATGCTCCT	TCTATGAAAG	AAGCAAAGTT	ATTATTAAT	TTTATGCTTT
msa523010.2{263_JM91130013}	GAATGCTCCT	TCTATGAAAG	AAGCAAAGTT	ATTATTAAT	TTTATGCTTT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
	851				900
msa523010.2{263_COH1}	CTTTAGATGT	TCAAAATGCC	TTTGGGCAGT	CAACGAGTAA	CCGACCTATT
msa523010.2{263_M732}	CTTTAGATGT	TCAAAATGCC	TTTGGGCAGT	CAACGAGTAA	CCGACCTATT
msa523010.2{263_M781}	CTTTAGATGT	TCAAAATGCC	TTTGGGCAGT	CAACGAGTAA	CCGACCTATT
msa523010.2{263_A909}	CTTTAGATGT	TCAAAATGCC	TTTGGGCAGT	CAACGAGTAA	CCGACCTATT
msa523010.2{263_H36B}	CTTTAGATGT	TCAAAATGCC	TTTGGGCAGT	CAACGAGTAA	CCGACCTATT
msa523010.2{263_090}	CTTTAGATGT	TCAAAATGCC	TTTGGGCAGT	CAACGAGTAA	CCGACCTATT
msa523010.2{263_18RS21}	CTTTAGATGT	TCAAAATGCC	TTTGGGCAGT	CAACGAGTAA	CCGACCTATT
msa523010.2{263_2603}	CTTTAGATGT	TCAAAATGCC	TTTGGGCAGT	CAACGAGTAA	CCGACCTATT
msa523010.2{263_CJB110}	CTTTAGATGT	TCAAAATGCC	TTTGGGCAGT	CAACGAGTAA	CCGACCTATT
msa523010.2{263_1169NT}	CTTTAGATGT	TCAAAATGCC	TTTGGGCAGT	CAACGAGTAA	CCGACCTATT

Table 60: Comparative Sequences relating to SAG1945

msa523010.2{263\_JM91130013} CTTTAGATGT TCAAAATGCC TTTGGGCAGT CAACGAGTAA CCGACCTATT  
 Consensus \*\*\*\*\*

901 950  
 msa523010.2{263\_COH1} CGTAAAGATG CCCAAACaAG TAATGGCATG AAAGCTTTAA AGGATATcGC  
 msa523010.2{263\_M732} CGTAAAGATG CCCAAACaAG TAATGGCATG AAAGCTTTAA AGGATATcGC  
 msa523010.2{263\_M781} CGTAAAGATG CCCAAACaAG TAATGGCATG AAAGCTTTAA AGGATATcGC  
 msa523010.2{263\_A909} CGTAAAGATG CCCAAACaAG TAATGGCATG AAAGCTTTAA AGGATATcGC  
 msa523010.2{263\_H36B} CGTAAAGATG CCCAAACaAG TAATGGCATG AAAGCTTTAA AGGATATcGC  
 msa523010.2{263\_090} CGTAAAGATG CCCAAACaAG TAATGGCATG AAAGCTTTAA AGGATATcGC  
 msa523010.2{263\_18RS21} CGTAAAGATG CCCAAACaAG TAATGGCATG AAAGCTTTAA AGGATATcGC  
 msa523010.2{263\_2603} CGTAAAGATG CCCAAACaAG TAATGGCATG AAAGCTTTAA AGGATATcGC  
 msa523010.2{263\_CJB110} CGTAAAGATG CCCAAACaAG TAATGGCATG AAAGCTTTAA AGGATATcGC  
 msa523010.2{263\_1169NT} CGTAAAGATG CCCAAACaAG TAATGGCATG AAAGCTTTAA AGGATATcGC  
 msa523010.2{263\_JM91130013} CGTAAAGATG CCCAAACaAG TAATGGCATG AAAGCTTTAA AGGATATcGC  
 Consensus \*\*\*\*\*

951 1000  
 msa523010.2{263\_COH1} TACTCTTAAA GAAGATTATC GCTATGTCAC TAAGCATAAG aGCCAAATCC  
 msa523010.2{263\_M732} TACTCTTAAA GAAGATTATC GCTATGTCAC TAAGCATAAG aGCCAAATCC  
 msa523010.2{263\_M781} TACTCTTAAA GAAGATTATC GCTATGTCAC TAAGCATAAG aGCCAAATCC  
 msa523010.2{263\_A909} TACTCTTAAA GAAGATTATC GCTATGTCAC TAAGCATAAG gGCCAAATCC  
 msa523010.2{263\_H36B} TACTCTTAAA GAAGATTATC GCTATGTCAC TAAGCATAAG gGCCAAATCC  
 msa523010.2{263\_090} TACTCTTAAA GAAGATTATC GCTATGTCAC TAAGCATAAG gGCCAAATCC  
 msa523010.2{263\_18RS21} TACTCTTAAA GAAGATTATC GCTATGTCAC TAAGCATAAG gGCCAAATCC  
 msa523010.2{263\_2603} TACTCTTAAA GAAGATTATC GCTATGTCAC TAAGCATAAG gGCCAAATCC  
 msa523010.2{263\_CJB110} TACTCTTAAA GAAGATTATC GCTATGTCAC TAAGCATAAG gGCCAAATCC  
 msa523010.2{263\_1169NT} TACTCTTAAA GAAGATTATC GCTATGTCAC TAAGCATAAG gGCCAAATCC  
 msa523010.2{263\_JM91130013} TACTCTTAAA GAAGATTATC GCTATGTCAC TAAGCATAAG gGCCAAATCC  
 Consensus \*\*\*\*\*

1001 1035  
 msa523010.2{263\_COH1} TTAAACCTA TAATCGcATT CGTAGAAATG CTGAT  
 msa523010.2{263\_M732} TTAAACCTA TAATCGcATT CGTAGAAATG CTGAT  
 msa523010.2{263\_M781} TTAAACCTA TAATCGcATT CGTAGAAATG CTGAT  
 msa523010.2{263\_A909} TTAAACCTA TAATCGcATT CGTAGAAATG CTGAT  
 msa523010.2{263\_H36B} TTAAACCTA TAATCGcATT CGTAGAAATG CTGAT  
 msa523010.2{263\_090} TTAAACCTA TAATCGcATT CGTAGAAATG CTGAT  
 msa523010.2{263\_18RS21} TTAAACCTA TAATCGcATT CGTAGAAATG CTGAT  
 msa523010.2{263\_2603} TTAAACCTA TAATCGcATT CGTAGAAATG CTGAT  
 msa523010.2{263\_CJB110} TTAAACCTA TAATCGcATT CGTAGAAATG CTGAT  
 msa523010.2{263\_1169NT} TTAAACCTA TAATCGcATT CGTAGAAATG CTGAT  
 msa523010.2{263\_JM91130013} TTAAACCTA TAATCGcATT CGTAGAAATG CTGAT  
 Consensus \*\*\*\*\*

## SEQ ID NO. 6012

STRAIN 2603 frame: 1

MKEKQSKRLIYILLVVSIIPIFISVFTYSISQPSKLLPPKELVILSPNSQAILTGTIPAFEE  
 KYGIKVLIQGGTGQGLIDRLSKEGKQLKADIFFGGNYTQFESHKALFESYVSKNVHTV  
 DYIHPSTATPYTTINGSVLIVNNELAKGLTIKSYEDLLQPSLKGKIAFADPNTSSSAF  
 SQLTNILLAKGGYTNPKAWNYVKKLQHNINAIKSSSSSEVYQSVABGKMI VGLTYED  
 PSVNLQKSGANVSI VYPTEGT VFPSSVAIIKNA PSMKEAKLFINFMLSLDVQNAFQ  
 GSTSNRPIRKDAQTSNGMKALKDIATLKEDYRYVTKHGQILKTYNRIIRNAD

## SEQ ID NO. 6013

STRAIN 090 frame: 1

QPSKLLPPKELVILSPNSQAILTGTIPAFEEKYGIKVLIQGGTGQGLIDRLSKEGKQLKA  
 DIFFGNYTQFESHKALFESYVSKNVHTVIPDYIHPSTATPYTTINGSVLIVNNELAKGL  
 TIKSYEDLLQPSLKGKIAFADPNTSSSAFSQLTNILLAKGGYTNPKAWNYVKKLQHNINA  
 IKSSSSSEVYQSVABGKMI VGLTYEDPSVNLQKSGANVSI VYPTEGT VFPSSVAIIKNA  
 PSMKEAKLFINFMLSLDVQNAFQGSTSNRPIRKDAQTSNGMKALKDIATLKEDYRYVTKH  
 GQILKTYNRIIRNAD

## SEQ ID NO. 6014

STRAIN A909 frame: 1

QPSKLLPPKELVILSPNSQAILTGTIPAFEEKYGIKVLIQGGTGQGLIDRLSKEGKQLKA  
 DIFFGNYTQFESHKALFESYVSKNIHTVIPDYIHPSTATPYTTINGSVLIVNNELAKGL  
 TIKSYEDLLQPSLKGKIAFADPNTSSSAFSQLTNILLAKGGYTNPKAWNYVKKLQHNINA  
 IKSSSSSEVYQSVABGKMI VGLTYEDPSVNLQKSGANVSI VYPTEGT VFPSSVAIIKNA  
 PSMKEAKLFINFMLSLDVQNAFQGSTSNRPIRKDAQTSNGMKALKDIATLKEDYRYVTKH  
 GQILKTYNRIIRNAD

## SEQ ID NO. 6015

STRAIN H36B frame: 2

KLLPPKELVILSPNSQAILTGTIPAFEEKYGIKVLIQGGTGQGLIDRLSKEGKQLKADIF  
 FGGNYTQFESHKALFESYVSKNIHTVIPDYIHPSTATPYTTINGSVLIVNNELAKGLTIK  
 SYEDLLQPSLKGKIAFADPNTSSSAFSQLTNILLAKGGYTNPKAWNYVKKLQHNINA  
 IKSSSSSEVYQSVABGKMI VGLTYEDPSVNLQKSGANVSI VYPTEGT VFPSSVAIIKNA  
 PSMKEAKLFINFMLSLDVQNAFQGSTSNRPIRKDAQTSNGMKALKDIATLKEDYRYVTKH  
 GQILKTYNRIIRNAD

## SEQ ID NO. 6016

Table 60: Comparative Sequences relating to SAG1945

## STRAIN 18RS21 frame: 1

QPSKLLPPKELVILSPNSQAILTGTIPAFEEKYGIKVKLIQGGTGQLIDRLSKEGKQLKA  
 DIFFGGNYTQFESHKALFESYVSKNVHTVIPDYIHPSDTATPYTINGSVLIVNNELAKGL  
 TIKSYEDLLQPSLKGKIAFADPNTSSSAFSQLTNILLAKGGYTNPKAWNYVKKLQHNINA  
 IKSSSSSEVYQSVAGKMIIVGLTYEDPSVNLQKSGANVSIIVYPTGTVFVPSSVAIIKNA  
 PSMKEAKLFINFMLSLDVQNAFGQSTSNRPPIRKDAQTSNGMKALKDIALTKEDYRYVTKH  
 KGQILKTYNRIRRNAD

## SEQ ID NO. 6017

## STRAIN M732 frame: 1

QPSKLLPPKELVILSPNSQAILTGTIPAFEEKYGIKVKLIQGGTGQLIDRLSKEGKQLKA  
 DIFFGGNYTQFESHKALFESYVSKNVHTVIPDYIHPSDTATPYTINGSVLIVNNELAKGL  
 TIKSYEDLLQPSLKGKIAFADPNTSSSAFSQLTNILLAKGGYTNPKAWNYVKKLQHNINA  
 IKSSSSSEVYQSVAGKMIIVGLTYEDPSVNLQKSGANVSIIVYPTGTVFVPSSVAIIKNA  
 PSMKEAKLFINFMLSLDVQNAFGQSTSNRPPIRKDAQTSNGMKALKDIALTKEDYRYVTKH  
 KSQILKTYNRIRRNAD

## SEQ ID NO. 6018

## STRAIN COH1 frame: 1

QPSKLLPPKELVILSPNSQAILTGTIPAFEEKYGIKVKLIQGGTGQLIDRLSKEGKQLKA  
 DIFFGGNYTQFESHKALFESYVSKNVHTVIPDYIHPSDTATPYTINGSVLIVNNELAKGL  
 TIKSYEDLLQPSLKGKIAFADPNTSSSAFSQLTNILLAKGGYTNPKAWNYVKKLQHNINA  
 IKSSSSSEVYQSVAGKMIIVGLTYEDPSVNLQKSGANVSIIVYPTGTVFVPSSVAIIKNA  
 PSMKEAKLFINFMLSLDVQNAFGQSTSNRPPIRKDAQTSNGMKALKDIALTKEDYRYVTKH  
 KSQILKTYNRIRRNAD

## SEQ ID NO. 6019

## STRAIN M781 frame: 1

QPSKLLPPKELVILSPNSQAILTGTIPAFEEKYGIKVKLIQGGTGQLIDRLSKEGKQLKA  
 DIFFGGNYTQFESHKALFESYVSKNVHTVIPDYIHPSDTATPYTINGSVLIVNNELAKGL  
 TIKSYEDLLQPSLKGKIAFADPNTSSSAFSQLTNILLAKGGYTNPKAWNYVKKLQHNINA  
 IKSSSSSEVYQSVAGKMIIVGLTYEDPSVNLQKSGANVSIIVYPTGTVFVPSSVAIIKNA  
 PSMKEAKLFINFMLSLDVQNAFGQSTSNRPPIRKDAQTSNGMKALKDIALTKEDYRYVTKH  
 KSQILKTYNRIRRNAD

## SEQ ID NO. 6020

## STRAIN CJB110 frame: 1

QPSKLLPPKELVILSPNSQAILTGTIPAFEEKYGIKVKLIQGGTGQLIDRLSKEGKQLKA  
 DIFFGGNYTQFESHKALFESYVSKNVHTVIPDYIHPSDTATPYTINGSVLIVNNELAKGL  
 TIKSYEDLLQPSLKGKIAFADPNTSSSAFSQLTNILLAKGGYTNPKAWNYVKKLQHNINA  
 IKSSSSSEVYQSVAGKMIIVGLTYEDPSVNLQKSGANVSIIVYPTGTVFVPSSVAIIKNA  
 PSMKEAKLFINFMLSLDVQNAFGQSTSNRPPIRKDAQTSNGMKALKDIALTKEDYRYVTKH  
 KGQILKTYNRIRRNAD

## SEQ ID NO. 6021

## STRAIN 1169NT frame: 3

SQAILTGTIPAFEEKYGIKVKLIQGGTGQLIDRLSKEGKHLKADIFFGGNYTQFESHKAL  
 FESYVSKNVHTVIPDYIHPSDTATPYTINGSVLIVNNELAKGLTIKSYEDLLQPSLKGKI  
 AFADPNTSSSAFSQLTNILLAKGGYTNPKAWNYVKKLQHNINA IKSSSSSEVYQSVAGK  
 MIIVGLTYEDPSVNLQKSGANVSIIVYPTGTVFVPSSVAIIKNAPSMKEAKLFINFMLSLD  
 VQNAFGQSTSNRPPIRKDAQTSNGMKALKDIALTKEDYRYVTKHKGQILKTYNRIRRNAD

## SEQ ID NO. 6022

## STRAIN JM91130013 frame: 1

QPSKLLPPKELVILSPNSQAILTGTIPAFEEKYGIKVKLIQGGTGQLIDRLSKEGKQLKA  
 DVFFGGNYTQFESHKALFESYVSKNVHTVIPDYIHPSDTATPYTINGSVLIVNNELAKGL  
 TIKSYEDLLQPSLKGKIAFADPNTSSSAFSQLTNILLAKGGYTNPKAWNYVKKLQHNINA  
 IKSSSSSEVYQSVAGKMIIVGLTYEDPSVNLQKSGANVSIIVYPTGTVFVPSSVAIIKNA  
 PSMKEAKLFINFMLSLDVQNAFGQSTSNRPPIRKDAQTSNGMKALKDIALTKEDYRYVTKH  
 KGQILKTYNRIRRNAD

PRETTY of: /biotmp/msa523117.2(\*) April 28, 2003 08:56 ..

	1				50
msa523117.2{263_COH1}	-----	-----	-----	-q psklppkel	vilspnSQAI
msa523117.2{263_M732}	-----	-----	-----	-q psklppkel	vilspnSQAI
msa523117.2{263_M781}	-----	-----	-----	-q psklppkel	vilspnSQAI
msa523117.2{263_1169NT}	-----	-----	-----	-----	-----SQAI
msa523117.2{263_CJB110}	-----	-----	-----	-q pfklppkel	vilspnSQAI
msa523117.2{263_090}	-----	-----	-----	-q psklppkel	vilspnSQAI
msa523117.2{263_18RS21}	-----	-----	-----	-q psklppkel	vilspnSQAI
msa523117.2{263_2603}	mkekqskrli	yillvvsiiif	isvftysisq	psklppkel	vilspnSQAI
msa523117.2{263_A909}	-----	-----	-----	-q psklppkel	vilspnSQAI
msa523117.2{263_JM91130013}	-----	-----	-----	-q psklppkel	vilspnSQAI
msa523117.2{263_H36B}	-----	-----	-----	--klppkel	vilspnSQAI
Consensus	*****	*****	*****	-----	*****
	51				100
msa523117.2{263_COH1}	LTGTIPAFEE	KYGIKVKLIQ	GGTGQLIDRL	SKEGKqLKAD	1FFGGNYTQF
msa523117.2{263_M732}	LTGTIPAFEE	KYGIKVKLIQ	GGTGQLIDRL	SKEGKqLKAD	1FFGGNYTQF
msa523117.2{263_M781}	LTGTIPAFEE	KYGIKVKLIQ	GGTGQLIDRL	SKEGKqLKAD	1FFGGNYTQF
msa523117.2{263_1169NT}	LTGTIPAFEE	KYGIKVKLIQ	GGTGQLIDRL	SKEGKhLKAD	1FFGGNYTQF

Table 60: Comparative Sequences relating to SAG1945

msa523117.2{263_CJB110}	LTGTIPAFEE	KYGIKVKLIQ	GGTGQLIDRL	SKEGKqLKAD	1FFGGNYTQF
msa523117.2{263_090}	LTGTIPAFEE	KYGIKVKLIQ	GGTGQLIDRL	SKEGKqLKAD	1FFGGNYTQF
msa523117.2{263_18RS21}	LTGTIPAFEE	KYGIKVKLIQ	GGTGQLIDRL	SKEGKqLKAD	1FFGGNYTQF
msa523117.2{263_2603}	LTGTIPAFEE	KYGIKVKLIQ	GGTGQLIDRL	SKEGKqLKAD	1FFGGNYTQF
msa523117.2{263_A909}	LTGTIPAFEE	KYGIKVKLIQ	GGTGQLIDRL	SKEGKqLKAD	1FFGGNYTQF
msa523117.2{263_JM91130013}	LTGTIPAFEE	KYGIKVKLIQ	GGTGQLIDRL	SKEGKqLKAD	vFFGGNYTQF
msa523117.2{263_H36B}	LTGTIPAFEE	KYGIKVKLIQ	GGTGQLIDRL	SKEGKqLKAD	1FFGGNYTQF
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa523117.2{263_COH1}	ESHKALFESY	VSKNvHTVIP	DYIHPSDTAT	PYTINGSVLI	VNNELaKGLT
msa523117.2{263_M732}	ESHKALFESY	VSKNvHTVIP	DYIHPSDTAT	PYTINGSVLI	VNNELaKGLT
msa523117.2{263_M781}	ESHKALFESY	VSKNvHTVIP	DYIHPSDTAT	PYTINGSVLI	VNNELaKGLT
msa523117.2{263_1169NT}	ESHKALFESY	VSKNvHTVIP	DYIHPSDTAT	PYTINGSVLI	VNNELaKGLT
msa523117.2{263_CJB110}	ESHKALFESY	VSKNvHTVIP	DYIHPSDTAT	PYTINGSVLI	VNNELaKGLT
msa523117.2{263_090}	ESHKALFESY	VSKNvHTVIP	DYIHPSDTAT	PYTINGSVLI	VNNELaKGLT
msa523117.2{263_18RS21}	ESHKALFESY	VSKNvHTVIP	DYIHPSDTAT	PYTINGSVLI	VNNELaKGLT
msa523117.2{263_2603}	ESHKALFESY	VSKNvHTVIP	DYIHPSDTAT	PYTINGSVLI	VNNELaKGLT
msa523117.2{263_A909}	ESHKALFESY	VSKNvHTVIP	DYIHPSDTAT	PYTINGSVLI	VNNELaKGLT
msa523117.2{263_JM91130013}	ESHKALFESY	VSKNvHTVIP	DYIHPSDTAT	PYTINGSVLI	VNNELaKGLT
msa523117.2{263_H36B}	ESHKALFESY	VSKNvHTVIP	DYIHPSDTAT	PYTINGSVLI	VNNELaKGLT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa523117.2{263_COH1}	IKSYEDLLQP	SLKGKIAFAD	PNTSSSAFSQ	LTNILLAKGG	YTNPKAWNYV
msa523117.2{263_M732}	IKSYEDLLQP	SLKGKIAFAD	PNTSSSAFSQ	LTNILLAKGG	YTNPKAWNYV
msa523117.2{263_M781}	IKSYEDLLQP	SLKGKIAFAD	PNTSSSAFSQ	LTNILLAKGG	YTNPKAWNYV
msa523117.2{263_1169NT}	IKSYEDLLQP	SLKGKIAFAD	PNTSSSAFSQ	LTNILLAKGG	YTNPKAWNYV
msa523117.2{263_CJB110}	IKSYEDLLQP	SLKGKIAFAD	PNTSSSAFSQ	LTNILLAKGG	YTNPKAWNYV
msa523117.2{263_090}	IKSYEDLLQP	SLKGKIAFAD	PNTSSSAFSQ	LTNILLAKGG	YTNPKAWNYV
msa523117.2{263_18RS21}	IKSYEDLLQP	SLKGKIAFAD	PNTSSSAFSQ	LTNILLAKGG	YTNPKAWNYV
msa523117.2{263_2603}	IKSYEDLLQP	SLKGKIAFAD	PNTSSSAFSQ	LTNILLAKGG	YTNPKAWNYV
msa523117.2{263_A909}	IKSYEDLLQP	SLKGKIAFAD	PNTSSSAFSQ	LTNILLAKGG	YTNPKAWNYV
msa523117.2{263_JM91130013}	IKSYEDLLQP	SLKGKIAFAD	PNTSSSAFSQ	LTNILLAKGG	YTNPKAWNYV
msa523117.2{263_H36B}	IKSYEDLLQP	SLKGKIAFAD	PNTSSSAFSQ	LTNILLAKGG	YTNPKAWNYV
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa523117.2{263_COH1}	KKLQHNINAI	KSSSSSEVYQ	SVAEGKMIVG	LYTEDPSVNL	QKSGANVSIV
msa523117.2{263_M732}	KKLQHNINAI	KSSSSSEVYQ	SVAEGKMIVG	LYTEDPSVNL	QKSGANVSIV
msa523117.2{263_M781}	KKLQHNINAI	KSSSSSEVYQ	SVAEGKMIVG	LYTEDPSVNL	QKSGANVSIV
msa523117.2{263_1169NT}	KKLQHNINAI	KSSSSSEVYQ	SVAEGKMIVG	LYTEDPSVNL	QKSGANVSIV
msa523117.2{263_CJB110}	KKLQHNINAI	KSSSSSEVYQ	SVAEGKMIVG	LYTEDPSVNL	QKSGANVSIV
msa523117.2{263_090}	KKLQHNINAI	KSSSSSEVYQ	SVAEGKMIVG	LYTEDPSVNL	QKSGANVSIV
msa523117.2{263_18RS21}	KKLQHNINAI	KSSSSSEVYQ	SVAEGKMIVG	LYTEDPSVNL	QKSGANVSIV
msa523117.2{263_2603}	KKLQHNINAI	KSSSSSEVYQ	SVAEGKMIVG	LYTEDPSVNL	QKSGANVSIV
msa523117.2{263_A909}	KKLQHNINAI	KSSSSSEVYQ	SVAEGKMIVG	LYTEDPSVNL	QKSGANVSIV
msa523117.2{263_JM91130013}	KKLQHNINAI	KSSSSSEVYQ	SVAEGKMIVG	LYTEDPSVNL	QKSGANVSIV
msa523117.2{263_H36B}	KKLQHNINAI	KSSSSSEVYQ	SVAEGKMIVG	LYTEDPSVNL	QKSGANVSIV
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa523117.2{263_COH1}	YPTGTVFVP	SSVAIIKNAP	SMKEAKLFIN	FMLS LDVQNA	FGQSTSNRPI
msa523117.2{263_M732}	YPTGTVFVP	SSVAIIKNAP	SMKEAKLFIN	FMLS LDVQNA	FGQSTSNRPI
msa523117.2{263_M781}	YPTGTVFVP	SSVAIIKNAP	SMKEAKLFIN	FMLS LDVQNA	FGQSTSNRPI
msa523117.2{263_1169NT}	YPTGTVFVP	SSVAIIKNAP	SMKEAKLFIN	FMLS LDVQNA	FGQSTSNRPI
msa523117.2{263_CJB110}	YPTGTVFVP	SSVAIIKNAP	SMKEAKLFIN	FMLS LDVQNA	FGQSTSNRPI
msa523117.2{263_090}	YPTGTVFVP	SSVAIIKNAP	SMKEAKLFIN	FMLS LDVQNA	FGQSTSNRPI
msa523117.2{263_18RS21}	YPTGTVFVP	SSVAIIKNAP	SMKEAKLFIN	FMLS LDVQNA	FGQSTSNRPI
msa523117.2{263_2603}	YPTGTVFVP	SSVAIIKNAP	SMKEAKLFIN	FMLS LDVQNA	FGQSTSNRPI
msa523117.2{263_A909}	YPTGTVFVP	SSVAIIKNAP	SMKEAKLFIN	FMLS LDVQNA	FGQSTSNRPI
msa523117.2{263_JM91130013}	YPTGTVFVP	SSVAIIKNAP	SMKEAKLFIN	FMLS LDVQNA	FGQSTSNRPI
msa523117.2{263_H36B}	YPTGTVFVP	SSVAIIKNAP	SMKEAKLFIN	FMLS LDVQNA	FGQSTSNRPI
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa523117.2{263_COH1}	RKDAQTSNGM	KALKDIATLK	EDYRYVTCHK	gQILKTYNRI	RRNAD
msa523117.2{263_M732}	RKDAQTSNGM	KALKDIATLK	EDYRYVTCHK	gQILKTYNRI	RRNAD
msa523117.2{263_M781}	RKDAQTSNGM	KALKDIATLK	EDYRYVTCHK	gQILKTYNRI	RRNAD
msa523117.2{263_1169NT}	RKDAQTSNGM	KALKDIATLK	EDYRYVTCHK	gQILKTYNRI	RRNAD
msa523117.2{263_CJB110}	RKDAQTSNGM	KALKDIATLK	EDYRYVTCHK	gQILKTYNRI	RRNAD
msa523117.2{263_090}	RKDAQTSNGM	KALKDIATLK	EDYRYVTCHK	gQILKTYNRI	RRNAD
msa523117.2{263_18RS21}	RKDAQTSNGM	KALKDIATLK	EDYRYVTCHK	gQILKTYNRI	RRNAD
msa523117.2{263_2603}	RKDAQTSNGM	KALKDIATLK	EDYRYVTCHK	gQILKTYNRI	RRNAD
msa523117.2{263_A909}	RKDAQTSNGM	KALKDIATLK	EDYRYVTCHK	gQILKTYNRI	RRNAD
msa523117.2{263_JM91130013}	RKDAQTSNGM	KALKDIATLK	EDYRYVTCHK	gQILKTYNRI	RRNAD
msa523117.2{263_H36B}	RKDAQTSNGM	KALKDIATLK	EDYRYVTCHK	gQILKTYNRI	RRNAD
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****

Table 61: Comparative Sequences relating to SAG1030

## SEQ ID NO. 6101

## STRAIN 2603

ATGGTAAAAGTTAGTGTAAAGTTCGTAGGAACTCAAGCATCAACAGTAGCTATTTCTATG  
 TTTAGTCGTGTATCGGCTTTAAATGATGCAATAACAAAACATCATCTTTTGCAGAGGCT  
 GCAACTCTTCAAGGGAGTCTTATTCAAATGCAAAAAGCTATGCTACTGGAACGTTAACT  
 CCGATGCTTCAAGGAATGATTCCTTTCTCTGAAACATTGAGTGAGAAATGTACAGAATTA  
 CAAACCTTATATGTCCTCAATTTGTGGTGATGAGGATTTAGACTCTGTCGTTTAGAATCA  
 AAATTAGCAAGTGATAGGGCATCTTAAAGATGCTGAAGCACTTTTAGAGCATCTTAAC  
 GATGATCCAGAACCTTCCAAATCTGCCATAAGTTCTACAAAAGTAATATTAAAAAATTA  
 AAAAAACGTATAAAATCTAATCAAAAGAAATTAGACAACCTTAATGAATTTAACGCCAT  
 TCAGCAACAGTATTTGCGGACATTTCTAATGCACAGTCAACTGTTAACCAAGCACTAGCG  
 GCTGTTTCAACAGGATTTTCTGGATATAATAGTAAACCGGAGCTTTTGGAAAAACCAACA  
 TCCGGACAGATGGAATGGACAAAGACAGTTAAGAAGAATTGGAAGAGCGAGAAGACGCC  
 AAGCTGAAGAACTGAAAAGTAAAAAGGCTGAAGAAAGTAAAGAAAGCTTCAAAAATGAA  
 AATACTACTAAAAAAGTAATGTTTCAGTTGATAAAAAGAAATTAATAAAGCGGCTAAT  
 GAAGCGTATAAATTAGGAGAAATTAATAAAGATACCTATGAATCAATTATCAGTGGTTTA  
 AGTAATGCATCGGCTGCCTTACTTAAAGAGGTAGCTAAATCAAAATTGACTGACACAGCT  
 CGGCTATTGATG

## SEQ ID NO. 6102

## STRAIN 090

TTAAATGATGCAATAACAAAACATCATCTTTTGCAGAGGCT  
 GCAACTCTTCAAGGGAGTCTTATTCAAATGCAAAAAGCTATGCTACTGG  
 AACGTTAACTCCGATGCTTCAAGGAATGATTCCTTTCTCTGAAACATTGA  
 GTGAGAAATGTACAGAATTACAAACCTTATATGCTCAATTGTGGTGAT  
 GAGGATTTAGACTCTGTCGTTTGTAGAAATCAAAATTAGCAAGTGATAGGGC  
 ATCATTAAGAAATGCTGAAGCACTTTAGAGCATCTTAACGATGATCCAG  
 AACCTTCCAAATCTGCCATAAGTTCTACAAAAGTAATATTAAAAAATTA  
 AAAAAAGCTATAAAATCTAATCAAAAGAAATTAGACAACCTTAATGAAT  
 TAACGCCATTCAGCAACAGTATTTGCGGACATTTCTAATGCACAGTCAA  
 CTGTTTAACCAAGCACTAGCGGCTGTTTCAACAGGATTTTCTGGATATAAT  
 AGTAAACCGGAGCTTTTGGAAAAACCAACATCCGGACAGATGGAATGGAC  
 AAAGACAGTTAAGAAGAATTGGAAGAGCGAGAAGACGCCAAGCTGAAG  
 AACTGAAAAGTAAAAAGGCTGAAGAAAGTAAAGAAAGCTTCAAAAATGAA  
 AATACTACTAAAAAAGTAATGTTTCAGTTGATAAAAAGAAATTAATAAA  
 AGCGGCTAATGAAGCGTATAAATTAGGAGAAATTAATAAAGATACCTATG  
 AATCAATTATCAGTGGTTTAAAGTAATGCATCGGCTGCCTTACTTAAAGAG  
 GTAGCTAAATCAAAATTGACTGACACAGCTCGGCTATTGATG

## SEQ ID NO. 6103

## STRAIN 18RS21

TTAAATGATGCAATAACAAAACATCATCTTTTGCAGAGGC  
 TGCAACTCTTCAAGGGAGTCTTATTCAAATGCAAAAAGCTATGCTACTG  
 GAACGTTAACTCCGATGCTTCAAGGAATGATTCCTTTCTCTGAAACATTG  
 AGTGAGAAATGTACAGAATTACAAACCTTATATGCTCAATTGTGGTGAT  
 TGAGGATTTAGACTCTGTCGTTTGTAGAAATCAAAATTAGCAAGTGATAGGG  
 CATCATTAAGATTGCTGAAGCACTTTTAGAGCATCTTAACGATGATCCA  
 GAACCTTCCAAATCTGCCATAAGTTCTACAAAAGTAATATTAAAAAAT  
 AAAAAACGTATAAAATCTAATCAAAAGAAATTAGACAACCTTAATGAAT  
 TTAACGCCATTCAGCAACAGTATTTGCGGACATTTCTAATGCACAGTCA  
 ACTGTTAACCAAGCACTAGCGGCTGTTTCAACAGGATTTTCTGGATATAA  
 TAGTAAACCGGAGCTTTTGGAAAAACCAACATCCGGACAGATGGAATGGA  
 CAAAGACAGTTAAGAAGAATTGGAAGAGCGAGAAGACGCCAAGCTGAA  
 GAACCTGAAAAGTAAAAAGGCTGAAGAAAGTAAAGAAAGCTTCAAAAATGAA  
 AATACTACTAAAAAAGTAATGTTTCAGTTGATAAAAAGAAATTAATAAA  
 AAGCGGCTAATGAAGCGTATAAATTAGGAGAAATTAATAAAGATACCTAT  
 GAATCAATTATCAGTGGTTTAAAGTAATGCATCGGCTGCCTTACTTAAAGA  
 GGTAGCTAAATCAAAATTGACTGACACAGCTCGGCTATTGATG

PRETTY of: /biotmp/msa185066.2(\*) May 13, 2003 07:01 ..

	1				50
msa185066.2(270_090)	-----	-----	-----	-----	-----
msa185066.2(270_18RS21)	-----	-----	-----	-----	-----
msa185066.2(270_2603)	atggttaaag	ttagtgtgag	ttctgttaga	actcaagcat	caacagtagc
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
	51				100
msa185066.2(270_090)	-----	-----	-----TT	AAATGATGCA	ATAACAAAAC
msa185066.2(270_18RS21)	-----	-----	-----TT	AAATGATGCA	ATAACAAAAC
msa185066.2(270_2603)	tatttctatg	tttagtcgtg	tatcggttt	AAATGATGCA	ATAACAAAAC
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
	101				150
msa185066.2(270_090)	TATCATCTTT	TGCAGAGGCT	GCAACTCTTC	AAGGGACTGC	TTATTCAAAT
msa185066.2(270_18RS21)	TATCATCTTT	TGCAGAGGCT	GCAACTCTTC	AAGGGACTGC	TTATTCAAAT
msa185066.2(270_2603)	TATCATCTTT	TGCAGAGGCT	GCAACTCTTC	AAGGGACTGC	TTATTCAAAT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
	151				200
msa185066.2(270_090)	GCAAAAAGCT	ATGCTACTGG	AACGTTAACT	CCGATGCTTC	AAGGAATGAT
msa185066.2(270_18RS21)	GCAAAAAGCT	ATGCTACTGG	AACGTTAACT	CCGATGCTTC	AAGGAATGAT
msa185066.2(270_2603)	GCAAAAAGCT	ATGCTACTGG	AACGTTAACT	CCGATGCTTC	AAGGAATGAT

Table 61: Comparative Sequences relating to SAG1030

Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
	201				250
msa185066.2{270_090}	TCITTTCTCT	GAAACATTGA	GTGAGAAATG	TACAGAATTA	CAAACCTTAT
msa185066.2{270_18RS21}	TCITTTCTCT	GAAACATTGA	GTGAGAAATG	TACAGAATTA	CAAACCTTAT
msa185066.2{270_2603}	TCITTTCTCT	GAAACATTGA	GTGAGAAATG	TACAGAATTA	CAAACCTTAT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
	251				300
msa185066.2{270_090}	ATGTCTCAAT	TTGTGGTGAT	GAGGATTAG	ACTCTGTCGT	TTTGAATCA
msa185066.2{270_18RS21}	ATGTCTCAAT	TTGTGGTGAT	GAGGATTAG	ACTCTGTCGT	TTTGAATCA
msa185066.2{270_2603}	ATGTCTCAAT	TTGTGGTGAT	GAGGATTAG	ACTCTGTCGT	TTTGAATCA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
	301				350
msa185066.2{270_090}	AAATTAGCAA	GTGATAGGGC	ATCATTAAAG	ATTGCTGAAG	CACTTTTAGA
msa185066.2{270_18RS21}	AAATTAGCAA	GTGATAGGGC	ATCATTAAAG	ATTGCTGAAG	CACTTTTAGA
msa185066.2{270_2603}	AAATTAGCAA	GTGATAGGGC	ATCATTAAAG	ATTGCTGAAG	CACTTTTAGA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
	351				400
msa185066.2{270_090}	GCATCTTAAC	GATGATCCAG	AACCTTCCAA	ATCTGCCATA	AGTTCTACAA
msa185066.2{270_18RS21}	GCATCTTAAC	GATGATCCAG	AACCTTCCAA	ATCTGCCATA	AGTTCTACAA
msa185066.2{270_2603}	GCATCTTAAC	GATGATCCAG	AACCTTCCAA	ATCTGCCATA	AGTTCTACAA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
	401				450
msa185066.2{270_090}	AAAGTAATAT	TAAAAAATTA	AAAAAACGTA	TAAATCTAA	TCAAAGAAA
msa185066.2{270_18RS21}	AAAGTAATAT	TAAAAAATTA	AAAAAACGTA	TAAATCTAA	TCAAAGAAA
msa185066.2{270_2603}	AAAGTAATAT	TAAAAAATTA	AAAAAACGTA	TAAATCTAA	TCAAAGAAA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
	451				500
msa185066.2{270_090}	TTAGACAACC	TTAATGAATT	TAAACGCCAT	TCAGCAACAG	TATTGCGGA
msa185066.2{270_18RS21}	TTAGACAACC	TTAATGAATT	TAAACGCCAT	TCAGCAACAG	TATTGCGGA
msa185066.2{270_2603}	TTAGACAACC	TTAATGAATT	TAAACGCCAT	TCAGCAACAG	TATTGCGGA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
	501				550
msa185066.2{270_090}	CATTTCTAAT	GCACAGTCAA	CTGTTAACCA	AGCACTAGCG	GCTGTTTCAA
msa185066.2{270_18RS21}	CATTTCTAAT	GCACAGTCAA	CTGTTAACCA	AGCACTAGCG	GCTGTTTCAA
msa185066.2{270_2603}	CATTTCTAAT	GCACAGTCAA	CTGTTAACCA	AGCACTAGCG	GCTGTTTCAA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
	551				600
msa185066.2{270_090}	CAGGATTTC	TGGATATAAT	AGTAAACCG	GAGCTTTTGG	AAAACCAACA
msa185066.2{270_18RS21}	CAGGATTTC	TGGATATAAT	AGTAAACCG	GAGCTTTTGG	AAAACCAACA
msa185066.2{270_2603}	CAGGATTTC	TGGATATAAT	AGTAAACCG	GAGCTTTTGG	AAAACCAACA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
	601				650
msa185066.2{270_090}	TCCGGACAGA	TGGAATGGAC	AAAGACAGTT	AAGAAGAATT	GGAAAGAGCG
msa185066.2{270_18RS21}	TCCGGACAGA	TGGAATGGAC	AAAGACAGTT	AAGAAGAATT	GGAAAGAGCG
msa185066.2{270_2603}	TCCGGACAGA	TGGAATGGAC	AAAGACAGTT	AAGAAGAATT	GGAAAGAGCG
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
	651				700
msa185066.2{270_090}	AGAAGACGCC	AAAGCTGAAG	AACTGAAAAG	TAAAAGGCT	GAAGAAAGTA
msa185066.2{270_18RS21}	AGAAGACGCC	AAAGCTGAAG	AACTGAAAAG	TAAAAGGCT	GAAGAAAGTA
msa185066.2{270_2603}	AGAAGACGCC	AAAGCTGAAG	AACTGAAAAG	TAAAAGGCT	GAAGAAAGTA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
	701				750
msa185066.2{270_090}	AGAAAGCTTC	AAAAATTGAA	AATACTACTA	AAAAAAGTAA	TGTTTCAGTT
msa185066.2{270_18RS21}	AGAAAGCTTC	AAAAATTGAA	AATACTACTA	AAAAAAGTAA	TGTTTCAGTT
msa185066.2{270_2603}	AGAAAGCTTC	AAAAATTGAA	AATACTACTA	AAAAAAGTAA	TGTTTCAGTT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
	751				800
msa185066.2{270_090}	GATAAAAAGA	AATTAATAAA	AGCGGCTAAT	GAAGCGTATA	AATTAGGAGA
msa185066.2{270_18RS21}	GATAAAAAGA	AATTAATAAA	AGCGGCTAAT	GAAGCGTATA	AATTAGGAGA
msa185066.2{270_2603}	GATAAAAAGA	AATTAATAAA	AGCGGCTAAT	GAAGCGTATA	AATTAGGAGA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
	801				850
msa185066.2{270_090}	AATTAAAAAA	GATACCTATG	AATCAATTAT	CAGTGGTTTA	AGTAATGCAT
msa185066.2{270_18RS21}	AATTAAAAAA	GATACCTATG	AATCAATTAT	CAGTGGTTTA	AGTAATGCAT
msa185066.2{270_2603}	AATTAAAAAA	GATACCTATG	AATCAATTAT	CAGTGGTTTA	AGTAATGCAT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
	851				900
msa185066.2{270_090}	CGGCTGCCTT	ACTTAAAGAG	GTAGCTAAAT	CAAAATTGAC	TGACACAGCT
msa185066.2{270_18RS21}	CGGCTGCCTT	ACTTAAAGAG	GTAGCTAAAT	CAAAATTGAC	TGACACAGCT

Table 61: Comparative Sequences relating to SAG1030

```

msa185066.2{270_2603} CGGCTGCCTT ACTTAAAGAG GTAGCTAAAT CAAAATTGAC TGACACAGCT
Consensus *****

```

901 912

```

msa185066.2{270_090} CGGCTATTGA TG
msa185066.2{270_18RS21} CGGCTATTGA TG
msa185066.2{270_2603} CGGCTATTGA TG
Consensus *****

```

SEQ ID NO. 6104  
STRAIN 2603 frame: 1  
MVKVSVSSVGTQASTVAISMFSRVSA LNDAITKLSSFAEAATLQGTAYSNKSYATGTLT  
PMLQGMILFSETLSEKCTELQTLVYSICGDEDLDVSVLESKLASDRASLKIAEALLEHLN  
DDPEPSKSAISSTKSNIKKLKKRIKSNQKKLDNLNEFNASHSATVFIADISNAQSTVNQALA  
AVSTGFSGYNSKTGAFGKPTSGQMEWTKTVKKNWKEREDAKABELSKSKAEESKKASKIE  
NTTKKSNVSVDDKKLIKAANEAYKLG EIKKDTYESIISGLSNASAALLKEVAKSKLTDTA  
RLLM

SEQ ID NO. 6105  
STRAIN 090 frame: 1  
LNDAITKLSSFAEAATLQGTAYSNKSYATGTLTPMLQGMILFSETLSEKCTELQTLVYS  
ICGDEDLDVSVLESKLASDRASLKIAEALLEHLNDDPEPSKSAISSTKSNIKKLKKRIKS  
NQKKLDNLNEFNASHSATVFIADISNAQSTVNQALAAVSTGFSGYNSKTGAFGKPTSGQMEW  
TKTVKKNWKEREDAKABELSKSKAEESKKASKIENTTKKSNVSVDDKKLIKAANEAYKLG  
EIKKDTYESIISGLSNASAALLKEVAKSKLTDARLLM

SEQ ID NO. 6106  
STRAIN 18RS21 frame: 1  
LNDAITKLSSFAEAATLQGTAYSNKSYATGTLTPMLQGMILFSETLSEKCTELQTLVYS  
ICGDEDLDVSVLESKLASDRASLKIAEALLEHLNDDPEPSKSAISSTKSNIKKLKKRIKS  
NQKKLDNLNEFNASHSATVFIADISNAQSTVNQALAAVSTGFSGYNSKTGAFGKPTSGQMEW  
TKTVKKNWKEREDAKABELSKSKAEESKKASKIENTTKKSNVSVDDKKLIKAANEAYKLG  
EIKKDTYESIISGLSNASAALLKEVAKSKLTDARLLM  
PRETTY of: /biotmp/msa185181.2{\*} May 13, 2003 07:03 ..

```

msa185181.2{270_090} 1 50
msa185181.2{270_18RS21} -----LND A ITKLSSFAEA ATLQGTAYSN
msa185181.2{270_2603} mvkvsvsavg tqastvaism farsvaLNDA ITKLSSFAEA ATLQGTAYSN
Consensus *****

```

51 100

```

msa185181.2{270_090} AKSYATGTLT PMLQGMILFS ETLSEKCTEL QTLVYSICGD EDLDSVVLES
msa185181.2{270_18RS21} AKSYATGTLT PMLQGMILFS ETLSEKCTEL QTLVYSICGD EDLDSVVLES
msa185181.2{270_2603} AKSYATGTLT PMLQGMILFS ETLSEKCTEL QTLVYSICGD EDLDSVVLES
Consensus *****

```

101 150

```

msa185181.2{270_090} KLASDRASLK IAEALLEHLN DDPEPSKSAI SSTKSNIKKL KKRIKSNQKK
msa185181.2{270_18RS21} KLASDRASLK IAEALLEHLN DDPEPSKSAI SSTKSNIKKL KKRIKSNQKK
msa185181.2{270_2603} KLASDRASLK IAEALLEHLN DDPEPSKSAI SSTKSNIKKL KKRIKSNQKK
Consensus *****

```

151 200

```

msa185181.2{270_090} LDNLNEFNASH SATVFADISN AQSTVNQALA AVSTGFSGYN SKTGAFGKPT
msa185181.2{270_18RS21} LDNLNEFNASH SATVFADISN AQSTVNQALA AVSTGFSGYN SKTGAFGKPT
msa185181.2{270_2603} LDNLNEFNASH SATVFADISN AQSTVNQALA AVSTGFSGYN SKTGAFGKPT
Consensus *****

```

201 250

```

msa185181.2{270_090} SGQMEWTKTV KKNWKEREDA KABELSKSKA ESKKASKIE NTKKSNVSV
msa185181.2{270_18RS21} SGQMEWTKTV KKNWKEREDA KABELSKSKA ESKKASKIE NTKKSNVSV
msa185181.2{270_2603} SGQMEWTKTV KKNWKEREDA KABELSKSKA ESKKASKIE NTKKSNVSV
Consensus *****

```

251 300

```

msa185181.2{270_090} DKKLIKAAN EAYKLGEIKK DYESIISGL SNASAALLKE VAKSKLTDTA
msa185181.2{270_18RS21} DKKLIKAAN EAYKLGEIKK DYESIISGL SNASAALLKE VAKSKLTDTA
msa185181.2{270_2603} DKKLIKAAN EAYKLGEIKK DYESIISGL SNASAALLKE VAKSKLTDTA
Consensus *****

```

301

```

msa185181.2{270_090} RLLM
msa185181.2{270_18RS21} RLLM
msa185181.2{270_2603} RLLM
Consensus ****

```

Table 62: Comparative Sequences relating to SAG0690

## SEQ ID NO. 6201

## STRAIN 2603

ATGATTTTAAAAATTTGTCGTGCAGCATATAGTTTACAATGGGGAGGTGTTTACCAATTA  
 GCTTTGCTGGATTATCCTCGAATTAAGGCGTTTGAATTGGAAAGGATAGGAGCTTTCATA  
 GCTTACGAGAAACAATATAAAAGAAAACTGAGATACAATGTGACGATAAACATCTCCTC  
 GCAAAAATTTGTTCAATTTTAAAAATACAATAGTTTACTTTTCCCTATATTCCTCAATAT  
 AGAGAAGCGGCAGCTACTTTAATGAGGATGGTATTAGTTTAACTTCTGATTTTAAAGC  
 CATACATGTACGATTGAACTGCAAACTAATTTTAAAGAAGGTAAAATCTTATCAGCA  
 GTTAAGCCCTTTAATAAGCCCTGCTGAAGTACTGGTAAAAGATAAGAGGAATGCTGCTGGA  
 GACCCCTAAAGATTACTTTGACTATGTGATGTTGAACTGGTCAAATACCAATTCTGGTTAT  
 CGTTTAGTATGGAAGATTGTTAGGCAAGCACCATTGAACAGGAGTTAACAGTAGGT  
 TTTAAGCCAGGGGTGAGTTTCAATTTTACTTATCAAGATATCATCAATCATCCTGATTCT  
 ATTTTGTGATGGTTATCATCCTGCTAAAATTAATAATCAGCTTTCTTTAGCAGAACATTTA  
 GTTGCATGTGTTATCCCAAAACATTATCAAGAAGATTATCAAGCCCTGTGCCCAATGAC  
 TTGAAACACAGGGTTTATTATTAGATTACTGTAAACGAAACACTTTATGAGTGAATCAA  
 AAGTTTATGATTTTCTTTGTCATTTGGAAAATAAA

## SEQ ID NO. 6202

## STRAIN 090

TGGATTATCCTCTAATTAAGGCGTTTGAATTGGAAAGGATAGGAGCTTTTC  
 ATAGCTTACGAGAAACAATATAAAAGAAAAATGAGATACAATGTGACGA  
 TAAACATCTCCTCACAAAAATTTGTTCAATTTTAAAAATACAATAGTTTAA  
 CTTTCCCTATATTCCTCAATATAGAGAAGCGGCAGCTACTTTTAAAGGAG  
 GATGGTATTAGTTTAACTTCTGATTTTAAAGCCATACATGTACGATTGA  
 AACTGCAAACTAATTTTAAAGAAGGTAAAATCTTATCAGCAGTTAAAG  
 CCTTTAATAAGCCCTGCTGAAGTACTGGTAAATGATAAGAGGAATGCTGCT  
 GGAGACCCCTAAAGATTACTTTGACTATGTGATGTTGAACTGGTCAAATAC  
 CAATTCGGTTATCGTTTAGTAATGGAAAGATTGTTAGGCAAGCACCATT  
 CTGAACAGGAGTTAACAGTAGCTTTAAGCCAGGGGTGAGCTTTCAATTTT  
 AATTAACAAGATATCATCAATCATCCTGATTCTATTTTGTGATGGTTATCA  
 TCTGCTAAAATTAATAATCAACTTTCTTTAGCAGAACATTTAGTTGCAT  
 GTGTTATCCCAAAACATTATCAAGAAGATTATCAAGCCCTGTGCCCTAAT  
 GACTTGAACACACAGATTATTATTATTAGATTACTGTAAACGAAACACTTTA  
 TGAGTGAATCAAAAGTTTATGATTTTCTTTGTCATTTGGAAAATAAA

## SEQ ID NO. 6203

## STRAIN A909

TTGCTGGATTATCCTCGAATTAAGGCGTTTGAATTGGAAAGGATA  
 GGAGCTTTCTATAGCTTACGAGAAACAATATAAAAGAAAAATGAGATACA  
 ATGTGACGATAAACAATCTCCTCACAAAAATTTGTTCAATTTTAAAAATACA  
 ATAGTTTATCTTTTCCCTATATTCCTCAATATAGAGAAGCGGCAGCTACT  
 TTTAATGAGGATGGTATTAGTTTAACTTCTGATTTTAAAGCCATACATG  
 TAGGATTGAACTGCAAACTAATTTTAAAGAAGGTAAAATCTTATCAG  
 CAGTTAAAGCCCTTTAATAAGCCCTGCTGAAGTACTGGTAAATGATAAGAGG  
 AATGCTGCTGGAGACCCCTAAAGATTACTTTGACTATGTGATGTTGAACCTG  
 GTCAAATACCAATTCGGTTATCGTTTAGTAATGGAAAGATTGTTAGGCA  
 AAGCACCATCTGAACAGGAGTTAACAGTAGCTTTAAGCCAGGGGTGAGC  
 TTTCAATTTAATTAACAAGATATCATCAATCATCCTGATTCTATTTTGA  
 TGGTTATCATCCTGCTAAAATTAATAATCAACTTTCTTTAGCAGAACATT  
 TAGTTGCATGTGTTATCCCAAAACATTATCAAGAAGATTATCAAGCCCTT  
 GTGCCCTAATGACTTGAACACACAGATTATTATTATTAGATTACTGTAAACGA  
 AACACTTTATGAGTGAATCAAAAGTTTATGATTTTCTTTGTCATTTGG  
 AAAATAAA

## SEQ ID NO. 6204

## STRAIN H36B

TTAAGGCGTTTGAATTGGAAAGGATAGGAGCTTTATAGCTTACGAGAAA  
 CAATATAAAAGAAAAATGAGATACAATGTGACGATAAACAATCTCCTCAC  
 AAAAATTTGTTCAATTTTAAAAATACAATAGTTTACTTTTCCCTATATTC  
 CCAATATAGAGAAGCGGCAGCTACTTTAATGAGGATGGTATTAGTTTA  
 ACTTCTGATTTTAAAGCCATACATGTACGATTGAACTGCAAACTAAT  
 TTTTAAAGAAGGTAAAATCTTATCAGCAGTTAAAGCCCTTAAATAAGCCCTG  
 CTGAAGTACTGGTAAATGATAAGAGGAATGCTGCTGGAGACCCCTAAAGAT  
 TACTTTGACTATGTGATGTTGAACCTGGTCAAATACCAATCTGGTTATCG  
 TTTAGTAATGGAAAGATTGTTAGGCAAGCACCATTGAACAGGAGTTAA  
 CAGTAGCTTTTAAAGCCAGGGGTGAGCTTTCAATTTAATTAACAAGATATC  
 ATCAATCATCCTGATTCTATTTTGTGATGGTTATCATCCTGCTAAAATTA  
 AAATCAACTTTCTTTAGCAGAACATTTAGTTGCATGTGTTATCCCAAAAC  
 ATTATCAAGAAGATTATCAAGCCCTGTGCCCTAATGACTTGAACACAGA  
 GTTTATTATTAGATTACTGTAAACGAAACACTTTATGAGTGAATCAAAA  
 AGTTTATGATTTTCTTTGTCATTTGGAAAATAAA

## SEQ ID NO. 6205

## STRAIN 18RS21

TTGCTGGATTATCCTCGAATTAAGGCGTT  
 TGAATTGGAAAGGATAGGAGCTTTATAGCTTACGAGAAACAATATAAA  
 GAAAACTGAGATACAATGTGACGATAAACAATCTCCTCGCAAAAATTTGTT  
 CATTTTAAAAATACAATAGTTTACTTTTCCCTATATTCCTCAATATAG  
 AGAAGCGGCAGCTACTTTAATGAGGATGGTATTAGTTTAACTTCTGATT  
 TTTTAAAGCCATACATGTACGATTGAACTGCAAACTAATTTTAAAGAA  
 GGTAATAATCTTATCAGCAGTTAAAGCCCTTAAATAAGCCCTGCTGAAGTACT  
 GGTAAAAGATAAGAGGAATGCTGCTGGAGACCCCTAAAGATTACTTTGACT  
 ATGTGATGTTGAACCTGGTCAAATACCAATCTGGTTATCGTTTAGTAATG



Table 62: Comparative Sequences relating to SAG0690

GAAAGATTGTTAGGCAAAGCACCATCTGAACAGGAGTTAACAGTAGGTTT  
 TAAGCCAGGGGTCAGTTTTCATTTTACTTATCAAGATATCATCAATCATC  
 CTGATTCTATTTTGTATGGTTATCATCCTGCTAAAAATAAAAATCAGCTT  
 TCTTTAGCAGAACATTTAGTTGTCATGTGTATCCCAAACATTATCAAGA  
 AGATTATCAAAGCCTTGTGCCCAATGACTTGAACACAGGGTTTATTATT  
 TAGATTACTGTAAACGAAACACTTTATGAGTGAATCAAAAAGTTTATGAT  
 TTTCTTTGTCATTGGAAAAATAA

## SEQ ID NO. 6206

## STRAIN M732

TTGCTGGATTATCCTCGAATTAAGGCGTT  
 TGAATTGGAAAGGATAGGAGCTTTTCATAGCTTACGAGAAACAATATAAA  
 GAAAAACTGAGATACAAATGTGACGATAAACATCTCCTCGCAAAAATGTT  
 CATTTTAAAAATACAAATAGTTTACTTTTCCCTATATTCCCAAATATAG  
 AGAAGCGGCAGCTACTTTTAATGAGGATGGTATTAGTTTAACTTCTGATT  
 TTTTAAGCCATACATGTACGATTGAACTGCAAACTAATTTTAAAGAA  
 GGTAATACTTTATCAGCAGTTAAAGCCTTTAATAAGCCTGCTGAAGTACT  
 GGTAAAGATAAGAGGAATGCTGCTGGAGACCCCTAAAGATTACTTTGACT  
 ATGTGATGTTGAACCTGGTCAAATACCAATTCTGGTTATCGTTTATGTAATG  
 GAAAGATTGTTAGGCAAAGCACCATCTGAACAGGAGTTAACAGTAGGTTT  
 TAAGCCAGGGGTCAGTTTTCATTTTACTTATCAAGATATCATCAATCATC  
 CTGATTCTATTTTGTATGGTTATCATCCTGCTAAAAATAAAAATCAGCTT  
 TCTTTAGCAGAACATTTAGTTGTCATGTGTATCCCAAACATTATCAAGA  
 AGATTATCAAAGCCTTGTGCCCAATGACTTGAACACAGGGTTTATTATT  
 TAGATTACTGTAAACGAAACACTTTATGAGTGAATCAAAAAGTTTATGAT  
 TTTCTTTGnCATTTGGAAAAATAA

## SEQ ID NO. 6207

## STRAIN COH1

TTGCTGGAT  
 TATCCTCGAATTAAGGCGTTTGAATTGGAAAGGATAGGAGCTTTTCATAGC  
 TTACGAGAAACAATATAAAAGAAAACTGAGATACAATGTGACGATAAAC  
 ATCTCCTCGCAAAAATGTTTCATTTTAAAAATACAAATAGTTTACTTTT  
 CCGTATATTCCCAAATATAGAGAAGCGGCAGCTACTTTTAATGAGGATGG  
 TATTAGTTTAACTTCTGATTTTTAAAGCCATACATGTACGATTGAAACTG  
 CAAAACTAATTTTAAAGAAAGGTAAATCTTATCAGCAGTTAAAGCCTTT  
 AATAAGCCTGCTGAAGTACTGGTAAAGATAAGAGGAATGCTGCTGGAGA  
 CCCTAAAGATTACTTTGACTATGTGATGTTGAACCTGGTCAAATACCAATT  
 CTGGTTATCGTTTAGTAATGAAAGATTGTTAGGCAAAGCACCCTCTGAA  
 CAGGAGTTAACAGTAGGTTTAAAGCCAGGGGTCAGTTTTCATTTTACTTA  
 TCAAGATATCATCAATCATCCTGATTCTATTTTGTATGGTTATCATCCTG  
 CTAAAAATAAAAATCAGCTTTCTTTAGCAGAACATTTAGTTGTCATGTGT  
 ATCCCAAACATTATCAAGAAGATTATCAAGCCTTGTGCCCAATGACTT  
 GAAACACAGGGTTTATTATTAGATTACTGTAAACGAAACACTTTATGAGT  
 GGAATCAAAAAGTTTATGATTTCCTTTGGCATTGGAAAAATAA

## SEQ ID NO. 6208

## STRAIN M781

TTGCTGGA  
 TTATCCTCGAATTAAGGCGTTTGAATTGGAAAGGATAGGAGCTTTTCATAG  
 CTTACGAGAAACAATATAAAAGAAAACTGAGATACAATGTGACGATAAA  
 CATCTCCTCGCAAAAATGTTTCATTTTAAAAATACAAATAGTTTACTTT  
 TCCCTATATTCCCAAATATAGAGAAGCGGCAGCTACTTTTAATGAGGATG  
 GTATTAGTTTAACTTCTGATTTTTAAAGCCATACATGTACGATTGAAACT  
 GCAAACTAATTTTAAAGAAAGGTAAATCTTATCAGCAGTTAAAGCCTT  
 TAATAAGCCTGCTGAAGTACTGGTAAAGATAAGAGGAATGCTGCTGGAG  
 ACCCTAAAGATTACTTTGACTATGTGATGTTGAACCTGGTCAAATACCAAT  
 TCTGGTTATCGTTTAGTAATGAAAGATTGTTAGGCAAAGCACCCTCTGA  
 ACAGGAGTTAACAGTAGGTTTAAAGCCAGGGGTCAGTTTTCATTTTACTT  
 ATCAAGATATCATCAATCATCCTGATTCTATTTTGTATGGTTATCATCCT  
 GCTAAAAATAAAAATCAGCTTTCTTTAGCAGAACATTTAGTTGTCATGTGT  
 TATCCCAAACATTATCAAGAAGATTATCAAGCCTTGTGCCCAATGACTT  
 TGAACACAGGGTTTATTATTAGATTACTGTAAACGAAACACTTTATGAG  
 TGAATCAAAAAGTTTATGATTTCCTTTGTCATTGGAAAAATAA

## SEQ ID NO. 6209

## STRAIN CJB110

TTGCTGGATTATCCTCGAATTAAGGC  
 GTTTGAATTGGAAAGGATAGGAGCTTTTCATAGCTTACGAGAAACAATATA  
 AAAGAAAAATGAGATACAATGTGACGATAAACATCTCCTCAGAAAAAT  
 GTTCATTTTAAAAATACAAATAGTTTACTTTTCCCTATATTCCCAAATA  
 TAGAGAAGCGGCAGCTACTTTAATGAGGATGGTATTAGTTTAACTTCTG  
 ATTTTAAAGCCATACATGTACGATTGAACTGCAAACTAATTTTAAAA  
 GAGGTAAAAATCTTATCAGCAGTTAAAGCCTTTAATAAGCCTGCTGAAGT  
 ACTGGTAAATGATAAGAGGAATGCTGCTGGAGACCCCTAAAGATTACTTTG  
 ACTATGTGATGTTGAACCTGGTCAAATACCAATTCTGGTTATCGTTTAGTA  
 ATGGAAGATTGTTAGGCAAAGCACCCTCTGAACAGGAGTTAACAGTAGC  
 TTTTAAAGCCAGGGGTCAGCTTTTCATTTTAAATATCAAGATATCATCAATC  
 ATCCTGATTTCTATTTTGTATGGTTATCATCCTGCTAAAAATAAAAATCAA  
 CTTTCTTTAGCAGAACATTTAGTTGTCATGTGTATCCCAAACATTATCA  
 AGAAGATTATCAAAGCCTTGTGCCCAATGACTTGAACACAGAGTTTATT  
 ATTTAGATTACTGTAAACGAAACACTTTATGAGTGAATCAAAAAGTTTAT  
 GATTTCCTTTGTCATTGGAAAAATAA

Table 62: Comparative Sequences relating to SAG0690

SEQ ID NO. 6210

STRAIN 1169NT

AATTAAGGCGTTTGAATTGGAAAGGATAGGAGCTTTCATAGCTTACGAGA  
 AACAAATATAAAGAAAACTGAGATACAAATGTGACGATAAACATCTCCTC  
 GCAAAAATTGTTTCATTTTTTAAATACAAATAGTTTTACTTTTCCCTATAT  
 TCCCAAATATAGAGAAGCGGCAGCTACTTTTATGAGGATGGTATTAGTT  
 TAACCTTCGATTTTTTTAAGCCATACATGTACGATTGAAACTGCAAACTA  
 ATTTTAAAGAAAGGTAAATCTTATCAGCAGTTAAAGCCTTTAATAAGCC  
 TGCTGAAGTACTGGTAAATGATAAGAGGAATGCTGCTGGAGACCCCTAAAG  
 ATTACTTTGACTATGTGATGTGAACTGGTCAAATACCAATCTGGTTAT  
 CGTTTAGTAATGAAAGATTGTTAGGCAAGCACCCTCTGAACAGGAGTT  
 AACAGTAGGTTTTAAGCCAGGGTTCAGCTTTTCATTTTACTTATCAAGATA  
 TCATCAATCATCTGATTCTATTTTTTGATGGTTATCATCTGCTAAAAAT  
 AAAAATCAGCTTTCTTTAGCAGAATTTAGTTGCGTGTGTTATCCCAA  
 ACATTATCAAGAAGATTATCAAAATCTTGTGCCCAATGACTTGAACACA  
 GAGTTATTATTAGATTACTGTACGAAACACCTTTATGAGTGAATCAA  
 AAGTTTATGATTTCTTTGTCAATTTGGAAAAATAA

SEQ ID NO. 6211

STRAIN JM9130013

ATAGGAGCTTTCATAGCTTACGAGAAACAAATATAAAGAAAAATTGAGAT  
 ACAATGTGACGATAAACATCTCCTCACAAAAATTGTTCAATTTTTTAAAT  
 ACAATAGTTTTTACTTTTCCCTATATTTCCCAAATATAGAGAAGCGGCAGCT  
 ACTTTAATGAGGATGGTATTAGTTAACTTCTGATTTTTTAAGCCATAC  
 ATGTACGATTGAACTGCAAACTAATTTTTAAAGAAGGTAAATCTTAT  
 CAGCAGTTAAAGCCTTTAATAAGCCTGCTGAAGTACTGGTAAATGATAAG  
 AGGAATGCTGCTGGAGACCCCTAAAGATTACTTTGACTATGTGATGTTGAA  
 CTGGTCAAATACCAATCTGGTTATCGTTTAGTAATGGAAGGATTGTTAG  
 GCAAGCACCCTCTGAACAGGAGTTAAGCAGTAGCTTTTAAAGCCAGGGTTC  
 AGCTTTTCAATTTAATTATCAAGATATCATCAATCATCTGATTCTATTTT  
 TAGTGGTTATCATCTGCTAAATTAATAAATCAACTTTCTTTAGCAGAAT  
 ATTTAGTTGCATGTTTATCCCAAACATTATCAAGAAGATTATCAAGC  
 CTGTGCCCTAATGACTTGAACACAGAGTTTATTATTAGATTACTGTAA  
 CGAAACACCTTTATGAGTGAATCAAAAAGTTTATGATTTTCTTTGTCAAT  
 TGGAAAAATAA

PRETTY of: /biotmp/msa185284.2[\*] May 13, 2003 07:08 ..

	1				50
msa185284.2{271_090}	-----	-----	-----	-----	-----
msa185284.2{271_H36B}	-----	-----	-----	-----	-----
msa185284.2{271_JM9130013}	-----	-----	-----	-----	-----
msa185284.2{271_A909}	-----	-----	-----	-----	-----
msa185284.2{271_CJB110}	-----	-----	-----	-----	-----
msa185284.2{271_18RS21}	-----	-----	-----	-----	-----
msa185284.2{271_2603}	atgatttttaa	aaatttgtcg	tgacgacat	agtttacaat	ggggaggtgt
msa185284.2{271_M732}	-----	-----	-----	-----	-----
msa185284.2{271_M781}	-----	-----	-----	-----	-----
msa185284.2{271_COH1}	-----	-----	-----	-----	-----
msa185284.2{271_1169NT}	-----	-----	-----	-----	-----
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
	51				100
msa185284.2{271_090}	-----	-----	-----	-----	-----
msa185284.2{271_H36B}	-----	-----	-----	-----	-----
msa185284.2{271_JM9130013}	-----	-----	-----	-----	-----
msa185284.2{271_A909}	-----	-----	-----	-----	-----
msa185284.2{271_CJB110}	-----	-----	-----	-----	-----
msa185284.2{271_18RS21}	-----	-----	-----	-----	-----
msa185284.2{271_2603}	ttaccaatta	gctTTGctgg	attatcctcg	aattaaggcg	tttgaattgg
msa185284.2{271_M732}	-----	-----	-----	-----	-----
msa185284.2{271_M781}	-----	-----	-----	-----	-----
msa185284.2{271_COH1}	-----	-----	-----	-----	-----
msa185284.2{271_1169NT}	-----	-----	-----	-----	-----
Consensus	*****	*****	-----	-----	-----
	101				150
msa185284.2{271_090}	aaaggATAGG	AGCTTTTCATA	GCTTACGAGA	AACAATATAA	AAGAAAAAaT
msa185284.2{271_H36B}	aaaggATAGG	AGCTTTTCATA	GCTTACGAGA	AACAATATAA	AAGAAAAAaT
msa185284.2{271_JM9130013}	-----	ATAGG	AGCTTTTCATA	GCTTACGAGA	AACAATATAA
msa185284.2{271_A909}	aaaggATAGG	AGCTTTTCATA	GCTTACGAGA	AACAATATAA	AAGAAAAAaT
msa185284.2{271_CJB110}	aaaggATAGG	AGCTTTTCATA	GCTTACGAGA	AACAATATAA	AAGAAAAAaT
msa185284.2{271_18RS21}	aaaggATAGG	AGCTTTTCATA	GCTTACGAGA	AACAATATAA	AAGAAAAAaT
msa185284.2{271_2603}	aaaggATAGG	AGCTTTTCATA	GCTTACGAGA	AACAATATAA	AAGAAAAAaT
msa185284.2{271_M732}	aaaggATAGG	AGCTTTTCATA	GCTTACGAGA	AACAATATAA	AAGAAAAAaT
msa185284.2{271_M781}	aaaggATAGG	AGCTTTTCATA	GCTTACGAGA	AACAATATAA	AAGAAAAAaT
msa185284.2{271_COH1}	aaaggATAGG	AGCTTTTCATA	GCTTACGAGA	AACAATATAA	AAGAAAAAaT
msa185284.2{271_1169NT}	aaaggATAGG	AGCTTTTCATA	GCTTACGAGA	AACAATATAA	AAGAAAAAaT
Consensus	-----	*****	*****	*****	*****
	151				200
msa185284.2{271_090}	GAGATACAA	GTGACGATAA	ACATCTCCTC	aCAAAAATTG	TTCATTTTTT

Table 62: Comparative Sequences relating to SAG0690

msa185284.2{271_H36B}	GAGATACAAT	GTGACGATAA	ACATCTCCTC	aCAAAAATTG	TTCATTTTTT
msa185284.2{271_JM9130013}	GAGATACAAT	GTGACGATAA	ACATCTCCTC	aCAAAAATTG	TTCATTTTTT
msa185284.2{271_A909}	GAGATACAAT	GTGACGATAA	ACATCTCCTC	aCAAAAATTG	TTCATTTTTT
msa185284.2{271_CJB110}	GAGATACAAT	GTGACGATAA	ACATCTCCTC	aCAAAAATTG	TTCATTTTTT
msa185284.2{271_18RS21}	GAGATACAAT	GTGACGATAA	ACATCTCCTC	gCAAAAATTG	TTCATTTTTT
msa185284.2{271_2603}	GAGATACAAT	GTGACGATAA	ACATCTCCTC	gCAAAAATTG	TTCATTTTTT
msa185284.2{271_M732}	GAGATACAAT	GTGACGATAA	ACATCTCCTC	gCAAAAATTG	TTCATTTTTT
msa185284.2{271_M781}	GAGATACAAT	GTGACGATAA	ACATCTCCTC	gCAAAAATTG	TTCATTTTTT
msa185284.2{271_COH1}	GAGATACAAT	GTGACGATAA	ACATCTCCTC	gCAAAAATTG	TTCATTTTTT
msa185284.2{271_1169NT}	GAGATACAAT	GTGACGATAA	ACATCTCCTC	gCAAAAATTG	TTCATTTTTT
Consensus	*****	*****	*****	-*****	*****
msa185284.2{271_090}	AAAAATACAAT	AGTTTTACTT	TTCCCTATAT	TCCCAAATAT	AGAGAAGCGG
msa185284.2{271_H36B}	AAAAATACAAT	AGTTTTACTT	TTCCCTATAT	TCCCAAATAT	AGAGAAGCGG
msa185284.2{271_JM9130013}	AAAAATACAAT	AGTTTTACTT	TTCCCTATAT	TCCCAAATAT	AGAGAAGCGG
msa185284.2{271_A909}	AAAAATACAAT	AGTTTTACTT	TTCCCTATAT	TCCCAAATAT	AGAGAAGCGG
msa185284.2{271_CJB110}	AAAAATACAAT	AGTTTTACTT	TTCCCTATAT	TCCCAAATAT	AGAGAAGCGG
msa185284.2{271_18RS21}	AAAAATACAAT	AGTTTTACTT	TTCCCTATAT	TCCCAAATAT	AGAGAAGCGG
msa185284.2{271_2603}	AAAAATACAAT	AGTTTTACTT	TTCCCTATAT	TCCCAAATAT	AGAGAAGCGG
msa185284.2{271_M732}	AAAAATACAAT	AGTTTTACTT	TTCCCTATAT	TCCCAAATAT	AGAGAAGCGG
msa185284.2{271_M781}	AAAAATACAAT	AGTTTTACTT	TTCCCTATAT	TCCCAAATAT	AGAGAAGCGG
msa185284.2{271_COH1}	AAAAATACAAT	AGTTTTACTT	TTCCCTATAT	TCCCAAATAT	AGAGAAGCGG
msa185284.2{271_1169NT}	AAAAATACAAT	AGTTTTACTT	TTCCCTATAT	TCCCAAATAT	AGAGAAGCGG
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa185284.2{271_090}	CAGCTACTTT	TAATGAGGAT	GGTATTAGTT	TAACCTCTGA	TTTTTTAAGC
msa185284.2{271_H36B}	CAGCTACTTT	TAATGAGGAT	GGTATTAGTT	TAACCTCTGA	TTTTTTAAGC
msa185284.2{271_JM9130013}	CAGCTACTTT	TAATGAGGAT	GGTATTAGTT	TAACCTCTGA	TTTTTTAAGC
msa185284.2{271_A909}	CAGCTACTTT	TAATGAGGAT	GGTATTAGTT	TAACCTCTGA	TTTTTTAAGC
msa185284.2{271_CJB110}	CAGCTACTTT	TAATGAGGAT	GGTATTAGTT	TAACCTCTGA	TTTTTTAAGC
msa185284.2{271_18RS21}	CAGCTACTTT	TAATGAGGAT	GGTATTAGTT	TAACCTCTGA	TTTTTTAAGC
msa185284.2{271_2603}	CAGCTACTTT	TAATGAGGAT	GGTATTAGTT	TAACCTCTGA	TTTTTTAAGC
msa185284.2{271_M732}	CAGCTACTTT	TAATGAGGAT	GGTATTAGTT	TAACCTCTGA	TTTTTTAAGC
msa185284.2{271_M781}	CAGCTACTTT	TAATGAGGAT	GGTATTAGTT	TAACCTCTGA	TTTTTTAAGC
msa185284.2{271_COH1}	CAGCTACTTT	TAATGAGGAT	GGTATTAGTT	TAACCTCTGA	TTTTTTAAGC
msa185284.2{271_1169NT}	CAGCTACTTT	TAATGAGGAT	GGTATTAGTT	TAACCTCTGA	TTTTTTAAGC
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa185284.2{271_090}	CATACATGTA	CGATTGAAAC	TGCAAAACTA	ATTTTTAAAG	AAGGTAAAT
msa185284.2{271_H36B}	CATACATGTA	CGATTGAAAC	TGCAAAACTA	ATTTTTAAAG	AAGGTAAAT
msa185284.2{271_JM9130013}	CATACATGTA	CGATTGAAAC	TGCAAAACTA	ATTTTTAAAG	AAGGTAAAT
msa185284.2{271_A909}	CATACATGTA	CGATTGAAAC	TGCAAAACTA	ATTTTTAAAG	AAGGTAAAT
msa185284.2{271_CJB110}	CATACATGTA	CGATTGAAAC	TGCAAAACTA	ATTTTTAAAG	AAGGTAAAT
msa185284.2{271_18RS21}	CATACATGTA	CGATTGAAAC	TGCAAAACTA	ATTTTTAAAG	AAGGTAAAT
msa185284.2{271_2603}	CATACATGTA	CGATTGAAAC	TGCAAAACTA	ATTTTTAAAG	AAGGTAAAT
msa185284.2{271_M732}	CATACATGTA	CGATTGAAAC	TGCAAAACTA	ATTTTTAAAG	AAGGTAAAT
msa185284.2{271_M781}	CATACATGTA	CGATTGAAAC	TGCAAAACTA	ATTTTTAAAG	AAGGTAAAT
msa185284.2{271_COH1}	CATACATGTA	CGATTGAAAC	TGCAAAACTA	ATTTTTAAAG	AAGGTAAAT
msa185284.2{271_1169NT}	CATACATGTA	CGATTGAAAC	TGCAAAACTA	ATTTTTAAAG	AAGGTAAAT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa185284.2{271_090}	CTTATCAGCA	GTTAAAGCCT	TTAATAAGCC	TGCTGAAGTA	CTGGTAAATG
msa185284.2{271_H36B}	CTTATCAGCA	GTTAAAGCCT	TTAATAAGCC	TGCTGAAGTA	CTGGTAAATG
msa185284.2{271_JM9130013}	CTTATCAGCA	GTTAAAGCCT	TTAATAAGCC	TGCTGAAGTA	CTGGTAAATG
msa185284.2{271_A909}	CTTATCAGCA	GTTAAAGCCT	TTAATAAGCC	TGCTGAAGTA	CTGGTAAATG
msa185284.2{271_CJB110}	CTTATCAGCA	GTTAAAGCCT	TTAATAAGCC	TGCTGAAGTA	CTGGTAAATG
msa185284.2{271_18RS21}	CTTATCAGCA	GTTAAAGCCT	TTAATAAGCC	TGCTGAAGTA	CTGGTAAATG
msa185284.2{271_2603}	CTTATCAGCA	GTTAAAGCCT	TTAATAAGCC	TGCTGAAGTA	CTGGTAAATG
msa185284.2{271_M732}	CTTATCAGCA	GTTAAAGCCT	TTAATAAGCC	TGCTGAAGTA	CTGGTAAATG
msa185284.2{271_M781}	CTTATCAGCA	GTTAAAGCCT	TTAATAAGCC	TGCTGAAGTA	CTGGTAAATG
msa185284.2{271_COH1}	CTTATCAGCA	GTTAAAGCCT	TTAATAAGCC	TGCTGAAGTA	CTGGTAAATG
msa185284.2{271_1169NT}	CTTATCAGCA	GTTAAAGCCT	TTAATAAGCC	TGCTGAAGTA	CTGGTAAATG
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa185284.2{271_090}	ATAAGAGGAA	TGCTGCTGGA	GACCCATAAG	ATTACTTTGA	CTATGTGATG
msa185284.2{271_H36B}	ATAAGAGGAA	TGCTGCTGGA	GACCCATAAG	ATTACTTTGA	CTATGTGATG
msa185284.2{271_JM9130013}	ATAAGAGGAA	TGCTGCTGGA	GACCCATAAG	ATTACTTTGA	CTATGTGATG
msa185284.2{271_A909}	ATAAGAGGAA	TGCTGCTGGA	GACCCATAAG	ATTACTTTGA	CTATGTGATG
msa185284.2{271_CJB110}	ATAAGAGGAA	TGCTGCTGGA	GACCCATAAG	ATTACTTTGA	CTATGTGATG
msa185284.2{271_18RS21}	ATAAGAGGAA	TGCTGCTGGA	GACCCATAAG	ATTACTTTGA	CTATGTGATG
msa185284.2{271_2603}	ATAAGAGGAA	TGCTGCTGGA	GACCCATAAG	ATTACTTTGA	CTATGTGATG
msa185284.2{271_M732}	ATAAGAGGAA	TGCTGCTGGA	GACCCATAAG	ATTACTTTGA	CTATGTGATG
msa185284.2{271_M781}	ATAAGAGGAA	TGCTGCTGGA	GACCCATAAG	ATTACTTTGA	CTATGTGATG
msa185284.2{271_COH1}	ATAAGAGGAA	TGCTGCTGGA	GACCCATAAG	ATTACTTTGA	CTATGTGATG
msa185284.2{271_1169NT}	ATAAGAGGAA	TGCTGCTGGA	GACCCATAAG	ATTACTTTGA	CTATGTGATG
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****

Table 62: Comparative Sequences relating to SAG0690

msa185284.2{271_090}	TTGAACCTGGT	CAAATACCAA	TTCTGGTTAT	CGTTTAGTAA	TGGAAAGATT
msa185284.2{271_H36B}	TTGAACCTGGT	CAAATACCAA	TTCTGGTTAT	CGTTTAGTAA	TGGAAAGATT
msa185284.2{271_JM9130013}	TTGAACCTGGT	CAAATACCAA	TTCTGGTTAT	CGTTTAGTAA	TGGAAAGATT
msa185284.2{271_A909}	TTGAACCTGGT	CAAATACCAA	TTCTGGTTAT	CGTTTAGTAA	TGGAAAGATT
msa185284.2{271_CJB110}	TTGAACCTGGT	CAAATACCAA	TTCTGGTTAT	CGTTTAGTAA	TGGAAAGATT
msa185284.2{271_18RS21}	TTGAACCTGGT	CAAATACCAA	TTCTGGTTAT	CGTTTAGTAA	TGGAAAGATT
msa185284.2{271_2603}	TTGAACCTGGT	CAAATACCAA	TTCTGGTTAT	CGTTTAGTAA	TGGAAAGATT
msa185284.2{271_M732}	TTGAACCTGGT	CAAATACCAA	TTCTGGTTAT	CGTTTAGTAA	TGGAAAGATT
msa185284.2{271_M781}	TTGAACCTGGT	CAAATACCAA	TTCTGGTTAT	CGTTTAGTAA	TGGAAAGATT
msa185284.2{271_COH1}	TTGAACCTGGT	CAAATACCAA	TTCTGGTTAT	CGTTTAGTAA	TGGAAAGATT
msa185284.2{271_1169NT}	TTGAACCTGGT	CAAATACCAA	TTCTGGTTAT	CGTTTAGTAA	TGGAAAGATT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa185284.2{271_090}	GTTAGGCAAA	GCACCATCTG	AACAGGAGTT	AACAGTAGcT	TTTAAGCCAG
msa185284.2{271_H36B}	GTTAGGCAAA	GCACCATCTG	AACAGGAGTT	AACAGTAGcT	TTTAAGCCAG
msa185284.2{271_JM9130013}	GTTAGGCAAA	GCACCATCTG	AACAGGAGTT	AACAGTAGcT	TTTAAGCCAG
msa185284.2{271_A909}	GTTAGGCAAA	GCACCATCTG	AACAGGAGTT	AACAGTAGcT	TTTAAGCCAG
msa185284.2{271_CJB110}	GTTAGGCAAA	GCACCATCTG	AACAGGAGTT	AACAGTAGcT	TTTAAGCCAG
msa185284.2{271_18RS21}	GTTAGGCAAA	GCACCATCTG	AACAGGAGTT	AACAGTAGgT	TTTAAGCCAG
msa185284.2{271_2603}	GTTAGGCAAA	GCACCATCTG	AACAGGAGTT	AACAGTAGgT	TTTAAGCCAG
msa185284.2{271_M732}	GTTAGGCAAA	GCACCATCTG	AACAGGAGTT	AACAGTAGgT	TTTAAGCCAG
msa185284.2{271_M781}	GTTAGGCAAA	GCACCATCTG	AACAGGAGTT	AACAGTAGgT	TTTAAGCCAG
msa185284.2{271_COH1}	GTTAGGCAAA	GCACCATCTG	AACAGGAGTT	AACAGTAGgT	TTTAAGCCAG
msa185284.2{271_1169NT}	GTTAGGCAAA	GCACCATCTG	AACAGGAGTT	AACAGTAGgT	TTTAAGCCAG
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa185284.2{271_090}	GGGTCAGcTT	TCATTTTAaT	TATCAAGATA	TCATCAATCA	TCCTGATTCT
msa185284.2{271_H36B}	GGGTCAGcTT	TCATTTTAaT	TATCAAGATA	TCATCAATCA	TCCTGATTCT
msa185284.2{271_JM9130013}	GGGTCAGcTT	TCATTTTAaT	TATCAAGATA	TCATCAATCA	TCCTGATTCT
msa185284.2{271_A909}	GGGTCAGcTT	TCATTTTAaT	TATCAAGATA	TCATCAATCA	TCCTGATTCT
msa185284.2{271_CJB110}	GGGTCAGcTT	TCATTTTAaT	TATCAAGATA	TCATCAATCA	TCCTGATTCT
msa185284.2{271_18RS21}	GGGTCAGcTT	TCATTTTAaT	TATCAAGATA	TCATCAATCA	TCCTGATTCT
msa185284.2{271_2603}	GGGTCAGcTT	TCATTTTAaT	TATCAAGATA	TCATCAATCA	TCCTGATTCT
msa185284.2{271_M732}	GGGTCAGcTT	TCATTTTAaT	TATCAAGATA	TCATCAATCA	TCCTGATTCT
msa185284.2{271_M781}	GGGTCAGcTT	TCATTTTAaT	TATCAAGATA	TCATCAATCA	TCCTGATTCT
msa185284.2{271_COH1}	GGGTCAGcTT	TCATTTTAaT	TATCAAGATA	TCATCAATCA	TCCTGATTCT
msa185284.2{271_1169NT}	GGGTCAGcTT	TCATTTTAaT	TATCAAGATA	TCATCAATCA	TCCTGATTCT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa185284.2{271_090}	ATTTTGTATG	GTTATCATCC	TGCTAAAATT	AAAAATCAaC	TTTCTTTAGC
msa185284.2{271_H36B}	ATTTTGTATG	GTTATCATCC	TGCTAAAATT	AAAAATCAaC	TTTCTTTAGC
msa185284.2{271_JM9130013}	ATTTTGTATG	GTTATCATCC	TGCTAAAATT	AAAAATCAaC	TTTCTTTAGC
msa185284.2{271_A909}	ATTTTGTATG	GTTATCATCC	TGCTAAAATT	AAAAATCAaC	TTTCTTTAGC
msa185284.2{271_CJB110}	ATTTTGTATG	GTTATCATCC	TGCTAAAATT	AAAAATCAaC	TTTCTTTAGC
msa185284.2{271_18RS21}	ATTTTGTATG	GTTATCATCC	TGCTAAAATT	AAAAATCAgC	TTTCTTTAGC
msa185284.2{271_2603}	ATTTTGTATG	GTTATCATCC	TGCTAAAATT	AAAAATCAgC	TTTCTTTAGC
msa185284.2{271_M732}	ATTTTGTATG	GTTATCATCC	TGCTAAAATT	AAAAATCAgC	TTTCTTTAGC
msa185284.2{271_M781}	ATTTTGTATG	GTTATCATCC	TGCTAAAATT	AAAAATCAgC	TTTCTTTAGC
msa185284.2{271_COH1}	ATTTTGTATG	GTTATCATCC	TGCTAAAATT	AAAAATCAgC	TTTCTTTAGC
msa185284.2{271_1169NT}	ATTTTGTATG	GTTATCATCC	TGCTAAAATT	AAAAATCAgC	TTTCTTTAGC
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa185284.2{271_090}	AGAACATTTA	GTTGCaTGTG	TTATCCCAAA	ACATTATCAA	GAAGATTATC
msa185284.2{271_H36B}	AGAACATTTA	GTTGCaTGTG	TTATCCCAAA	ACATTATCAA	GAAGATTATC
msa185284.2{271_JM9130013}	AGAACATTTA	GTTGCaTGTG	TTATCCCAAA	ACATTATCAA	GAAGATTATC
msa185284.2{271_A909}	AGAACATTTA	GTTGCaTGTG	TTATCCCAAA	ACATTATCAA	GAAGATTATC
msa185284.2{271_CJB110}	AGAACATTTA	GTTGCaTGTG	TTATCCCAAA	ACATTATCAA	GAAGATTATC
msa185284.2{271_18RS21}	AGAACATTTA	GTTGCaTGTG	TTATCCCAAA	ACATTATCAA	GAAGATTATC
msa185284.2{271_2603}	AGAACATTTA	GTTGCaTGTG	TTATCCCAAA	ACATTATCAA	GAAGATTATC
msa185284.2{271_M732}	AGAACATTTA	GTTGCaTGTG	TTATCCCAAA	ACATTATCAA	GAAGATTATC
msa185284.2{271_M781}	AGAACATTTA	GTTGCaTGTG	TTATCCCAAA	ACATTATCAA	GAAGATTATC
msa185284.2{271_COH1}	AGAACATTTA	GTTGCaTGTG	TTATCCCAAA	ACATTATCAA	GAAGATTATC
msa185284.2{271_1169NT}	AGAACATTTA	GTTGCaTGTG	TTATCCCAAA	ACATTATCAA	GAAGATTATC
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa185284.2{271_090}	AAAgcCTTGT	GCCTAATGAC	TTGAAACACA	GaGTTTATTA	TTTAGATTAC
msa185284.2{271_H36B}	AAAgcCTTGT	GCCTAATGAC	TTGAAACACA	GaGTTTATTA	TTTAGATTAC
msa185284.2{271_JM9130013}	AAAgcCTTGT	GCCTAATGAC	TTGAAACACA	GaGTTTATTA	TTTAGATTAC
msa185284.2{271_A909}	AAAgcCTTGT	GCCTAATGAC	TTGAAACACA	GaGTTTATTA	TTTAGATTAC
msa185284.2{271_CJB110}	AAAgcCTTGT	GCCTAATGAC	TTGAAACACA	GgGTTTATTA	TTTAGATTAC
msa185284.2{271_18RS21}	AAAgcCTTGT	GCCTAATGAC	TTGAAACACA	GgGTTTATTA	TTTAGATTAC
msa185284.2{271_2603}	AAAgcCTTGT	GCCTAATGAC	TTGAAACACA	GgGTTTATTA	TTTAGATTAC
msa185284.2{271_M732}	AAAgcCTTGT	GCCTAATGAC	TTGAAACACA	GgGTTTATTA	TTTAGATTAC
msa185284.2{271_M781}	AAAgcCTTGT	GCCTAATGAC	TTGAAACACA	GgGTTTATTA	TTTAGATTAC
msa185284.2{271_COH1}	AAAgcCTTGT	GCCTAATGAC	TTGAAACACA	GgGTTTATTA	TTTAGATTAC
msa185284.2{271_1169NT}	AAAgcCTTGT	GCCTAATGAC	TTGAAACACA	GgGTTTATTA	TTTAGATTAC
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****

Table 62: Comparative Sequences relating to SAG0690

	751	800
msa185284.2{271_090}	TGTAACGAAA CACTTTATGA GTGGAATCAA AAAGTTTATG ATTTTCTTTG	
msa185284.2{271_H36B}	TGTAACGAAA CACTTTATGA GTGGAATCAA AAAGTTTATG ATTTTCTTTG	
msa185284.2{271_JM9130013}	TGTAACGAAA CACTTTATGA GTGGAATCAA AAAGTTTATG ATTTTCTTTG	
msa185284.2{271_A909}	TGTAACGAAA CACTTTATGA GTGGAATCAA AAAGTTTATG ATTTTCTTTG	
msa185284.2{271_CJB110}	TGTAACGAAA CACTTTATGA GTGGAATCAA AAAGTTTATG ATTTTCTTTG	
msa185284.2{271_18RS21}	TGTAACGAAA CACTTTATGA GTGGAATCAA AAAGTTTATG ATTTTCTTTG	
msa185284.2{271_2603}	TGTAACGAAA CACTTTATGA GTGGAATCAA AAAGTTTATG ATTTTCTTTG	
msa185284.2{271_M732}	TGTAACGAAA CACTTTATGA GTGGAATCAA AAAGTTTATG ATTTTCTTTG	
msa185284.2{271_M781}	TGTAACGAAA CACTTTATGA GTGGAATCAA AAAGTTTATG ATTTTCTTTG	
msa185284.2{271_COH1}	TGTAACGAAA CACTTTATGA GTGGAATCAA AAAGTTTATG ATTTTCTTTG	
msa185284.2{271_1169NT}	TGTAACGAAA CACTTTATGA GTGGAATCAA AAAGTTTATG ATTTTCTTTG	
Consensus	*****	*****
	801	816
msa185284.2{271_090}	tCATTGGAA AATAAA	
msa185284.2{271_H36B}	tCATTGGAA AATAAA	
msa185284.2{271_JM9130013}	tCATTGGAA AATAAA	
msa185284.2{271_A909}	tCATTGGAA AATAAA	
msa185284.2{271_CJB110}	tCATTGGAA AATAAA	
msa185284.2{271_18RS21}	tCATTGGAA AATAAA	
msa185284.2{271_2603}	tCATTGGAA AATAAA	
msa185284.2{271_M732}	nCATTGGAA AATAAA	
msa185284.2{271_M781}	tCATTGGAA AATAAA	
msa185284.2{271_COH1}	gCATTGGAA AATAAA	
msa185284.2{271_1169NT}	tCATTGGAA AATAAA	
Consensus	-----	-----

## SEQ ID NO. 6212

## STRAIN 2603 frame: 1

MILKICRAAYSLQWGGVYQLALLDYPRIKAFELERIGAFIAYEKQYKRKTEIQDDKHL  
 AKIVHFLKYNSTFFPYIPKYREAAATFNEDGISLTSDFLSHTCTIETAKLIFKEGKILSA  
 VKAFNKPAEVLVKDKRNAAGDPKDYFDYVMLNWSNTNSGYRLVMERLLGKAPSEQELTVG  
 FKPGVSFHFYQDI INHPDSIFDGYHPAKIKNQLSLAEHLVACVIPKHYQEDYQSLVPND  
 LKHRVYYLDYCNETLYEWNQKVYDFLCHLENK

## SEQ ID NO. 6213

## STRAIN A909 frame: 1

LLDYPRIKAFELERIGAFIAYEKQYKRKTEIQDDKHLTKIVHFLKYNSTFFPYIPKYR  
 EAAATFNEDGISLTSDFLSHTCTIETAKLIFKEGKILSAVKAFNKPAEVLVNDKRNAAGD  
 PKDYFDYVMLNWSNTNSGYRLVMERLLGKAPSEQELTVAFKPGVSFHFYQDI INHPDSI  
 FDGYHPAKIKNQLSLAEHLVACVIPKHYQEDYQSLVPNDLKHRVYYLDYCNETLYEWNQK  
 VYDFLCHLENK

## SEQ ID NO. 6214

## STRAIN H36B frame: 3

KAFELERIGAFIAYEKQYKRKTEIQDDKHLTKIVHFLKYNSTFFPYIPKYREAAATFN  
 EDGISLTSDFLSHTCTIETAKLIFKEGKILSAVKAFNKPAEVLVNDKRNAAGDPKDYFDY  
 VMLNWSNTNSGYRLVMERLLGKAPSEQELTVAFKPGVSFHFYQDI INHPDSIFDGYHPA  
 KIKNQLSLAEHLVACVIPKHYQEDYQSLVPNDLKHRVYYLDYCNETLYEWNQKVYDFLCH  
 LENK

## SEQ ID NO. 6215

## STRAIN 18RS21 frame: 1

LLDYPRIKAFELERIGAFIAYEKQYKRKTEIQDDKHLAKIVHFLKYNSTFFPYIPKYR  
 EAAATFNEDGISLTSDFLSHTCTIETAKLIFKEGKILSAVKAFNKPAEVLVKDKRNAAGD  
 PKDYFDYVMLNWSNTNSGYRLVMERLLGKAPSEQELTVGFKPGVSFHFYQDI INHPDSI  
 FDGYHPAKIKNQLSLAEHLVACVIPKHYQEDYQSLVPNDLKHRVYYLDYCNETLYEWNQK  
 VYDFLCHLENK

## SEQ ID NO. 6216

## STRAIN M732 frame: 1

LLDYPRIKAFELERIGAFIAYEKQYKRKTEIQDDKHLAKIVHFLKYNSTFFPYIPKYR  
 EAAATFNEDGISLTSDFLSHTCTIETAKLIFKEGKILSAVKAFNKPAEVLVKDKRNAAGD  
 PKDYFDYVMLNWSNTNSGYRLVMERLLGKAPSEQELTVGFKPGVSFHFYQDI INHPDSI  
 FDGYHPAKIKNQLSLAEHLVACVIPKHYQEDYQSLVPNDLKHRVYYLDYCNETLYEWNQK  
 VYDFLCHLENK

## SEQ ID NO. 6217

## STRAIN COH1 frame: 1

LLDYPRIKAFELERIGAFIAYEKQYKRKTEIQDDKHLAKIVHFLKYNSTFFPYIPKYR  
 EAAATFNEDGISLTSDFLSHTCTIETAKLIFKEGKILSAVKAFNKPAEVLVKDKRNAAGD  
 PKDYFDYVMLNWSNTNSGYRLVMERLLGKAPSEQELTVGFKPGVSFHFYQDI INHPDSI  
 FDGYHPAKIKNQLSLAEHLVACVIPKHYQEDYQSLVPNDLKHRVYYLDYCNETLYEWNQK  
 VYDFLCHLENK

## SEQ ID NO. 6218

## STRAIN M781 frame: 1

Table 62: Comparative Sequences relating to SAG0690

LLDYPRIKAFELERIGAFIAYEKQYKRKTEIQCDDKHLLAKIVHFLKYNSTFPYIPKYR  
 RAAATFNEDGISLTSDFLSHTCTIETAKLIFKEGKILSAVKAFNKPAEVLVNDKRNAAGD  
 PKDYFDYVMLNWSNTNSGYRLVMERLLGKAPSEQELTVGFKPGVSFHFTYQDIINHPSI  
 FDGYHPAKIKNQLSLAEHLVACVIPKHYQEDYQSLVPNDLKHRVYLYDCNETLYEWNQK  
 VYDFLCHLENK

SEQ ID NO. 6219

STRAIN CJB110 frame: 1

LLDYPRIKAFELERIGAFIAYEKQYKRKTEIQCDDKHLLAKIVHFLKYNSTFPYIPKYR  
 RAAATFNEDGISLTSDFLSHTCTIETAKLIFKEGKILSAVKAFNKPAEVLVNDKRNAAGD  
 PKDYFDYVMLNWSNTNSGYRLVMERLLGKAPSEQELTVGFKPGVSFHFTYQDIINHPSI  
 FDGYHPAKIKNQLSLAEHLVACVIPKHYQEDYQSLVPNDLKHRVYLYDCNETLYEWNQK  
 VYDFLCHLENK

SEQ ID NO. 6220

STRAIN 1169NT frame: 2

IKAFELERIGAFIAYEKQYKRKTEIQCDDKHLLAKIVHFLKYNSTFPYIPKYR  
 RAAATFNEDGISLTSDFLSHTCTIETAKLIFKEGKILSAVKAFNKPAEVLVNDKRNAAGD  
 PKDYFDYVMLNWSNTNSGYRLVMERLLGKAPSEQELTVGFKPGVSFHFTYQDIINHPSI  
 FDGYHPAKIKNQLSLAEHLVACVIPKHYQEDYQSLVPNDLKHRVYLYDCNETLYEWNQK  
 VYDFLCHLENK

SEQ ID NO. 6221

STRAIN JM9130013 frame: 1

IGAFIAYEKQYKRKTEIQCDDKHLLAKIVHFLKYNSTFPYIPKYR  
 RAAATFNEDGISLTSDFLSHTCTIETAKLIFKEGKILSAVKAFNKPAEVLVNDKRNAAGD  
 PKDYFDYVMLNWSNTNSGYRLVMERLLGKAPSEQELTVGFKPGVSFHFTYQDIINHPSI  
 FDGYHPAKIKNQLSLAEHLVACVIPKHYQEDYQSLVPNDLKHRVYLYDCNETLYEWNQK  
 VYDFLCHLENK

SEQ ID NO. 6222

STRAIN 090 frame: 3

DYPLIKAFELERIGAFIAYEKQYKRKTEIQCDDKHLLAKIVHFLKYNSTFPYIPKYR  
 RAAATFNEDGISLTSDFLSHTCTIETAKLIFKEGKILSAVKAFNKPAEVLVNDKRNAAGD  
 PKDYFDYVMLNWSNTNSGYRLVMERLLGKAPSEQELTVGFKPGVSFHFTYQDIINHPSI  
 FDGYHPAKIKNQLSLAEHLVACVIPKHYQEDYQSLVPNDLKHRVYLYDCNETLYEWNQK  
 VYDFLCHLENK

PRETTY of: /biotmp/msa185358.2{\*} May 13, 2003 07:11 ..

msa185358.2{271_090}	1	-----	-----	---dyplika	felerIGAFI	AYEKQYKRKi	50
msa185358.2{271_JM9130013}		-----	-----	-----	IGAFI	AYEKQYKRKi	
msa185358.2{271_H36B}		-----	-----	-----ka	felerIGAFI	AYEKQYKRKi	
msa185358.2{271_A909}		-----	-----	-LLdyprika	felerIGAFI	AYEKQYKRKi	
msa185358.2{271_CJB110}		-----	-----	-LLdyprika	felerIGAFI	AYEKQYKRKi	
msa185358.2{271_1169NT}		-----	-----	-----ika	felerIGAFI	AYEKQYKRKi	
msa185358.2{271_18RS21}		-----	-----	-LLdyprika	felerIGAFI	AYEKQYKRKi	
msa185358.2{271_2603}	milkcraay	slqwggyvql		aLLdyprika	felerIGAFI	AYEKQYKRKi	
msa185358.2{271_M732}		-----	-----	-LLdyprika	felerIGAFI	AYEKQYKRKi	
msa185358.2{271_M781}		-----	-----	-LLdyprika	felerIGAFI	AYEKQYKRKi	
msa185358.2{271_COH1}		-----	-----	-LLdyprika	felerIGAFI	AYEKQYKRKi	
Consensus	*****	*****	***-----	-----	*****	*****	

  

msa185358.2{271_090}	51						100
msa185358.2{271_JM9130013}	BIQCDDKHLL	tKIVHFLKYN	SFTFPYIPKY	REAAATFNED	GISLTSDFLS		
msa185358.2{271_H36B}	BIQCDDKHLL	tKIVHFLKYN	SFTFPYIPKY	REAAATFNED	GISLTSDFLS		
msa185358.2{271_A909}	BIQCDDKHLL	tKIVHFLKYN	SFTFPYIPKY	REAAATFNED	GISLTSDFLS		
msa185358.2{271_CJB110}	BIQCDDKHLL	tKIVHFLKYN	SFTFPYIPKY	REAAATFNED	GISLTSDFLS		
msa185358.2{271_1169NT}	BIQCDDKHLL	aKIVHFLKYN	SFTFPYIPKY	REAAATFNED	GISLTSDFLS		
msa185358.2{271_18RS21}	BIQCDDKHLL	aKIVHFLKYN	SFTFPYIPKY	REAAATFNED	GISLTSDFLS		
msa185358.2{271_2603}	BIQCDDKHLL	aKIVHFLKYN	SFTFPYIPKY	REAAATFNED	GISLTSDFLS		
msa185358.2{271_M732}	BIQCDDKHLL	aKIVHFLKYN	SFTFPYIPKY	REAAATFNED	GISLTSDFLS		
msa185358.2{271_M781}	BIQCDDKHLL	aKIVHFLKYN	SFTFPYIPKY	REAAATFNED	GISLTSDFLS		
msa185358.2{271_COH1}	BIQCDDKHLL	aKIVHFLKYN	SFTFPYIPKY	REAAATFNED	GISLTSDFLS		
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****		

  

msa185358.2{271_090}	101						150
msa185358.2{271_JM9130013}	HTCTIETAKL	IFKEGKILSA	VKAFNKPAEV	LVnDKRNAAG	DPKDYFDYVM		
msa185358.2{271_H36B}	HTCTIETAKL	IFKEGKILSA	VKAFNKPAEV	LVnDKRNAAG	DPKDYFDYVM		
msa185358.2{271_A909}	HTCTIETAKL	IFKEGKILSA	VKAFNKPAEV	LVnDKRNAAG	DPKDYFDYVM		
msa185358.2{271_CJB110}	HTCTIETAKL	IFKEGKILSA	VKAFNKPAEV	LVnDKRNAAG	DPKDYFDYVM		
msa185358.2{271_1169NT}	HTCTIETAKL	IFKEGKILSA	VKAFNKPAEV	LVnDKRNAAG	DPKDYFDYVM		
msa185358.2{271_18RS21}	HTCTIETAKL	IFKEGKILSA	VKAFNKPAEV	LVnDKRNAAG	DPKDYFDYVM		
msa185358.2{271_2603}	HTCTIETAKL	IFKEGKILSA	VKAFNKPAEV	LVnDKRNAAG	DPKDYFDYVM		
msa185358.2{271_M732}	HTCTIETAKL	IFKEGKILSA	VKAFNKPAEV	LVnDKRNAAG	DPKDYFDYVM		
msa185358.2{271_M781}	HTCTIETAKL	IFKEGKILSA	VKAFNKPAEV	LVnDKRNAAG	DPKDYFDYVM		
msa185358.2{271_COH1}	HTCTIETAKL	IFKEGKILSA	VKAFNKPAEV	LVnDKRNAAG	DPKDYFDYVM		

Table 62: Comparative Sequences relating to SAG0690

Consensus	*****	*****	*****	***-*****	*****
	151				200
msa185358.2{271_090}	LNWSNTNSGY	RLVMERLLGK	APSEQELTVa	FKPGVSFHF <sub>n</sub>	YQDIINH <sub>n</sub> PD <sub>S</sub>
msa185358.2{271_JM9130013}	LNWSNTNSGY	RLVMERLLGK	APSEQELTVa	FKPGVSFHF <sub>n</sub>	YQDIINH <sub>n</sub> PD <sub>S</sub>
msa185358.2{271_H36B}	LNWSNTNSGY	RLVMERLLGK	APSEQELTVa	FKPGVSFHF <sub>n</sub>	YQDIINH <sub>n</sub> PD <sub>S</sub>
msa185358.2{271_A909}	LNWSNTNSGY	RLVMERLLGK	APSEQELTVa	FKPGVSFHF <sub>n</sub>	YQDIINH <sub>n</sub> PD <sub>S</sub>
msa185358.2{271_CJB110}	LNWSNTNSGY	RLVMERLLGK	APSEQELTVa	FKPGVSFHF <sub>n</sub>	YQDIINH <sub>n</sub> PD <sub>S</sub>
msa185358.2{271_1169NT}	LNWSNTNSGY	RLVMERLLGK	APSEQELTVg	FKPGVSFHF <sub>t</sub>	YQDIINH <sub>n</sub> PD <sub>S</sub>
msa185358.2{271_18RS21}	LNWSNTNSGY	RLVMERLLGK	APSEQELTVg	FKPGVSFHF <sub>t</sub>	YQDIINH <sub>n</sub> PD <sub>S</sub>
msa185358.2{271_2603}	LNWSNTNSGY	RLVMERLLGK	APSEQELTVg	FKPGVSFHF <sub>t</sub>	YQDIINH <sub>n</sub> PD <sub>S</sub>
msa185358.2{271_M732}	LNWSNTNSGY	RLVMERLLGK	APSEQELTVg	FKPGVSFHF <sub>t</sub>	YQDIINH <sub>n</sub> PD <sub>S</sub>
msa185358.2{271_M781}	LNWSNTNSGY	RLVMERLLGK	APSEQELTVg	FKPGVSFHF <sub>t</sub>	YQDIINH <sub>n</sub> PD <sub>S</sub>
msa185358.2{271_COH1}	LNWSNTNSGY	RLVMERLLGK	APSEQELTVg	FKPGVSFHF <sub>t</sub>	YQDIINH <sub>n</sub> PD <sub>S</sub>
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
	201				250
msa185358.2{271_090}	IFDGYHPAKI	KNQLSLAEHL	VACVIPKHYQ	EDYQsLVPND	LKHRVYYLDY
msa185358.2{271_JM9130013}	IFDGYHPAKI	KNQLSLAEHL	VACVIPKHYQ	EDYQsLVPND	LKHRVYYLDY
msa185358.2{271_H36B}	IFDGYHPAKI	KNQLSLAEHL	VACVIPKHYQ	EDYQsLVPND	LKHRVYYLDY
msa185358.2{271_A909}	IFDGYHPAKI	KNQLSLAEHL	VACVIPKHYQ	EDYQsLVPND	LKHRVYYLDY
msa185358.2{271_CJB110}	IFDGYHPAKI	KNQLSLAEHL	VACVIPKHYQ	EDYQsLVPND	LKHRVYYLDY
msa185358.2{271_1169NT}	IFDGYHPAKI	KNQLSLAEHL	VACVIPKHYQ	EDYQnLVPND	LKHRVYYLDY
msa185358.2{271_18RS21}	IFDGYHPAKI	KNQLSLAEHL	VACVIPKHYQ	EDYQsLVPND	LKHRVYYLDY
msa185358.2{271_2603}	IFDGYHPAKI	KNQLSLAEHL	VACVIPKHYQ	EDYQsLVPND	LKHRVYYLDY
msa185358.2{271_M732}	IFDGYHPAKI	KNQLSLAEHL	VACVIPKHYQ	EDYQsLVPND	LKHRVYYLDY
msa185358.2{271_M781}	IFDGYHPAKI	KNQLSLAEHL	VACVIPKHYQ	EDYQsLVPND	LKHRVYYLDY
msa185358.2{271_COH1}	IFDGYHPAKI	KNQLSLAEHL	VACVIPKHYQ	EDYQsLVPND	LKHRVYYLDY
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
	251				272
msa185358.2{271_090}	CNETLYEWNQ	KVYDFLcHLE	NK		
msa185358.2{271_JM9130013}	CNETLYEWNQ	KVYDFLcHLE	NK		
msa185358.2{271_H36B}	CNETLYEWNQ	KVYDFLcHLE	NK		
msa185358.2{271_A909}	CNETLYEWNQ	KVYDFLcHLE	NK		
msa185358.2{271_CJB110}	CNETLYEWNQ	KVYDFLcHLE	NK		
msa185358.2{271_1169NT}	CNETLYEWNQ	KVYDFLcHLE	NK		
msa185358.2{271_18RS21}	CNETLYEWNQ	KVYDFLcHLE	NK		
msa185358.2{271_2603}	CNETLYEWNQ	KVYDFLcHLE	NK		
msa185358.2{271_M732}	CNETLYEWNQ	KVYDFLcHLE	NK		
msa185358.2{271_M781}	CNETLYEWNQ	KVYDFLcHLE	NK		
msa185358.2{271_COH1}	CNETLYEWNQ	KVYDFLwHLE	NK		
Consensus	*****	*****	*****		

Table 63: Comparative Sequences relating to SAG1912

## SEQ ID NO. 6301

## STRAIN 2603

ATGAAAAGTCGAAAAAAGATAAATTGGTATTGAGGTTAACAACAACACTATTGGTTTTT  
GGTTTGGGTGGGGTTTGGTTTATAATTATAAAATGATAATGTCGAACCGACAGTCACT  
AGTGCATCGGATCAAACGACGACTTTTATTCAAACGATTTCTCCAACAGCTATTGAAATT  
TCTAAGACCTATGATTGTATGCGTCAGTCTTATTAGCACAGCTATTTTGGAAATCATCC  
AGTGACAAATCAGATTGTCTAAGGCTCCTAATTATAACCTCTTTGGCATCAAAGGAGAA  
TATAAAGGTAAATCTGTCCAAATGCCTACTTTAGAAGATGATGGGAAAGCAATATGACT  
CAAATCCAAGCTCCTTTTCGCGCCTATCCAATTATTCTGCTTCACTATATGATTATGCT  
GAGTTAGTATCTAGTCAAAGATGTCATCTGTTTGGAAATCAAATACCTCTTCTATAAG  
GATGCTACTGACGCTCTAACAGGTCTTTATGCGACAGATACTGCTTATGCTAGTAAATTA  
AACCAATTATTGAAACCTACAGTCTAGATGCTTATGATAAA

## SEQ ID NO. 6302

## STRAIN 090

GGGGTTTGGTTTTTATAATTATAA  
AAATGATAATGTCGAACCGACAGTCACTAGTGCATCGGATCAAACGACGA  
CTTTTATTCAAACGATTTCTCCAACAGCTATTGAAATTTCTAAGACCTAT  
GATTTGTATGCGTCAGTCTTATTAGCACAGCTATTTTGGAAATCATCCAG  
TGGACAATCAGATTGTCTAAGGCTCCTAATTATAACCTCTTTGGCATCA  
AAGGAGAATATAAAGGTAAATCTGTCCAAATGCCTACTTTAGAAGATGAT  
GGGAAAGGCAATATGACTCAAATCCAAGCTCCTTTTCGCGCCTATCCAA  
TTATTCGCTTCACTATATGATTATGCTGAGTTAGTATCTAGTCAAAGT  
ATGCATCTGTTTGGAAATCAAATACCTCTTCTATAAGGATGCTACTGCA  
GCTCTAACAGGTCTTATGCGACAGATACTGCTTATGCTAGTAAATTAA  
CCAAATTATTGAAACCTACAGTCTAGATGCTTATGATAAA

## SEQ ID NO. 6303

## STRAIN A909

GGGGTTTGGTTTTTATAATTATAA  
AAATGATAATGTCGAACCGACAGTCACTAGTGCATCGGATCAAACGACGA  
CTTTTATTCAAACGATTTCTCCAACAGCTATTGAAATTTCTAAGACCTAT  
GATTTGTATGCGTCAGTCTTATTAGCACAGCTATTTTGGAAATCATCCAG  
TGGACAATCAGATTGTCTAAGGCTCCTAATTATAACCTCTTTGGCATCA  
AAGGAGAATATAAAGGTAAATCTGTCCAAATGCCTACTTTAGAAGATGAT  
GGGAAAGGCAATATGACTCAAATCCAAGCTCCTTTTCGCGCCTATCCAA  
TTATTCGCTTCACTATATGATTATGCTGAGTTAGTATCTAGTCAAAGT  
ATGCATCTGCTTGGAAATCAAATACCTCTTCTATAAGGATGCTACTGCA  
GCTCTAACAGGTCTTATGCGACAGATACTGCTTATGCTAGTAAATTAA  
CCAAATTATTGAAACCTACAGTCTAGATGCTTATGATAAA

## SEQ ID NO. 6304

## STRAIN H36B

GGGGTTTGGTTTTTATAATTATAAAATGATA  
ATGTCGAACCGACAGTCACTAGTGCATCGGATCAAACGACGACTTTTATT  
CAAACGATTTCTCCAACAGCTATTGAAATTTCTAAGACCTATGATTGTGA  
TGGTCAGTCTTATTAGCACAGCTATTTTGGAAATCATCCAGTGGACAAT  
CAGATTGTCTAAGGCTCCTAATTATAACCTCTTTGGCATCAAAGGAGAA  
TATAAAGGTAAATCTGTCCAAATGCCTACTTTAGAAGATGATGGGAAAGG  
CAATATGACTCAAATCCAAGCTCCTTTTCGCGCCTATCCAATTATTCTG  
CTTCACTATATGATTATGCTGAGTTAGTATCTAGTCAAAGTATGCTATCT  
GCTTGGAAATCAAATACCTCTTCTTATAAGGATGCTACTGACGCTCTAAC  
AGGTCTTTATGCGACAGATACTGCTTATGCTAGTAAATTAAACCAATTAT  
TTGAAACCTACAGTCTAGATGCTTATGATAAA

## SEQ ID NO. 6305

## STRAIN 18RS21

GGGGTTTGGTTTTTATAATTATAAAATGATAATG  
TCGAACCGACAGTCACTAGTGCATCGGATCAAACGACGACTTTTATTCAA  
ACGATTTCTCCAACAGCTATTGAAATTTCTAAGACCTATGATTGTATGC  
GTCAGTCTTATTAGCACAGCTATTTTGGAAATCATCCAGTGGACAATCAG  
ATTTGTCTAAGGCTCCTAATTATAACCTCTTTGGCATCAAAGGAGAATAT  
AAAGGTAAATCTGTCCAAATGCCTACTTTAGAAGATGATGGGAAAGGCAA  
TATGACTCAAATCCAAGCTCCTTTTCGCGCCTATCCAATTATTCTGCTT  
CACTATATGATTATGCTGAGTTAGTATCTAGTCAAAGTATGCTATCTGTT  
TGGAAATCAAATACCTCTTCTTATAAGGATGCTACTGACGCTCTAACAGG  
TCTTTATGCGACAGATACTGCTTATGCTAGTAAATTAAACCAATTATTG  
AAACCTACAGTCTAGATGCTTATGATAAA

## SEQ ID NO. 6306

## STRAIN M732

GGGGTTTGGTTTTTATAATTATAA  
AAATGATAATGTCGAACCGACAGTCACTAGTGCATCGGATCAAACGACGA  
CTTTTATTCAAACGATTTCTCCAACAGCTATTGAAATTTCTAAGACCTAT  
GATTTGTATGCGTCAGTCTTATTAGCACAGCTATTTTGGAAATCATCCAG  
TGGACAATCAGATTGTCTAAGGCTCCTAATTATAACCTCTTTGGCATCA  
AAGGAGAATATAAAGGTAAATCTGTCCAAATGCCTACTTTAGAAGATGAT  
GGGAAAGGCAATATGACTCAAATCCAAGCTCCTTTTCGCGCCTATCCAA  
TTATTCGCTTCACTATATGATTATGCTGAGTTAGTATCTAGTCAAAGT  
ATGCATCTGTTTGGAAATCAAATACCTCTTCTTATAAGGATGCTACTGCA  
GCTCTAACAGGTCTTATGCGACAGATACTGCTTATGCTAGTAAATTAA  
CCAAATTATTGAAACCTACAGTCTAGATGCTTATGATAAA



Table 63: Comparative Sequences relating to SAG1912

## SEQ ID NO. 6307

## STRAIN COH1

GGGGTTTGGTTTTATAATTATAA  
 AAATGATAATGTCGAACCGACAGTCACTAGTGCATCGGATCAAACGACGA  
 CTTTATTCAAACGATTCTCCACAGCTATTGAAATTTCTAAGACCTAT  
 GATTGTATGCGTCAGTCTTATTAGCACAGCTATTTTGGAAATCATCCAG  
 TGGACAATCAGATTTGTCTAAGGCTCCTAATTATAACCTCTTTGGCATCA  
 AAGGAGAATATAAAGGTAAATCTGTCCAAATGCCTACTTTAGAAGATGAT  
 GGGAAAGGCAATATGACTCAAATCCAAGCTCCTTTTCGCGCCTATCCAAA  
 TTATTCTGCTTCACTATATGATTATGCTGAGTTAGTATCTAGTCAAAGT  
 ATGCACTCTGTTTGGAAATCAAATACCTCTCTTATAAGGATGCTACTGCA  
 GCTCTAACAGGCTTTTATGCGACAGATACTGCTTATGCTAGTAAATTA  
 CCAAATTATGAAACCTACAGTCTAGATGCTTATGATAAA

## SEQ ID NO. 6308

## STRAIN M781

GGGGTTTGGTTTTATAATTATAAAAAATGA  
 TAATGTGGAACCGACAGTCACTAGTGCATCGGATCAAACGACGACTTTTA  
 TTCAAACGATTTCTCCACAGCTATTGAAATTTCTAAGACCTATGATTGT  
 TATGCGTTCAGTCTTATTAGCACAGCTATTTTGGAAATCATCCAGTGGACA  
 ATCAGATTTGTCTAAGGCTCCTAATTATAACCTCTTTGGCATCAAAGGAG  
 AATATAAAGGTAAATCTGTCCAAATGCCTACTTTAGAAGATGATGGGAAA  
 GGCAATATGACTCAAATCCAAGCTCCTTTTCGCGCCTATCCAAATTATTC  
 TGCTTCACTATATGATTATGCTGAGTTAGTATCTAGTCAAAGTATGCTAT  
 CTGTTTGGAAATCAAATACCTCTCTTATAAGGATGCTACTGCGAGCTCTA  
 ACAGGCTTTTATGCGACAGATACTGCTTATGCTAGTAAATTAACCAAAT  
 TATTGAACCTACAGTCTAGATGCTTATGATAAA

## SEQ ID NO. 6309

## STRAIN CJB110

GGGGTTTGGTTTTATAATTATAAAAAATGATAATGT  
 CGAACCGACAGTCACTAGTGCATCGGATCAAACGACGACTTTTATTCAA  
 CGATTTCTCCACAGCTATTGAAATTTCTAAGACCTATGATTGTATGCG  
 TCAGTCTTATTAGCACAGCTATTTTGGAAATCATCCAGTGGACAATCAGA  
 TTTGTCTAAGGCTCCTAATTATAACCTCTTTGGCATCAAAGGAGAATATA  
 AAGGTAATCTGTCCAAATGCCTACTTTAGAAGATGATGGGAAAGGCAAT  
 ATGACTCAAATCCAAGCTCCTTTTCGCGCCTATCCAAATTATTCTGCTTC  
 ACTATATGATTATGCTGAGTTAGTATCTAGTCAAAGTATGCTATGTTT  
 GGAAATCAAATACCTCTCTTATAAGGATGCTACTGCGAGCTTAACAGGT  
 CTTTATGCGACAGATACTGCTTATGCTAGTAAATTAACCAAATTATTGA  
 AACCTACAGTCTAGATGCTTATGATAAA

## SEQ ID NO. 6310

## STRAIN 1169NT

GGGGTTTGGTTTTATAATTATAAAAAATGATAATGT  
 CGAACGACAGTCACTAGTGCATCGGATCAAACGACGACTTTTATTCAA  
 CGATTTCCCAACAGCTATTGAAATTTCTAAGACCTATGATTGTATGCG  
 TCAGTCTTATTAGCACAGCTATTTTGGAAATCATCCAGTGGACAATCAGA  
 TTTGTCTAAGGCTCCTAATTATAACCTCTTTGGCATCAAAGGAGAATATA  
 AAGGTAATCTGTCCAAATGCCTACTTTAGAAGATGATGGGAAAGGCAAT  
 ATGACTCAAATCCAAGCTCCTTTTCGCGCCTATCCAAATTATTCTGCTTC  
 ACTATATGATTATGCTGAGTTAGTATCTAGTCAAAGTATGCTATGTTT  
 GGAAATCAAATACCTCTCTTATAAGGATGCTACTGCGAGCTTAACAGGT  
 CTTTATGCGACAGATACTGCTTATGCTAGTAAATTAACCAAATTATTGA  
 AACCTACAGTCTAGATGCTTATGATAAA

## SEQ ID NO. 6311

## STRAIN JM9130013

TTTGGTTTTATAATTATAAAAAATGATAATGTGGAACCGACAGTCACTAGT  
 GCATCGGATCAAACGACGACTTTTATTCAAACGATTTCCCAACAGCTAT  
 TGAATTTCTAAGACCTATGATTGTATGCGTCAGTCTTATTAGCACAG  
 CTATTTTGGAAATCATCCAGTGGACAATCAGATTTGTCTAAGGCTCCTAAT  
 TATAACCTCTTTGGCATCAAAGGAGAATATAAAGGTAAATCTGTTCAAT  
 GCCTACTTTAGAAGATGATGGGAAAGGTAATGACCCAAATCCAAGCTC  
 CTTTTCGCGCCTATCCAAATTATTCTGCTTCACTATATGATTATGCTGAG  
 TTAGTATCTAGTCAAAGTATGCTATGTTTGGAAATCAAATACCTCTTC  
 TTATAAGGATGCTACTGCGAGCTTAACAGGCTTTTATGCGACAGATACTG  
 CTTATGCTAGTAAATTAACCAAATTATTGAAACTACAGTCTAGATGCT  
 TATGATAAA

PRETTY of: /biotmp/msa243324.2{\*} February 11, 2003 05:11 ..

	1	50
msa243324.2{275_A909}	-----	-----
msa243324.2{275_H36B}	-----	-----
msa243324.2{275_090}	-----	-----
msa243324.2{275_18R21}	-----	-----
msa243324.2{275_2603}	atgaaaagtc	gaaaaaaaga taaattggta ttgaggttaa caacaacact
msa243324.2{275_CJB110}	-----	-----
msa243324.2{275_COH1}	-----	-----
msa243324.2{275_M732}	-----	-----

Table 63: Comparative Sequences relating to SAG1912

msa243324.2{275_M781}	-----	-----	-----	-----	-----
msa243324.2{275_1169NT}	-----	-----	-----	-----	-----
msa243324.2{275_JM9130013}	-----	-----	-----	-----	-----
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
51					
msa243324.2{275_A909}	-----	-----g	gggTTTGGTT	TTATAATTAT	AAAAATGATA
msa243324.2{275_H36B}	-----	-----g	gggTTTGGTT	TTATAATTAT	AAAAATGATA
msa243324.2{275_090}	-----	-----g	gggTTTGGTT	TTATAATTAT	AAAAATGATA
msa243324.2{275_18RS21}	-----	-----g	gggTTTGGTT	TTATAATTAT	AAAAATGATA
msa243324.2{275_2603}	attgggttttt	gggtttgggtg	gggTTTGGTT	TTATAATTAT	AAAAATGATA
msa243324.2{275_CJB110}	-----	-----g	gggTTTGGTT	TTATAATTAT	AAAAATGATA
msa243324.2{275_COH1}	-----	-----g	gggTTTGGTT	TTATAATTAT	AAAAATGATA
msa243324.2{275_M732}	-----	-----g	gggTTTGGTT	TTATAATTAT	AAAAATGATA
msa243324.2{275_M781}	-----	-----g	gggTTTGGTT	TTATAATTAT	AAAAATGATA
msa243324.2{275_1169NT}	-----	-----g	gggTTTGGTT	TTATAATTAT	AAAAATGATA
msa243324.2{275_JM9130013}	-----	-----	TTTGGTT	TTATAATTAT	AAAAATGATA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
101					
msa243324.2{275_A909}	ATGTCGAACc	GACAGTCACT	AGTGCATCGG	ATCAAACGAC	GACTTTTATT
msa243324.2{275_H36B}	ATGTCGAACc	GACAGTCACT	AGTGCATCGG	ATCAAACGAC	GACTTTTATT
msa243324.2{275_090}	ATGTCGAACc	GACAGTCACT	AGTGCATCGG	ATCAAACGAC	GACTTTTATT
msa243324.2{275_18RS21}	ATGTCGAACc	GACAGTCACT	AGTGCATCGG	ATCAAACGAC	GACTTTTATT
msa243324.2{275_2603}	ATGTCGAACc	GACAGTCACT	AGTGCATCGG	ATCAAACGAC	GACTTTTATT
msa243324.2{275_CJB110}	ATGTCGAACc	GACAGTCACT	AGTGCATCGG	ATCAAACGAC	GACTTTTATT
msa243324.2{275_COH1}	ATGTCGAACc	GACAGTCACT	AGTGCATCGG	ATCAAACGAC	GACTTTTATT
msa243324.2{275_M732}	ATGTCGAACc	GACAGTCACT	AGTGCATCGG	ATCAAACGAC	GACTTTTATT
msa243324.2{275_M781}	ATGTCGAACc	GACAGTCACT	AGTGCATCGG	ATCAAACGAC	GACTTTTATT
msa243324.2{275_1169NT}	ATGTCGAACa	GACAGTCACT	AGTGCATCGG	ATCAAACGAC	GACTTTTATT
msa243324.2{275_JM9130013}	ATGTCGAACc	GACAGTCACT	AGTGCATCGG	ATCAAACGAC	GACTTTTATT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
151					
msa243324.2{275_A909}	CAAACGATTT	CtCCAACAGC	TATTGAAATT	TCTAAGACCT	ATGATTTGTA
msa243324.2{275_H36B}	CAAACGATTT	CtCCAACAGC	TATTGAAATT	TCTAAGACCT	ATGATTTGTA
msa243324.2{275_090}	CAAACGATTT	CtCCAACAGC	TATTGAAATT	TCTAAGACCT	ATGATTTGTA
msa243324.2{275_18RS21}	CAAACGATTT	CtCCAACAGC	TATTGAAATT	TCTAAGACCT	ATGATTTGTA
msa243324.2{275_2603}	CAAACGATTT	CtCCAACAGC	TATTGAAATT	TCTAAGACCT	ATGATTTGTA
msa243324.2{275_CJB110}	CAAACGATTT	CtCCAACAGC	TATTGAAATT	TCTAAGACCT	ATGATTTGTA
msa243324.2{275_COH1}	CAAACGATTT	CtCCAACAGC	TATTGAAATT	TCTAAGACCT	ATGATTTGTA
msa243324.2{275_M732}	CAAACGATTT	CtCCAACAGC	TATTGAAATT	TCTAAGACCT	ATGATTTGTA
msa243324.2{275_M781}	CAAACGATTT	CtCCAACAGC	TATTGAAATT	TCTAAGACCT	ATGATTTGTA
msa243324.2{275_1169NT}	CAAACGATTT	CtCCAACAGC	TATTGAAATT	TCTAAGACCT	ATGATTTGTA
msa243324.2{275_JM9130013}	CAAACGATTT	CtCCAACAGC	TATTGAAATT	TCTAAGACCT	ATGATTTGTA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
201					
msa243324.2{275_A909}	TGCGTCAGTC	TTATTAGCAC	AAGCTATTTT	GGAATCATCC	AGTGGACAAT
msa243324.2{275_H36B}	TGCGTCAGTC	TTATTAGCAC	AAGCTATTTT	GGAATCATCC	AGTGGACAAT
msa243324.2{275_090}	TGCGTCAGTC	TTATTAGCAC	AAGCTATTTT	GGAATCATCC	AGTGGACAAT
msa243324.2{275_18RS21}	TGCGTCAGTC	TTATTAGCAC	AAGCTATTTT	GGAATCATCC	AGTGGACAAT
msa243324.2{275_2603}	TGCGTCAGTC	TTATTAGCAC	AAGCTATTTT	GGAATCATCC	AGTGGACAAT
msa243324.2{275_CJB110}	TGCGTCAGTC	TTATTAGCAC	AAGCTATTTT	GGAATCATCC	AGTGGACAAT
msa243324.2{275_COH1}	TGCGTCAGTC	TTATTAGCAC	AAGCTATTTT	GGAATCATCC	AGTGGACAAT
msa243324.2{275_M732}	TGCGTCAGTC	TTATTAGCAC	AAGCTATTTT	GGAATCATCC	AGTGGACAAT
msa243324.2{275_M781}	TGCGTCAGTC	TTATTAGCAC	AAGCTATTTT	GGAATCATCC	AGTGGACAAT
msa243324.2{275_1169NT}	TGCGTCAGTC	TTATTAGCAC	AAGCTATTTT	GGAATCATCC	AGTGGACAAT
msa243324.2{275_JM9130013}	TGCGTCAGTC	TTATTAGCAC	AAGCTATTTT	GGAATCATCC	AGTGGACAAT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
251					
msa243324.2{275_A909}	CAGATTTGTC	TAAGGCTCCT	AATTATAACC	TCITTGGCAT	CAAAGGAGAA
msa243324.2{275_H36B}	CAGATTTGTC	TAAGGCTCCT	AATTATAACC	TCITTGGCAT	CAAAGGAGAA
msa243324.2{275_090}	CAGATTTGTC	TAAGGCTCCT	AATTATAACC	TCITTGGCAT	CAAAGGAGAA
msa243324.2{275_18RS21}	CAGATTTGTC	TAAGGCTCCT	AATTATAACC	TCITTGGCAT	CAAAGGAGAA
msa243324.2{275_2603}	CAGATTTGTC	TAAGGCTCCT	AATTATAACC	TCITTGGCAT	CAAAGGAGAA
msa243324.2{275_CJB110}	CAGATTTGTC	TAAGGCTCCT	AATTATAACC	TCITTGGCAT	CAAAGGAGAA
msa243324.2{275_COH1}	CAGATTTGTC	TAAGGCTCCT	AATTATAACC	TCITTGGCAT	CAAAGGAGAA
msa243324.2{275_M732}	CAGATTTGTC	TAAGGCTCCT	AATTATAACC	TCITTGGCAT	CAAAGGAGAA
msa243324.2{275_M781}	CAGATTTGTC	TAAGGCTCCT	AATTATAACC	TCITTGGCAT	CAAAGGAGAA
msa243324.2{275_1169NT}	CAGATTTGTC	TAAGGCTCCT	AATTATAACC	TCITTGGCAT	CAAAGGAGAA
msa243324.2{275_JM9130013}	CAGATTTGTC	TAAGGCTCCT	AATTATAACC	TCITTGGCAT	CAAAGGAGAA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
301					
msa243324.2{275_A909}	TATAAAGGTA	AATCTGTcCA	AATGCCTACT	TTAGAAGATG	ATGGGAAAGG
msa243324.2{275_H36B}	TATAAAGGTA	AATCTGTcCA	AATGCCTACT	TTAGAAGATG	ATGGGAAAGG
msa243324.2{275_090}	TATAAAGGTA	AATCTGTcCA	AATGCCTACT	TTAGAAGATG	ATGGGAAAGG
msa243324.2{275_18RS21}	TATAAAGGTA	AATCTGTcCA	AATGCCTACT	TTAGAAGATG	ATGGGAAAGG
msa243324.2{275_2603}	TATAAAGGTA	AATCTGTcCA	AATGCCTACT	TTAGAAGATG	ATGGGAAAGG
msa243324.2{275_CJB110}	TATAAAGGTA	AATCTGTcCA	AATGCCTACT	TTAGAAGATG	ATGGGAAAGG
msa243324.2{275_COH1}	TATAAAGGTA	AATCTGTcCA	AATGCCTACT	TTAGAAGATG	ATGGGAAAGG

Table 63: Comparative Sequences relating to SAG1912

msa243324.2{275_M732}	TATAAAGGTA	AATCTGTcCA	AATGCCTACT	TTAGAAGATG	ATGGGAAAGG	
msa243324.2{275_M781}	TATAAAGGTA	AATCTGTcCA	AATGCCTACT	TTAGAAGATG	ATGGGAAAGG	
msa243324.2{275_1169NT}	TATAAAGGTA	AATCTGTcCA	AATGCCTACT	TTAGAAGATG	ATGGGAAAGG	
msa243324.2{275_JM9130013}	TATAAAGGTA	AATCTGTcCA	AATGCCTACT	TTAGAAGATG	ATGGGAAAGG	
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****	
351						400
msa243324.2{275_A909}	caATATGAcT	CAAATCCAAG	CTCCTTTTCG	CGCCTATCCA	AATTATTCTG	
msa243324.2{275_H36B}	caATATGAcT	CAAATCCAAG	CTCCTTTTCG	CGCCTATCCA	AATTATTCTG	
msa243324.2{275_090}	caATATGAcT	CAAATCCAAG	CTCCTTTTCG	CGCCTATCCA	AATTATTCTG	
msa243324.2{275_18RS21}	caATATGAcT	CAAATCCAAG	CTCCTTTTCG	CGCCTATCCA	AATTATTCTG	
msa243324.2{275_2603}	caATATGAcT	CAAATCCAAG	CTCCTTTTCG	CGCCTATCCA	AATTATTCTG	
msa243324.2{275_CJB110}	caATATGAcT	CAAATCCAAG	CTCCTTTTCG	CGCCTATCCA	AATTATTCTG	
msa243324.2{275_COH1}	caATATGAcT	CAAATCCAAG	CTCCTTTTCG	CGCCTATCCA	AATTATTCTG	
msa243324.2{275_M732}	caATATGAcT	CAAATCCAAG	CTCCTTTTCG	CGCCTATCCA	AATTATTCTG	
msa243324.2{275_M781}	caATATGAcT	CAAATCCAAG	CTCCTTTTCG	CGCCTATCCA	AATTATTCTG	
msa243324.2{275_1169NT}	caATATGAcT	CAAATCCAAG	CTCCTTTTCG	CGCCTATCCA	AATTATTCTG	
msa243324.2{275_JM9130013}	caATATGAcT	CAAATCCAAG	CTCCTTTTCG	CGCCTATCCA	AATTATTCTG	
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****	
401						450
msa243324.2{275_A909}	CTTCACTATA	TGATTATGCT	GAGTTAGTAT	CTAGTCAAAA	GTATGCATCT	
msa243324.2{275_H36B}	CTTCACTATA	TGATTATGCT	GAGTTAGTAT	CTAGTCAAAA	GTATGCATCT	
msa243324.2{275_090}	CTTCACTATA	TGATTATGCT	GAGTTAGTAT	CTAGTCAAAA	GTATGCATCT	
msa243324.2{275_18RS21}	CTTCACTATA	TGATTATGCT	GAGTTAGTAT	CTAGTCAAAA	GTATGCATCT	
msa243324.2{275_2603}	CTTCACTATA	TGATTATGCT	GAGTTAGTAT	CTAGTCAAAA	GTATGCATCT	
msa243324.2{275_CJB110}	CTTCACTATA	TGATTATGCT	GAGTTAGTAT	CTAGTCAAAA	GTATGCATCT	
msa243324.2{275_COH1}	CTTCACTATA	TGATTATGCT	GAGTTAGTAT	CTAGTCAAAA	GTATGCATCT	
msa243324.2{275_M732}	CTTCACTATA	TGATTATGCT	GAGTTAGTAT	CTAGTCAAAA	GTATGCATCT	
msa243324.2{275_M781}	CTTCACTATA	TGATTATGCT	GAGTTAGTAT	CTAGTCAAAA	GTATGCATCT	
msa243324.2{275_1169NT}	CTTCACTATA	TGATTATGCT	GAGTTAGTAT	CTAGTCAAAA	GTATGCATCT	
msa243324.2{275_JM9130013}	CTTCACTATA	TGATTATGCT	GAGTTAGTAT	CTAGTCAAAA	GTATGCATCT	
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****	
451						500
msa243324.2{275_A909}	GcTTGGAAAT	CAAATAcTc	TTCTTATAAG	GATGCTACTG	CAGCTCTAAC	
msa243324.2{275_H36B}	GcTTGGAAAT	CAAATAcTc	TTCTTATAAG	GATGCTACTG	CAGCTCTAAC	
msa243324.2{275_090}	GcTTGGAAAT	CAAATAcTc	TTCTTATAAG	GATGCTACTG	CAGCTCTAAC	
msa243324.2{275_18RS21}	GcTTGGAAAT	CAAATAcTc	TTCTTATAAG	GATGCTACTG	CAGCTCTAAC	
msa243324.2{275_2603}	GcTTGGAAAT	CAAATAcTc	TTCTTATAAG	GATGCTACTG	CAGCTCTAAC	
msa243324.2{275_CJB110}	GcTTGGAAAT	CAAATAcTc	TTCTTATAAG	GATGCTACTG	CAGCTCTAAC	
msa243324.2{275_COH1}	GcTTGGAAAT	CAAATAcTc	TTCTTATAAG	GATGCTACTG	CAGCTCTAAC	
msa243324.2{275_M732}	GcTTGGAAAT	CAAATAcTc	TTCTTATAAG	GATGCTACTG	CAGCTCTAAC	
msa243324.2{275_M781}	GcTTGGAAAT	CAAATAcTc	TTCTTATAAG	GATGCTACTG	CAGCTCTAAC	
msa243324.2{275_1169NT}	GcTTGGAAAT	CAAATAcTc	TTCTTATAAG	GATGCTACTG	CAGCTCTAAC	
msa243324.2{275_JM9130013}	GcTTGGAAAT	CAAATAcTc	TTCTTATAAG	GATGCTACTG	CAGCTCTAAC	
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****	
501						550
msa243324.2{275_A909}	AGGTCITTAT	GCGACAGATA	CTGCTTATGC	TAGTAAATTA	AACCAAATTA	
msa243324.2{275_H36B}	AGGTCITTAT	GCGACAGATA	CTGCTTATGC	TAGTAAATTA	AACCAAATTA	
msa243324.2{275_090}	AGGTCITTAT	GCGACAGATA	CTGCTTATGC	TAGTAAATTA	AACCAAATTA	
msa243324.2{275_18RS21}	AGGTCITTAT	GCGACAGATA	CTGCTTATGC	TAGTAAATTA	AACCAAATTA	
msa243324.2{275_2603}	AGGTCITTAT	GCGACAGATA	CTGCTTATGC	TAGTAAATTA	AACCAAATTA	
msa243324.2{275_CJB110}	AGGTCITTAT	GCGACAGATA	CTGCTTATGC	TAGTAAATTA	AACCAAATTA	
msa243324.2{275_COH1}	AGGTCITTAT	GCGACAGATA	CTGCTTATGC	TAGTAAATTA	AACCAAATTA	
msa243324.2{275_M732}	AGGTCITTAT	GCGACAGATA	CTGCTTATGC	TAGTAAATTA	AACCAAATTA	
msa243324.2{275_M781}	AGGTCITTAT	GCGACAGATA	CTGCTTATGC	TAGTAAATTA	AACCAAATTA	
msa243324.2{275_1169NT}	AGGTCITTAT	GCGACAGATA	CTGCTTATGC	TAGTAAATTA	AACCAAATTA	
msa243324.2{275_JM9130013}	AGGTCITTAT	GCGACAGATA	CTGCTTATGC	TAGTAAATTA	AACCAAATTA	
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****	
551						582
msa243324.2{275_A909}	TTGAAAcCTA	CAGTCTAGAT	GCTTATGATA	AA		
msa243324.2{275_H36B}	TTGAAAcCTA	CAGTCTAGAT	GCTTATGATA	AA		
msa243324.2{275_090}	TTGAAAcCTA	CAGTCTAGAT	GCTTATGATA	AA		
msa243324.2{275_18RS21}	TTGAAAcCTA	CAGTCTAGAT	GCTTATGATA	AA		
msa243324.2{275_2603}	TTGAAAcCTA	CAGTCTAGAT	GCTTATGATA	AA		
msa243324.2{275_CJB110}	TTGAAAcCTA	CAGTCTAGAT	GCTTATGATA	AA		
msa243324.2{275_COH1}	TTGAAAcCTA	CAGTCTAGAT	GCTTATGATA	AA		
msa243324.2{275_M732}	TTGAAAcCTA	CAGTCTAGAT	GCTTATGATA	AA		
msa243324.2{275_M781}	TTGAAAcCTA	CAGTCTAGAT	GCTTATGATA	AA		
msa243324.2{275_1169NT}	TTGAAAcCTA	CAGTCTAGAT	GCTTATGATA	AA		
msa243324.2{275_JM9130013}	TTGAAAcCTA	CAGTCTAGAT	GCTTATGATA	AA		
Consensus	*****	*****	*****	*****		

SEQ ID NO. 6312

STRAIN 2603 frame: 1

MKSRKDKLVRLTTLTVLFGVGWVFNKYKNDNVEPTVTSASDQTTTFIQTSIPTAIEI  
 SKTYDLYASVLLAQAILLESSSGQSDLSKAPNYNLFQIKGEYKGSVQMPLEDDGKGNMT  
 QIQAPFRAPYNSASLYDYAELVSSQKYASVWKSNTSSYKDATAALTGLYATDTAYASKL  
 NQIITYSLDAYDK

Table 63: Comparative Sequences relating to SAG1912

SEQ ID NO. 6313  
STRAIN 090 frame: 1  
GVWFFNYKNDNVEPTVTSASDQTTTFTIQTISPTAIEISKTYDLYASVLLAQAILSSSGQ  
SDLSKAPNYNLFQIKGEYKGSVQMPTLEDDGKGNMTQIQAPFRAYPNYSASLYDYAELV  
SSQKYASVWKSNTSSYKDATAALTGLYATDTAYASKLNQIIETYSLDAYDK

SEQ ID NO. 6314  
STRAIN A909 frame: 1  
GVWFFNYKNDNVEPTVTSASDQTTTFTIQTISPTAIEISKTYDLYASVLLAQAILSSSGQ  
SDLSKAPNYNLFQIKGEYKGSVQMPTLEDDGKGNMTQIQAPFRAYPNYSASLYDYAELV  
SSQKYASVWKSNTSSYKDATAALTGLYATDTAYASKLNQIIETYSLDAYDK

SEQ ID NO. 6315  
STRAIN H36B frame: 1  
GVWFFNYKNDNVEPTVTSASDQTTTFTIQTISPTAIEISKTYDLYASVLLAQAILSSSGQ  
SDLSKAPNYNLFQIKGEYKGSVQMPTLEDDGKGNMTQIQAPFRAYPNYSASLYDYAELV  
SSQKYASVWKSNTSSYKDATAALTGLYATDTAYASKLNQIIETYSLDAYDK

SEQ ID NO. 6316  
STRAIN 18RS21 frame: 1  
GVWFFNYKNDNVEPTVTSASDQTTTFTIQTISPTAIEISKTYDLYASVLLAQAILSSSGQ  
SDLSKAPNYNLFQIKGEYKGSVQMPTLEDDGKGNMTQIQAPFRAYPNYSASLYDYAELV  
SSQKYASVWKSNTSSYKDATAALTGLYATDTAYASKLNQIIETYSLDAYDK

SEQ ID NO. 6317  
STRAIN M732 frame: 1  
GVWFFNYKNDNVEPTVTSASDQTTTFTIQTISPTAIEISKTYDLYASVLLAQAILSSSGQ  
SDLSKAPNYNLFQIKGEYKGSVQMPTLEDDGKGNMTQIQAPFRAYPNYSASLYDYAELV  
SSQKYASVWKSNTSSYKDATAALTGLYATDTAYASKLNQIIETYSLDAYDK

SEQ ID NO. 6318  
STRAIN M781 frame: 1  
GVWFFNYKNDNVEPTVTSASDQTTTFTIQTISPTAIEISKTYDLYASVLLAQAILSSSGQ  
SDLSKAPNYNLFQIKGEYKGSVQMPTLEDDGKGNMTQIQAPFRAYPNYSASLYDYAELV  
SSQKYASVWKSNTSSYKDATAALTGLYATDTAYASKLNQIIETYSLDAYDK

SEQ ID NO. 6319  
STRAIN CJB110 frame: 1  
GVWFFNYKNDNVEPTVTSASDQTTTFTIQTISPTAIEISKTYDLYASVLLAQAILSSSGQ  
SDLSKAPNYNLFQIKGEYKGSVQMPTLEDDGKGNMTQIQAPFRAYPNYSASLYDYAELV  
SSQKYASVWKSNTSSYKDATAALTGLYATDTAYASKLNQIIETYSLDAYDK

SEQ ID NO. 6320  
STRAIN 1169NT frame: 1  
GVWFFNYKNDNVEPTVTSASDQTTTFTIQTISPTAIEISKTYDLYASVLLAQAILSSSGQ  
SDLSKAPNYNLFQIKGEYKGSVQMPTLEDDGKGNMTQIQAPFRAYPNYSASLYDYAELV  
SSQKYASVWKSNTSSYKDATAALTGLYATDTAYASKLNQIIETYSLDAYDK

SEQ ID NO. 6321  
STRAIN JM9130013 frame: 3  
WFNYKNDNVEPTVTSASDQTTTFTIQTISPTAIEISKTYDLYASVLLAQAILSSSGQSD  
LSKAPNYNLFQIKGEYKGSVQMPTLEDDGKGNMTQIQAPFRAYPNYSASLYDYAELVSS  
QKYASVWKSNTSSYKDATAALTGLYATDTAYASKLNQIIENYSLDAYDK

PRETTY of: /biotmp/msa243476.2{\*} February 11, 2003 05:17 ..

msa243476.2{275_090}	1	50
msa243476.2{275_18RS21}	-----	-----gvWFFNY KNDNVEpTVT SASDQTTTFTI
msa243476.2{275_2603}	-----	-----gvWFFNY KNDNVEpTVT SASDQTTTFTI
msa243476.2{275_CJB110}	mksrkcdklv lrltttllvf	glggWFFNY KNDNVEpTVT SASDQTTTFTI
msa243476.2{275_M732}	-----	-----gvWFFNY KNDNVEpTVT SASDQTTTFTI
msa243476.2{275_M781}	-----	-----gvWFFNY KNDNVEpTVT SASDQTTTFTI
msa243476.2{275_A909}	-----	-----gvWFFNY KNDNVEpTVT SASDQTTTFTI
msa243476.2{275_H36B}	-----	-----gvWFFNY KNDNVEpTVT SASDQTTTFTI
msa243476.2{275_JM9130013}	-----	-----WFFNY KNDNVEpTVT SASDQTTTFTI
msa243476.2{275_1169NT}	-----	-----gvWFFNY KNDNVEqTVT SASDQTTTFTI
Consensus	*****	*****
msa243476.2{275_090}	51	100
msa243476.2{275_18RS21}	QTISPTAIEI SKTYDLYASV LLAQAILESS	SGQSDLSKAP NYNLFQIKGE
msa243476.2{275_2603}	QTISPTAIEI SKTYDLYASV LLAQAILESS	SGQSDLSKAP NYNLFQIKGE
msa243476.2{275_CJB110}	QTISPTAIEI SKTYDLYASV LLAQAILESS	SGQSDLSKAP NYNLFQIKGE
msa243476.2{275_M732}	QTISPTAIEI SKTYDLYASV LLAQAILESS	SGQSDLSKAP NYNLFQIKGE
msa243476.2{275_M781}	QTISPTAIEI SKTYDLYASV LLAQAILESS	SGQSDLSKAP NYNLFQIKGE
msa243476.2{275_A909}	QTISPTAIEI SKTYDLYASV LLAQAILESS	SGQSDLSKAP NYNLFQIKGE
msa243476.2{275_H36B}	QTISPTAIEI SKTYDLYASV LLAQAILESS	SGQSDLSKAP NYNLFQIKGE
msa243476.2{275_JM9130013}	QTISPTAIEI SKTYDLYASV LLAQAILESS	SGQSDLSKAP NYNLFQIKGE
msa243476.2{275_1169NT}	QTISPTAIEI SKTYDLYASV LLAQAILESS	SGQSDLSKAP NYNLFQIKGE
Consensus	*****	*****

Table 63: Comparative Sequences relating to SAG1912

		101			150
msa243476.2{275_090}	YKGKSVQMPT	LEDDGKGNMT	QIQAPFRAYP	NYSASLYDYA	ELVSSQKYAS
msa243476.2{275_18RS21}	YKGKSVQMPT	LEDDGKGNMT	QIQAPFRAYP	NYSASLYDYA	ELVSSQKYAS
msa243476.2{275_2603}	YKGKSVQMPT	LEDDGKGNMT	QIQAPFRAYP	NYSASLYDYA	ELVSSQKYAS
msa243476.2{275_CJB110}	YKGKSVQMPT	LEDDGKGNMT	QIQAPFRAYP	NYSASLYDYA	ELVSSQKYAS
msa243476.2{275_M732}	YKGKSVQMPT	LEDDGKGNMT	QIQAPFRAYP	NYSASLYDYA	ELVSSQKYAS
msa243476.2{275_M781}	YKGKSVQMPT	LEDDGKGNMT	QIQAPFRAYP	NYSASLYDYA	ELVSSQKYAS
msa243476.2{275_A909}	YKGKSVQMPT	LEDDGKGNMT	QIQAPFRAYP	NYSASLYDYA	ELVSSQKYAS
msa243476.2{275_H36B}	YKGKSVQMPT	LEDDGKGNMT	QIQAPFRAYP	NYSASLYDYA	ELVSSQKYAS
msa243476.2{275_JM9130013}	YKGKSVQMPT	LEDDGKGNMT	QIQAPFRAYP	NYSASLYDYA	ELVSSQKYAS
msa243476.2{275_1169NT}	YKGKSVQMPT	LEDDGKGNMT	QIQAPFRAYP	NYSASLYDYA	ELVSSQKYAS
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
		151			194
msa243476.2{275_090}	vWKSNTSSYK	DATAALTGLY	ATDTAYASKL	NQIIETYSLD	AYDK
msa243476.2{275_18RS21}	vWKSNTSSYK	DATAALTGLY	ATDTAYASKL	NQIIETYSLD	AYDK
msa243476.2{275_2603}	vWKSNTSSYK	DATAALTGLY	ATDTAYASKL	NQIIETYSLD	AYDK
msa243476.2{275_CJB110}	vWKSNTSSYK	DATAALTGLY	ATDTAYASKL	NQIIETYSLD	AYDK
msa243476.2{275_M732}	vWKSNTSSYK	DATAALTGLY	ATDTAYASKL	NQIIETYSLD	AYDK
msa243476.2{275_M781}	vWKSNTSSYK	DATAALTGLY	ATDTAYASKL	NQIIETYSLD	AYDK
msa243476.2{275_A909}	awKSNTSSYK	DATAALTGLY	ATDTAYASKL	NQIIETYSLD	AYDK
msa243476.2{275_H36B}	awKSNTSSYK	DATAALTGLY	ATDTAYASKL	NQIIETYSLD	AYDK
msa243476.2{275_JM9130013}	vWKSNTSSYK	DATAALTGLY	ATDTAYASKL	NQIIETYSLD	AYDK
msa243476.2{275_1169NT}	vWKSNTSSYK	DATAALTGLY	ATDTAYASKL	NQIIETYSLD	AYDK
Consensus	-*****	*****	*****	*****	****

Table 64: Comparative Sequences relating to SAG 0827

SEQ ID NO. 6401

STRAIN 2603

ATGAACAAGTCTAAGAAAATCGAAAATTATCAATTATTATTACTACAAGCGCAAGCTCTA  
 TTCTCAGATGAAACAAATGCTCTTGCCAACTTATCAAATGCTTCAGCTATGCTAAATGCT  
 ATGCTTCCAAATCTGTATTTACAGGCTTTTATTTATTGTAGTGAGAGAGTTAATTCTT  
 GGCCCTTTCCAGGGTGGTGTATCATGTGTGCATATTACTTTAGGAAAAGGTGTTTGTGGT  
 GAATCTGCACAACTGCTAAGACGCTGATCGTTGATGATGTTACAAAGCATGCTAACTAT  
 ATCTCCTGTGATTCAAAAGCTATGAGTGAAATCGTAGTACCTATGTTTAAAAATGGCAAA  
 CTTCTAGGAGTTCTAGATTAGATTCTTCTTTAGTAGCAGATTATGATGAGATTGATCAA  
 GAATACTTAGAAAAATTTGTAGGTATTCTAGTAGAACATACGATTGGAATTGGATATG  
 TTTGGAGTTGAAAAG

SEQ ID NO. 6402

STRAIN 090

CTCTATTCTCAGATGAAACAAATGCTCTTGCCAACTTA  
 TCAAATGCTTCAGCTATGCTAAATGCTATGCTTCCAAATCTGTATTTAC  
 AGGCTTTTATTATTATTGATGGAAGGAGTTAATTCTTGGCCCTTTCCAGG  
 GTGGTGTATCATGTGTGCATATTACTTTAGGAAAAGGTGTTTGTGGTGA  
 TCTGCACAACTGCTAAGACGCTGATTGTTGATGATGTTACAAAGCATGC  
 TAACTATATCTCCTGTGATTCAAAAGCTATGAGTGAAATCGTAGTACCTA  
 GTTTTAAAAATGGCAAACTTCTAGGAGTTCTAGATTAGATTCTTCTTA  
 GTAGCAGATTATGATGAGATTGATCAAGAATACTTAGAAAAATTTGTAGG  
 TATTCTAGTAGAACATACGATTGGAATTGGATA

SEQ ID NO. 6403

STRAIN A909

CTCTATTCTCAGATGAAACAAATGCTCTTGCCAA  
 CTTATCAAATGCTTCAGCTATGCTAAATGCTATGCTTCCAAATCTGTAT  
 TTACAGGCTTTTATTATTATTGATGGAAGAGTTAATTCTTGGCCCTTTCC  
 CAGGTTGGTGTATCATGTGTGCATATTACTTTAGGAAAAGGTGTTTGTGG  
 TGAATCTGCACAACTGCTAAGACGCTGATCGTTGATGATGTTACAAAGC  
 ATGCTAACTATATCTCCTGTGATTCAAAAGCTATGAGTGAAATCGTAGTA  
 CCTATGTTTAAAAATGGCAAACTTCTAGGAGTTCTAGATTAGATTCTTCT  
 TTTAGTAGCAGATTATGATGAGATTGATCAAGAATACTTAGAAAAATTTG  
 TAGGTATTCTAGTAGAACATACGATTGGAATTGGATATGTTTGGAGTT  
 GAAAAG

SEQ ID NO. 6404

STRAIN H36B

CTCTATTCTCAGATGAAACAAATGCTCTTGCC  
 CAACTATCAAATGCTTCAGCTATGCTAAATGCTATGCTTCCAAATCTGT  
 TATTTCAGGCTTTTATTATTATTGATGGAAGAGTTAATTCTTGGCCCTTTCC  
 TTCCAGGGTGGTGTATCATGTGTGCATATTACTTTAGGAAAAGGTGTTTGTGG  
 TGGTGAATCTGCACAACTGCTAAGACGCTGATCGTTGATGATGTTACAA  
 AGCATGCTAACTATATCTCCTGTGATTCAAAAGCTATGAGTGAAATCGTA  
 GTACCTATGTTTAAAAATGGCAAACTTCTAGGAGTTCTAGATTAGATTCT  
 TTCTTTAGTAGCAGATTATGATGAGATTGATCAAGAATACTTAGAAAAATTTG  
 TAGGTATTCTAGTAGAACATACGATTGGAATTGGATATGTTTGGAGTTGAA  
 GTTGAAGAAG

SEQ ID NO. 6405

STRAIN 18RS21

CTCTATTCTCAGATGAAACAAATGCTCTTGCCAACTT  
 ATCAAATGCTTCAGCTATGCTAAATGCTATGCTTCCAAATCTGTATTTA  
 CAGGCTTTTATTATTATTGATGGAAGAGTTAATTCTTGGCCCTTTCCAG  
 GGTGGTGTATCATGTGTGCATATTACTTTAGGAAAAGGTGTTTGTGGTGA  
 ATCTGCACAACTGCTAAGACGCTGATCGTTGATGATGTTACAAAGCATG  
 CTAACATATATCTCCTGTGATTCAAAAGCTATGAGTGAAATCGTAGTACCT  
 ATGTTTAAAAATGGCAAACTTCTAGGAGTTCTAGATTAGATTCTTCTTT  
 AGTAGCAGATTATGATGAGATTGATCAAGAATACTTAGAAAAATTTGTAG  
 GTATTCTAGTAGAACATACGATTGGAATTGGATATGTTTGGAGTTGAA  
 AAG

SEQ ID NO. 6406

STRAIN M732

CTCTATTCTCAGATGAAACAAATGCTCTTGCCAACTT  
 ATCAAATGCTTCAGCTATGCTAAATGCTATGCTTCCAAATCTGTATTTA  
 CAGGCTTTTATTATTATTGATGGAAGAGTTAATTCTTGGCCCTTTCCAG  
 GGTGGTGTATCATGTGTGCATATTACTTTAGGAAAAGGTGTTTGTGGTGA  
 ATCTGCACAACTGCTAAGACGCTGATTGTTGATGATGTTACAAAGCATG  
 CTAACATATATCTCCTGTGATTCAAAAGCTATGAGTGAAATCGTAGTACCT  
 ATGTTTAAAAATGGCAAACTTCTAGGAGTTCTAGATTAGATTCTTCTTT  
 AGTAGCAGATTATGATGAGATTGATCAAGAATACTTAGAAAAATTTGTAG  
 GTATTCTAGTAGAACATACGATTGGAATTGGATATGTTTGGAGTTGAA  
 AAG

SEQ ID NO. 6407

STRAIN COH1

CTCTATTCTCAGATGAAACAAATGCTCTTGCCAACTT  
 TTATCAAATGCTTCAGCTATGCTAAATGCTATGCTTCCAAATCTGTATT  
 TACAGGCTTTTATTATTATTGATGGAAGAGTTAATTCTTGGCCCTTTTCC  
 AGGGTGGTGTATCATGTGTGCATATTACTTTAGGAAAAGGTGTTTGTGGT

Table 64: Comparative Sequences relating to SAG 0827

GAATCTGCACAACTGCTAAGACGCTGATTGTTGATGATGTTACAAAGCA  
TGCTAATCTATCTCTCTGCTGATTCAAAGCTATGAGTGAAATCGTAGTAC  
CCATGTTTAAAAATGGCAAACCTCTAGGAGTTCTAGATTAGATTCTTCT  
TTAGTAGCAGATTATGATGAGATTGATCAAGAATACTTAGAAAAATTTGT  
AGGTATTCTAGTAGAACATACGATTGGAATTTGGATATGTTTGGAGTTG  
AAAAG

SEQ ID NO. 6408

STRAIN M781

CTCTATTCTCAGATGAAACAAATGCTCTTGCCAACTT  
ATCAAATGCTTCAGCTATGCTAAATGCTATGCTTCCAAATTCGTATTTA  
CAGGCTTTTATTTATTTGATGGAGAGGAGTTAATTCTTGGCCCTTTTCAG  
GGTGGTGTATCATGTGTGCATATTACTTTAGGAAAAGGTGTTTGTGGTGA  
ATCTGCACAAACTGCTAAGACGCTGATTGTTGATGATGTTACAAAGCATG  
CTAACTATATCTCTGTGATTCAAAGCTATGAGTGAAATCGTAGTACCC  
ATGTTTAAAAATGGCAAACCTCTAGGAGTTCTAGATTAGATTCTTCTTT  
AGTAGCAGATTATGATGAGATTGATCAAGAATACTTAGAAAAATTTGTAG  
GTATTCTAGTAGAACATACGATTGGAATTTGGATATGTTTGGAGTTGAA  
AAG

SEQ ID NO. 6409

STRAIN CJB110

CTCTATTCTCAGATGAAACAAATGCTCTTGCCAACTT  
TCAAATGCTTCAGCTATGCTAAATGCTATGCTTCCAAATTCGTATTTA  
AGGCTTTTATTTATTTGATGGAAAAGGAGTTAATTCTTGGCCCTTTCCAGG  
GTGGTGTATCATGTGTGCATATTACTTTAGGAAAAGGTGTTTGTGGTGA  
TCTGCACAAACTGCTAAGACGCTGATTGTTGATGATGTTACAAAGCATG  
TAACTATATCTCTGTGATTCAAAGCTATGAGTGAAATCGTAGTACCTA  
TGTTTAAAAATGGCAAACCTCTAGGAGTTCTAGATTAGATTCTTCTTTA  
GTAGCAGATTATGATGAGATTGATCAAGAATACTTAGAAAAATTTGTAGG  
TATTCTAGTAGAACATACGATTGGAATTTGGATATGTTTGGAGTTGAAA  
AG

SEQ ID NO. 6410

STRAIN 1169NT

CTCTATTCTCAGATGAAACAAATGCTCTTGCCAACTT  
TCAAATGCTTCAGCTATGCTAAATGCTATGCTTCCAAATTCGTATTTA  
AGGCTTTTATTTATTTGATGGAGAAGAGTTAATTCTTGGCCCTTTCCAGG  
GTGGTGTATCATGTGTGCATATTACTTTAGGAAAAGGTGTTTGTGGTGA  
TCTGCACAAACTGCTAAGACGCTGATTGTTGATGATGTTACAAAGCATG  
TAACTATATCTCTGTGATTCAAAGCTATGAGTGAAATCGTAGTACCCA  
TGTTTAAAAATGGCAAACCTCTAGGAGTTCTAGATTAGATTCTTCTTTA  
GTAGCAGATTATGATGAGATTGATCAAGAATACTTAGAAAAATTTGTAGG  
TATTCTAGTAGAACATACGATTGGAATTTGGATATGTTTGGAGTTGAAA  
AG

SEQ ID NO. 6411

STRAIN JM9130013

CTCTATTCTCAGATGAAACAAATGCTCTTGCCAACTT  
TCAAATGCTTCAGCTATGCTAAATGCTATGCTTCCAAATTCGTATTTA  
AGGCTTTTATTTATTTGATGGAGAAGAGTTAATTCTTGGCCCTTTCCAGG  
GTGGTGTATCATGTGTGCATATTACTTTAGGAAAAGGTGTTTGTGGTGA  
TCTGCACAAACTGCTAAGACGCTGATTGTTGATGATGTTACAAAGCATG  
TAACTATATCTCTGTGATTCAAAGCTATGAGTGAAATCGTAGTACCTA  
TGTTTAAAAATGGCAAACCTCTAGGAGTTCTAGATTAGATTCTTCTTTA  
GTAGCAGATTATGATGAGATTGATCAAGAATACTTAGAAAAATTTGTAGG  
TATTCTAGTAGAACATACGATTGGAATTTGGATATGTTTGGAGTTGAAA  
AG

PRETTY of: /biotmp/msa236796.2{\*} February 11, 2003 02:42 ..

	1				50
msa236796.2{282_COH1}	-----	-----	-----	-----	-----
msa236796.2{282_M732}	-----	-----	-----	-----	-----
msa236796.2{282_M781}	-----	-----	-----	-----	-----
msa236796.2{282_090}	-----	-----	-----	-----	-----
msa236796.2{282_CJB110}	-----	-----	-----	-----	-----
msa236796.2{282_18RS21}	-----	-----	-----	-----	-----
msa236796.2{282_2603}	atgaacaagt	ctaagaaaat	cgaaaattat	caattattat	tactacaagc
msa236796.2{282_A909}	-----	-----	-----	-----	-----
msa236796.2{282_H36B}	-----	-----	-----	-----	-----
msa236796.2{282_JM9130013}	-----	-----	-----	-----	-----
msa236796.2{282_1169NT}	-----	-----	-----	-----	-----
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
	51				100
msa236796.2{282_COH1}	-----CTCTA	TTCTCAGATG	AAACAAATGC	TCTTGCCAAC	TTATCAAATG
msa236796.2{282_M732}	-----CTCTA	TTCTCAGATG	AAACAAATGC	TCTTGCCAAC	TTATCAAATG
msa236796.2{282_M781}	-----CTCTA	TTCTCAGATG	AAACAAATGC	TCTTGCCAAC	TTATCAAATG
msa236796.2{282_090}	-----CTCTA	TTCTCAGATG	AAACAAATGC	TCTTGCCAAC	TTATCAAATG
msa236796.2{282_CJB110}	-----CTCTA	TTCTCAGATG	AAACAAATGC	TCTTGCCAAC	TTATCAAATG
msa236796.2{282_18RS21}	-----CTCTA	TTCTCAGATG	AAACAAATGC	TCTTGCCAAC	TTATCAAATG
msa236796.2{282_2603}	gcaagCTCTA	TTCTCAGATG	AAACAAATGC	TCTTGCCAAC	TTATCAAATG

Table 64: Comparative Sequences relating to SAG 0827

msa236796.2{282_A909}	-----CTCTA	TTCTCAGATG	AAACAAATGC	TCTTGCCAAC	TTATCAAATG
msa236796.2{282_H36B}	-----CTCTA	TTCTCAGATG	AAACAAATGC	TCTTGCCAAC	TTATCAAATG
msa236796.2{282_JM9130013}	-----CTCTA	TTCTCAGATG	AAACAAATGC	TCTTGCCAAC	TTATCAAATG
msa236796.2{282_1169NT}	-----CTCTA	TTCTCAGATG	AAACAAATGC	TCTTGCCAAC	TTATCAAATG
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa236796.2{282_COH1}	CTTCAGCTAT	GCTAAATGCT	ATGCTTCCAA	ATTCTGTATT	TACAGGCTTT
msa236796.2{282_M732}	CTTCAGCTAT	GCTAAATGCT	ATGCTTCCAA	ATTCTGTATT	TACAGGCTTT
msa236796.2{282_M781}	CTTCAGCTAT	GCTAAATGCT	ATGCTTCCAA	ATTCTGTATT	TACAGGCTTT
msa236796.2{282_090}	CTTCAGCTAT	GCTAAATGCT	ATGCTTCCAA	ATTCTGTATT	TACAGGCTTT
msa236796.2{282_CJB110}	CTTCAGCTAT	GCTAAATGCT	ATGCTTCCAA	ATTCTGTATT	TACAGGCTTT
msa236796.2{282_18RS21}	CTTCAGCTAT	GCTAAATGCT	ATGCTTCCAA	ATTCTGTATT	TACAGGCTTT
msa236796.2{282_2603}	CTTCAGCTAT	GCTAAATGCT	ATGCTTCCAA	ATTCTGTATT	TACAGGCTTT
msa236796.2{282_A909}	CTTCAGCTAT	GCTAAATGCT	ATGCTTCCAA	ATTCTGTATT	TACAGGCTTT
msa236796.2{282_H36B}	CTTCAGCTAT	GCTAAATGCT	ATGCTTCCAA	ATTCTGTATT	TACAGGCTTT
msa236796.2{282_JM9130013}	CTTCAGCTAT	GCTAAATGCT	ATGCTTCCAA	ATTCTGTATT	TACAGGCTTT
msa236796.2{282_1169NT}	CTTCAGCTAT	GCTAAATGCT	ATGCTTCCAA	ATTCTGTATT	TACAGGCTTT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa236796.2{282_COH1}	TATTTATTTG	ATGGAGAgGA	GTTAATTCCT	GGCCCTTTcC	AGGGTGGTGT
msa236796.2{282_M732}	TATTTATTTG	ATGGAGAgGA	GTTAATTCCT	GGCCCTTTcC	AGGGTGGTGT
msa236796.2{282_M781}	TATTTATTTG	ATGGAGAgGA	GTTAATTCCT	GGCCCTTTcC	AGGGTGGTGT
msa236796.2{282_090}	TATTTATTTG	ATGGAGAgGA	GTTAATTCCT	GGCCCTTTcC	AGGGTGGTGT
msa236796.2{282_CJB110}	TATTTATTTG	ATGGAGAgGA	GTTAATTCCT	GGCCCTTTcC	AGGGTGGTGT
msa236796.2{282_18RS21}	TATTTATTTG	ATGGAGAgGA	GTTAATTCCT	GGCCCTTTcC	AGGGTGGTGT
msa236796.2{282_2603}	TATTTATTTG	ATGGAGAgGA	GTTAATTCCT	GGCCCTTTcC	AGGGTGGTGT
msa236796.2{282_A909}	TATTTATTTG	ATGGAGAgGA	GTTAATTCCT	GGCCCTTTcC	AGGGTGGTGT
msa236796.2{282_H36B}	TATTTATTTG	ATGGAGAgGA	GTTAATTCCT	GGCCCTTTcC	AGGGTGGTGT
msa236796.2{282_JM9130013}	TATTTATTTG	ATGGAGAgGA	GTTAATTCCT	GGCCCTTTcC	AGGGTGGTGT
msa236796.2{282_1169NT}	TATTTATTTG	ATGGAGAgGA	GTTAATTCCT	GGCCCTTTcC	AGGGTGGTGT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa236796.2{282_COH1}	ATCATGTGTG	CATATTACTT	TAGGAAAAGG	TGTTTGTGGT	GAATCTGCAC
msa236796.2{282_M732}	ATCATGTGTG	CATATTACTT	TAGGAAAAGG	TGTTTGTGGT	GAATCTGCAC
msa236796.2{282_M781}	ATCATGTGTG	CATATTACTT	TAGGAAAAGG	TGTTTGTGGT	GAATCTGCAC
msa236796.2{282_090}	ATCATGTGTG	CATATTACTT	TAGGAAAAGG	TGTTTGTGGT	GAATCTGCAC
msa236796.2{282_CJB110}	ATCATGTGTG	CATATTACTT	TAGGAAAAGG	TGTTTGTGGT	GAATCTGCAC
msa236796.2{282_18RS21}	ATCATGTGTG	CATATTACTT	TAGGAAAAGG	TGTTTGTGGT	GAATCTGCAC
msa236796.2{282_2603}	ATCATGTGTG	CATATTACTT	TAGGAAAAGG	TGTTTGTGGT	GAATCTGCAC
msa236796.2{282_A909}	ATCATGTGTG	CATATTACTT	TAGGAAAAGG	TGTTTGTGGT	GAATCTGCAC
msa236796.2{282_H36B}	ATCATGTGTG	CATATTACTT	TAGGAAAAGG	TGTTTGTGGT	GAATCTGCAC
msa236796.2{282_JM9130013}	ATCATGTGTG	CATATTACTT	TAGGAAAAGG	TGTTTGTGGT	GAATCTGCAC
msa236796.2{282_1169NT}	ATCATGTGTG	CATATTACTT	TAGGAAAAGG	TGTTTGTGGT	GAATCTGCAC
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa236796.2{282_COH1}	AAACTGCTAA	GACGCTGATc	GTTGATGATG	TTACAAAGCA	TGCTAACTAT
msa236796.2{282_M732}	AAACTGCTAA	GACGCTGATc	GTTGATGATG	TTACAAAGCA	TGCTAACTAT
msa236796.2{282_M781}	AAACTGCTAA	GACGCTGATc	GTTGATGATG	TTACAAAGCA	TGCTAACTAT
msa236796.2{282_090}	AAACTGCTAA	GACGCTGATc	GTTGATGATG	TTACAAAGCA	TGCTAACTAT
msa236796.2{282_CJB110}	AAACTGCTAA	GACGCTGATc	GTTGATGATG	TTACAAAGCA	TGCTAACTAT
msa236796.2{282_18RS21}	AAACTGCTAA	GACGCTGATc	GTTGATGATG	TTACAAAGCA	TGCTAACTAT
msa236796.2{282_2603}	AAACTGCTAA	GACGCTGATc	GTTGATGATG	TTACAAAGCA	TGCTAACTAT
msa236796.2{282_A909}	AAACTGCTAA	GACGCTGATc	GTTGATGATG	TTACAAAGCA	TGCTAACTAT
msa236796.2{282_H36B}	AAACTGCTAA	GACGCTGATc	GTTGATGATG	TTACAAAGCA	TGCTAACTAT
msa236796.2{282_JM9130013}	AAACTGCTAA	GACGCTGATc	GTTGATGATG	TTACAAAGCA	TGCTAACTAT
msa236796.2{282_1169NT}	AAACTGCTAA	GACGCTGATc	GTTGATGATG	TTACAAAGCA	TGCTAACTAT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa236796.2{282_COH1}	ATCTCCTGTG	ATTCAAAAGC	TATGAGTGAA	ATCGTAGTAC	CcATGTTTAA
msa236796.2{282_M732}	ATCTCCTGTG	ATTCAAAAGC	TATGAGTGAA	ATCGTAGTAC	CcATGTTTAA
msa236796.2{282_M781}	ATCTCCTGTG	ATTCAAAAGC	TATGAGTGAA	ATCGTAGTAC	CcATGTTTAA
msa236796.2{282_090}	ATCTCCTGTG	ATTCAAAAGC	TATGAGTGAA	ATCGTAGTAC	CcATGTTTAA
msa236796.2{282_CJB110}	ATCTCCTGTG	ATTCAAAAGC	TATGAGTGAA	ATCGTAGTAC	CcATGTTTAA
msa236796.2{282_18RS21}	ATCTCCTGTG	ATTCAAAAGC	TATGAGTGAA	ATCGTAGTAC	CcATGTTTAA
msa236796.2{282_2603}	ATCTCCTGTG	ATTCAAAAGC	TATGAGTGAA	ATCGTAGTAC	CcATGTTTAA
msa236796.2{282_A909}	ATCTCCTGTG	ATTCAAAAGC	TATGAGTGAA	ATCGTAGTAC	CcATGTTTAA
msa236796.2{282_H36B}	ATCTCCTGTG	ATTCAAAAGC	TATGAGTGAA	ATCGTAGTAC	CcATGTTTAA
msa236796.2{282_JM9130013}	ATCTCCTGTG	ATTCAAAAGC	TATGAGTGAA	ATCGTAGTAC	CcATGTTTAA
msa236796.2{282_1169NT}	ATCTCCTGTG	ATTCAAAAGC	TATGAGTGAA	ATCGTAGTAC	CcATGTTTAA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa236796.2{282_COH1}	AAATGGCAAA	CTTCTAGGAG	TTCTAGATTT	AGATTCTTCT	TTAGTAGCAG
msa236796.2{282_M732}	AAATGGCAAA	CTTCTAGGAG	TTCTAGATTT	AGATTCTTCT	TTAGTAGCAG
msa236796.2{282_M781}	AAATGGCAAA	CTTCTAGGAG	TTCTAGATTT	AGATTCTTCT	TTAGTAGCAG
msa236796.2{282_090}	AAATGGCAAA	CTTCTAGGAG	TTCTAGATTT	AGATTCTTCT	TTAGTAGCAG
msa236796.2{282_CJB110}	AAATGGCAAA	CTTCTAGGAG	TTCTAGATTT	AGATTCTTCT	TTAGTAGCAG
msa236796.2{282_18RS21}	AAATGGCAAA	CTTCTAGGAG	TTCTAGATTT	AGATTCTTCT	TTAGTAGCAG



Table 64: Comparative Sequences relating to SAG 0827

msa236796.2{282_2603}	AAATGGCAAA	CTTCTAGGAG	TTCTAGATT	AGATTCTTCT	TTAGTAGCAG
msa236796.2{282_A909}	AAATGGCAAA	CTTCTAGGAG	TTCTAGATT	AGATTCTTCT	TTAGTAGCAG
msa236796.2{282_H36B}	AAATGGCAAA	CTTCTAGGAG	TTCTAGATT	AGATTCTTCT	TTAGTAGCAG
msa236796.2{282_JM9130013}	AAATGGCAAA	CTTCTAGGAG	TTCTAGATT	AGATTCTTCT	TTAGTAGCAG
msa236796.2{282_1169NT}	AAATGGCAAA	CTTCTAGGAG	TTCTAGATT	AGATTCTTCT	TTAGTAGCAG
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
401					
msa236796.2{282_COH1}	ATTATGATGA	GATTGATCAA	GAATACTTAG	AAAAATTGT	AGGTATTCTA
msa236796.2{282_M732}	ATTATGATGA	GATTGATCAA	GAATACTTAG	AAAAATTGT	AGGTATTCTA
msa236796.2{282_M781}	ATTATGATGA	GATTGATCAA	GAATACTTAG	AAAAATTGT	AGGTATTCTA
msa236796.2{282_090}	ATTATGATGA	GATTGATCAA	GAATACTTAG	AAAAATTGT	AGGTATTCTA
msa236796.2{282_CJB110}	ATTATGATGA	GATTGATCAA	GAATACTTAG	AAAAATTGT	AGGTATTCTA
msa236796.2{282_18RS21}	ATTATGATGA	GATTGATCAA	GAATACTTAG	AAAAATTGT	AGGTATTCTA
msa236796.2{282_2603}	ATTATGATGA	GATTGATCAA	GAATACTTAG	AAAAATTGT	AGGTATTCTA
msa236796.2{282_A909}	ATTATGATGA	GATTGATCAA	GAATACTTAG	AAAAATTGT	AGGTATTCTA
msa236796.2{282_H36B}	ATTATGATGA	GATTGATCAA	GAATACTTAG	AAAAATTGT	AGGTATTCTA
msa236796.2{282_JM9130013}	ATTATGATGA	GATTGATCAA	GAATACTTAG	AAAAATTGT	AGGTATTCTA
msa236796.2{282_1169NT}	ATTATGATGA	GATTGATCAA	GAATACTTAG	AAAAATTGT	AGGTATTCTA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
451					
msa236796.2{282_COH1}	GTAGAACATA	CGATTTGGAA	TTTGGATAtg	tttggagttg	aaaag
msa236796.2{282_M732}	GTAGAACATA	CGATTTGGAA	TTTGGATAtg	tttggagttg	aaaag
msa236796.2{282_M781}	GTAGAACATA	CGATTTGGAA	TTTGGATAtg	tttggagttg	aaaag
msa236796.2{282_090}	GTAGAACATA	CGATTTGGAA	TTTGGATA--	-----	-----
msa236796.2{282_CJB110}	GTAGAACATA	CGATTTGGAA	TTTGGATAtg	tttggagttg	aaaag
msa236796.2{282_18RS21}	GTAGAACATA	CGATTTGGAA	TTTGGATAtg	tttggagttg	aaaag
msa236796.2{282_2603}	GTAGAACATA	CGATTTGGAA	TTTGGATAtg	tttggagttg	aaaag
msa236796.2{282_A909}	GTAGAACATA	CGATTTGGAA	TTTGGATAtg	tttggagttg	aaaag
msa236796.2{282_H36B}	GTAGAACATA	CGATTTGGAA	TTTGGATAtg	tttggagttg	aaaag
msa236796.2{282_JM9130013}	GTAGAACATA	CGATTTGGAA	TTTGGATAtg	tttggagttg	aaaag
msa236796.2{282_1169NT}	GTAGAACATA	CGATTTGGAA	TTTGGATAtg	tttggagttg	aaaag
Consensus	*****	*****	*****	*****	-----

## SEQ ID NO. 6412

STRAIN 2603 frame: 1

MNKSKEIENYQLLLQAQALFSDETALANLSNASAMLNAMLPNSVFTGFYLFDEGELIL  
 GPFQGGVSCVHI TLGKGVCGESAQTAKTLIVDDVTKHANYISCDKAMSEIVVPMFKNGK  
 LLGVLDLSSSLVADYDEIDQEYLEKFPVGI LVEHTIWNLD MFGEK

## SEQ ID NO. 6413

STRAIN 090 frame: 3

LFSDETALANLSNASAMLNAMLPNSVFTGFYLFDEGELILGPFQGGVSCVHITLKGVC  
 GESAQTAKTLIVDDVTKHANYISCDKAMSEIVVPMFKNGKLLGVLDLSSSLVADYDEID  
 QEYLEKFPVGI LVEHTIWNLD

## SEQ ID NO. 6414

STRAIN A909 frame: 3

LFSDETALANLSNASAMLNAMLPNSVFTGFYLFDEGELILGPFQGGVSCVHITLKGVC  
 GESAQTAKTLIVDDVTKHANYISCDKAMSEIVVPMFKNGKLLGVLDLSSSLVADYDEID  
 QEYLEKFPVGI LVEHTIWNLD MFGEK

## SEQ ID NO. 6415

STRAIN H36B frame: 3

LFSDETALANLSNASAMLNAMLPNSVFTGFYLFDEGELILGPFQGGVSCVHITLKGVC  
 GESAQTAKTLIVDDVTKHANYISCDKAMSEIVVPMFKNGKLLGVLDLSSSLVADYDEID  
 QEYLEKFPVGI LVEHTIWNLD MFGEK

## SEQ ID NO. 6416

STRAIN 18RS21 frame: 3

LFSDETALANLSNASAMLNAMLPNSVFTGFYLFDEGELILGPFQGGVSCVHITLKGVC  
 GESAQTAKTLIVDDVTKHANYISCDKAMSEIVVPMFKNGKLLGVLDLSSSLVADYDEID  
 QEYLEKFPVGI LVEHTIWNLD MFGEK

## SEQ ID NO. 6417

STRAIN M732 frame: 3

LFSDETALANLSNASAMLNAMLPNSVFTGFYLFDEGELILGPFQGGVSCVHITLKGVC  
 GESAQTAKTLIVDDVTKHANYISCDKAMSEIVVPMFKNGKLLGVLDLSSSLVADYDEID  
 QEYLEKFPVGI LVEHTIWNLD MFGEK

## SEQ ID NO. 6418

STRAIN COH1 frame: 3

LFSDETALANLSNASAMLNAMLPNSVFTGFYLFDEGELILGPFQGGVSCVHITLKGVC  
 GESAQTAKTLIVDDVTKHANYISCDKAMSEIVVPMFKNGKLLGVLDLSSSLVADYDEID  
 QEYLEKFPVGI LVEHTIWNLD MFGEK

## SEQ ID NO. 6419

STRAIN M781 frame: 3

LFSDETALANLSNASAMLNAMLPNSVFTGFYLFDEGELILGPFQGGVSCVHITLKGVC  
 GESAQTAKTLIVDDVTKHANYISCDKAMSEIVVPMFKNGKLLGVLDLSSSLVADYDEID

Table 64: Comparative Sequences relating t SAG 0827

QEYLEKFPVGIIVVEHTIWNLDMPGVEK

SEQ ID NO. 6420

STRAIN M781 frame: 3

LFSDETNALANLSNASAMLNAMLPNSVFTGFYLFDDGEEILGPPFQGGVSCVHITLGKGVG  
 GESAQTAKTLIVDDVTKHANYISCDKAMSEIVVPMFKNGKLLGVLDLSSLVADYDEID  
 QEYLEKFPVGIIVVEHTIWNLDMPGVEK

SEQ ID NO. 6421

STRAIN CJB110 frame: 3

LFSDETNALANLSNASAMLNAMLPNSVFTGFYLFDDGEEILGPPFQGGVSCVHITLGKGVG  
 GESAQTAKTLIVDDVTKHANYISCDKAMSEIVVPMFKNGKLLGVLDLSSLVADYDEID  
 QEYLEKFPVGIIVVEHTIWNLDMPGVEK

SEQ ID NO. 6422

STRAIN 1169NT frame: 3

LFSDETNALANLSNASAMLNAMLPNSVFTGFYLFDDGEEILGPPFQGGVSCVHITLGKGVG  
 GESAQTAKTLIVDDVTKHANYISCDKAMSEIVVPMFKNGKLLGVLDLSSLVADYDEID  
 QEYLEKFPVGIIVVEHTIWNLDMPGVEK

SEQ ID NO. 6423

STRAIN JM9130013 frame: 3

LFSDETNALANLSNASAMLNAMLPNSVFTGFYLFDDGEEILGPPFQGGVSCVHITLGKGVG  
 GESAQTAKTLIVDDVTKHANYISCDKAMSEIVVPMFKNGKLLGVLDLSSLVADYDEID  
 QEYLEKFPVGIIVVEHTIWNLDMPGVEK

PRETTY of: /biotmp/msa237960.2(\*) February 11, 2003 02:46 ..

```

1
msa237960.2{282_1169NT} -----L FSDETNALAN LSNASAMLNA MLPNSVFTGF
msa237960.2{282_18RS21} -----L FSDETNALAN LSNASAMLNA MLPNSVFTGF
msa237960.2{282_2603} mnkskkieny qllllqaqaL FSDETNALAN LSNASAMLNA MLPNSVFTGF
msa237960.2{282_A909} -----L FSDETNALAN LSNASAMLNA MLPNSVFTGF
msa237960.2{282_COH1} -----L FSDETNALAN LSNASAMLNA MLPNSVFTGF
msa237960.2{282_H36B} -----L FSDETNALAN LSNASAMLNA MLPNSVFTGF
msa237960.2{282_JM9130013} -----L FSDETNALAN LSNASAMLNA MLPNSVFTGF
msa237960.2{282_M732} -----L FSDETNALAN LSNASAMLNA MLPNSVFTGF
msa237960.2{282_M781} -----L FSDETNALAN LSNASAMLNA MLPNSVFTGF
msa237960.2{282_090} -----L FSDETNALAN LSNASAMLNA MLPNSVFTGF
msa237960.2{282_CJB110} -----L FSDETNALAN LSNASAMLNA MLPNSVFTGF
Consensus *****

51
msa237960.2{282_1169NT} YLFDGeELIL GPFQGGVSCV HITLGKGVCG ESAQTAKTLI VDDVTKHANY
msa237960.2{282_18RS21} YLFDGeELIL GPFQGGVSCV HITLGKGVCG ESAQTAKTLI VDDVTKHANY
msa237960.2{282_2603} YLFDGeELIL GPFQGGVSCV HITLGKGVCG ESAQTAKTLI VDDVTKHANY
msa237960.2{282_A909} YLFDGeELIL GPFQGGVSCV HITLGKGVCG ESAQTAKTLI VDDVTKHANY
msa237960.2{282_COH1} YLFDGeELIL GPFQGGVSCV HITLGKGVCG ESAQTAKTLI VDDVTKHANY
msa237960.2{282_H36B} YLFDGeELIL GPFQGGVSCV HITLGKGVCG ESAQTAKTLI VDDVTKHANY
msa237960.2{282_JM9130013} YLFDGeELIL GPFQGGVSCV HITLGKGVCG ESAQTAKTLI VDDVTKHANY
msa237960.2{282_M732} YLFDGeELIL GPFQGGVSCV HITLGKGVCG ESAQTAKTLI VDDVTKHANY
msa237960.2{282_M781} YLFDGeELIL GPFQGGVSCV HITLGKGVCG ESAQTAKTLI VDDVTKHANY
msa237960.2{282_090} YLFDGeELIL GPFQGGVSCV HITLGKGVCG ESAQTAKTLI VDDVTKHANY
msa237960.2{282_CJB110} YLFDGeELIL GPFQGGVSCV HITLGKGVCG ESAQTAKTLI VDDVTKHANY
Consensus *****

101
msa237960.2{282_1169NT} ISCDKAMSE IVVPMFKNGK LLGVLDLSS LVADYDEIDQ EYLEKFPVGIL
msa237960.2{282_18RS21} ISCDKAMSE IVVPMFKNGK LLGVLDLSS LVADYDEIDQ EYLEKFPVGIL
msa237960.2{282_2603} ISCDKAMSE IVVPMFKNGK LLGVLDLSS LVADYDEIDQ EYLEKFPVGIL
msa237960.2{282_A909} ISCDKAMSE IVVPMFKNGK LLGVLDLSS LVADYDEIDQ EYLEKFPVGIL
msa237960.2{282_COH1} ISCDKAMSE IVVPMFKNGK LLGVLDLSS LVADYDEIDQ EYLEKFPVGIL
msa237960.2{282_H36B} ISCDKAMSE IVVPMFKNGK LLGVLDLSS LVADYDEIDQ EYLEKFPVGIL
msa237960.2{282_JM9130013} ISCDKAMSE IVVPMFKNGK LLGVLDLSS LVADYDEIDQ EYLEKFPVGIL
msa237960.2{282_M732} ISCDKAMSE IVVPMFKNGK LLGVLDLSS LVADYDEIDQ EYLEKFPVGIL
msa237960.2{282_M781} ISCDKAMSE IVVPMFKNGK LLGVLDLSS LVADYDEIDQ EYLEKFPVGIL
msa237960.2{282_090} ISCDKAMSE IVVPMFKNGK LLGVLDLSS LVADYDEIDQ EYLEKFPVGIL
msa237960.2{282_CJB110} ISCDKAMSE IVVPMFKNGK LLGVLDLSS LVADYDEIDQ EYLEKFPVGIL
Consensus *****

151 165
msa237960.2{282_1169NT} VEHTIWNLDm fgvek
msa237960.2{282_18RS21} VEHTIWNLDm fgvek
msa237960.2{282_2603} VEHTIWNLDm fgvek
msa237960.2{282_A909} VEHTIWNLDm fgvek
msa237960.2{282_COH1} VEHTIWNLDm fgvek
msa237960.2{282_H36B} VEHTIWNLDm fgvek
msa237960.2{282_JM9130013} VEHTIWNLDm fgvek
msa237960.2{282_M732} VEHTIWNLDm fgvek
msa237960.2{282_M781} VEHTIWNLDm fgvek
msa237960.2{282_090} VEHTIWNLDm fgvek
msa237960.2{282_CJB110} VEHTIWNLDm fgvek
Consensus *****

```

Table 65: Comparative Sequences relating to SAG0231

## SEQ ID NO. 6501

## STRAIN 2603

ATGAAAAGAGTACCCAAATAACTACTAATAGTTGCA  
 TTATTCATCTGTTTGTAGCGGAGGATTTATATGAAAGAACAAAGAAAAGAAGAA  
 CTAAAACGGGAATCGAGAATATGAAGTTAGTCTAGTCAAAGCATTGAAAAATTCCTATGAG  
 AATATAGAAGAAATAAAATCACACATCCTGTTTCAACTGAAATTCCTGGAGATTGGCAT  
 TGTAATGTAAGATTTCATTTAATGATAAAAAATCTATTGTTTATAATATTACACATAAT  
 TTGGAATCGAAAAAAATTTATAGCGGAAATTTAATGAAAAAAATATGAATTTTTTTGAT  
 TCAAGAAATGGTAAACAAAAAACTATAAAAAATTATTTTTTCAGATGGTCAGGAGAAG  
 ATACAA

## SEQ ID NO. 6502

## STRAIN 090

GGAGGATTTTATATGAAAGAACA  
 ACAAGAAAAGAAGAACTAAAAACGGGAATCGAGAATATGAAGTTAGTCTAG  
 TCAAAGCATTGAAAAATTCCTATGAGAATATAGAAGAAATAAAATCACACATC  
 CATCCTGTTTCAACTGAAATTCCTGGAGATTGGCATTGTACTGTAAAGAT  
 TTCAATTAATGATAAAAAATCTATTGTTTATAATATTACACATAAATTGG  
 AATCGAAAAAAATTTATAGCGGAAATTTAATGAAAAAAATATGAATTTTT  
 TTTGATTCAAGAATTGGTAAAACAAAAAAACTATAAAAAATTATTTTTTC  
 AGATGGTCAGGAGAAGATaCAA

## SEQ ID NO. 6503

## STRAIN A909

GGAGGATTTTATATGAAAGAACA  
 AGAAAAGAAGAACTAAAAACGGGAATCGAGAATATGAAGTTAGTCTAGTCAA  
 AGCATTGAAAAATTCCTATGAGAATATAGAAGAAATAAAATCACACATC  
 CTGTTTCAACTGAAATTCCTGGAGATTGGCATTGTACTGTAAAGATTTCA  
 TTTAATGATAAAAAATCTATTGTTTATAATATTACACATAAATTGG  
 GAAAAAAATTTATAGCGGAAATTTAATGAAAAAAATATGAATTTTTTTG  
 ATTCAAGAATTGGTAAAACAAAAAAACTATAAAAAATTATTTTTTCAGAT  
 GGTCAGGAGAAGATACAA

## SEQ ID NO. 6504

## STRAIN H36B

GGAGGATTTTATATGAAAGAACA  
 ACAAGAAAAGAAGAACTAAAAACGGGAATCGAGAATATGAAGTTAGTCTAG  
 TCAAAGCATTGAAAAATTCCTATGAGAATATAGAAGAAATAAAATCACACA  
 CATCCTGTTTCAACTGAAATTCCTGGAGATTGGCATTGTACTGTAAAGAT  
 TTCAATTAATGATAAAAAATCTATTGTTTATAATATTACACATAAATTGG  
 AATCGAAAAAAATTTATAGCGGAAATTTAATGAAAAAAATATGAATTTTT  
 TTTGATTCAAGAATTGGTAAAACAAAAAAACTATAAAAAATTATTTTTTC  
 AGATGGTCAGGAGAAGATaCAA

## SEQ ID NO. 6505

## STRAIN 18RS21

GGAGGATTTTATATGAAAGAACA  
 AAAGAAAAGAAGAACTAAAAACGGGAATCGAGAATATGAAGTTAGTCTAGTC  
 AAAGCATTGAAAAATTCCTATGAGAATATAGAAGAAATAAAATCACACA  
 TCCTGTTTCAACTGAAATTCCTGGAGATTGGCATTGTACTGTAAAGATTT  
 CATTTAATGATAAAAAATCTATTGTTTATAATATTACACATAAATTGGAA  
 TCGAAAAAAATTTATAGCGGAAATTTAATGAAAAAAATATGAATTTTTTT  
 TGATTCAAGAATTGGTAAAACAAAAAAACTATAAAAAATTATTTTTTCAG  
 ATGGTCAGGAGAAGATaCAA

## SEQ ID NO. 6506

## STRAIN M781

GGAGGATTTTATATGAAAGAACAACAAAGAAA  
 GAAGAACTAAAAACGGGAATCGAGAATATGAAGTTAGTCTAGTCAAAGCATT  
 GAAAAATTCCTATGAGAATATAGAAGAAATAAAATCACACATCCTGTTT  
 CAACTGAAATTCCTGGAGATTGGCATTGTACTGTAAAGATTTTCATTTAAT  
 GATAAAAAATCTATTGTTTATAATATTACACATAAATTGGAAATCGAAAA  
 AAATTTAGCGGAAATTTAATGAAAAAAATATGAATTTTTTTGATTCAA  
 GAATTGGTAAAACAAAAAAACTATAAAAAATTATTTTTTCAGATGGTCAG  
 GAGAAGATACAA

## SEQ ID NO. 6507

## STRAIN CJB110

GGAGGATTTTATATGAAAGAACAACAAAGAAAAGAAGAA  
 CTAAAACGGGAATCGAGAATATGAAGTTAGTCTAGTCAAAGCATTGAAAA  
 TTCTATGAGAATATAGAAGAAATAAAATCACACATCCTGTTTCAACTG  
 AAAATTCCTGGAGATTGGCATTGTACTGTAAAGATTTTCATTTAATGATAAA  
 AAATCTATTGTTTATAATATTACACATAAATTGGAAATCGAAAAAAATTA  
 TAGCGGAAATTTAATGAAAAAAATATGAATTTTTTTGATTCAAGAATTG  
 GTAAAACAAAAAAACTATAAAAAATTATTTTTTCAGATGGTCAGGAGAAG  
 ATACAA

## SEQ ID NO. 6508

## STRAIN 1169NT

GGAGGATTTTATATGAAAGAACAACAAAG  
 AAAAGAAAGAACTAAAAACGGGAATCGAGAATATGAAGTTAGTCTAGTCAAAG  
 CATTGAAAAATTCCTATGAGAATATAGAAGAAATAAAATCACACATCCT

Table 65: Comparative Sequences relating to SAG0231

GTTTCAACTGAAATTCCTGGAGATTGGCATTGTACTGTAAAGATTTTCATT  
 TAATGATAAAAAATCTATTGTTTATAATATACACATAATTTGGAATCGA  
 AAAAAAATTATAGTGGAAATTTAATGAAAAAATATGAATTTTTTGAT  
 TCAAGAAATGGTAAACAAAAAATATAAAATTTATTTTTTCAGATGG  
 TCAGGAGAAGATACAA

SEQ ID NO. 6509

STRAIN JM9130013

GGAGGATTTTATATGAAAGAACAAAC

AAAGAAAAGAACTAAACCGGAATGAGAATATGAAGTTAGTCTAGTC  
 AAAGCATTGAAAAATTCCTATGAGAATATAGAAGAAATAAAAATCACACA  
 TCCTGTTTCAACTGAAATTCCTGGAGATTGGCATTGTACTGTAAAGATTT  
 CATTTAATGATAAAAAATCTATTGTTTATAATATACACATAATTTGGAA  
 TCGAAAAAATTTATAGCGGAAATTTAATGAAAAAATATGAATTTTTT  
 TGATTCAAGAAATGGTAAACAAAAAATATAAAATTTATTTTTTCAG  
 ATGtCAGGAGAAGATACAA

PRETTY of: /biotmp/msa75400.2(\*) March 10, 2003 09:56 ..

	1				50
msa75400.2{286_090}	-----	-----	-----	-----	-----
msa75400.2{286_CJB110}	-----	-----	-----	-----	-----
msa75400.2{286_18RS21}	-----	-----	-----	-----	-----
msa75400.2{286_2603}	atgaaaaaga	gtacccaaat	aatactacta	atagttgcat	tattcatact
msa75400.2{286_A909}	-----	-----	-----	-----	-----
msa75400.2{286_H36B}	-----	-----	-----	-----	-----
msa75400.2{286_JM9130013}	-----	-----	-----	-----	-----
msa75400.2{286_M781}	-----	-----	-----	-----	-----
msa75400.2{286_1169NT}	-----	-----	-----	-----	-----
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
	51				100
msa75400.2{286_090}	-----	GGAGGATTTT	ATATGAAAGA	ACAACAAAGA	AAAGAAGAAC
msa75400.2{286_CJB110}	-----	GGAGGATTTT	ATATGAAAGA	ACAACAAAGA	AAAGAAGAAC
msa75400.2{286_18RS21}	-----	GGAGGATTTT	ATATGAAAGA	ACAACAAAGA	AAAGAAGAAC
msa75400.2{286_2603}	tggttttagc	GGAGGATTTT	ATATGAAAGA	ACAACAAAGA	AAAGAAGAAC
msa75400.2{286_A909}	-----	GGAGGATTTT	ATATGAAAGA	ACAACAAAGA	AAAGAAGAAC
msa75400.2{286_H36B}	-----	GGAGGATTTT	ATATGAAAGA	ACAACAAAGA	AAAGAAGAAC
msa75400.2{286_JM9130013}	-----	GGAGGATTTT	ATATGAAAGA	ACAACAAAGA	AAAGAAGAAC
msa75400.2{286_M781}	-----	GGAGGATTTT	ATATGAAAGA	ACAACAAAGA	AAAGAAGAAC
msa75400.2{286_1169NT}	-----	GGAGGATTTT	ATATGAAAGA	ACAACAAAGA	AAAGAAGAAC
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
	101				150
msa75400.2{286_090}	TAAACCGGAA	TCGAGAATAT	GAAGTTAGTC	TAGTCAAAGC	ATTGAAAAAT
msa75400.2{286_CJB110}	TAAACCGGAA	TCGAGAATAT	GAAGTTAGTC	TAGTCAAAGC	ATTGAAAAAT
msa75400.2{286_18RS21}	TAAACCGGAA	TCGAGAATAT	GAAGTTAGTC	TAGTCAAAGC	ATTGAAAAAT
msa75400.2{286_2603}	TAAACCGGAA	TCGAGAATAT	GAAGTTAGTC	TAGTCAAAGC	ATTGAAAAAT
msa75400.2{286_A909}	TAAACCGGAA	TCGAGAATAT	GAAGTTAGTC	TAGTCAAAGC	ATTGAAAAAT
msa75400.2{286_H36B}	TAAACCGGAA	TCGAGAATAT	GAAGTTAGTC	TAGTCAAAGC	ATTGAAAAAT
msa75400.2{286_JM9130013}	TAAACCGGAA	TCGAGAATAT	GAAGTTAGTC	TAGTCAAAGC	ATTGAAAAAT
msa75400.2{286_M781}	TAAACCGGAA	TCGAGAATAT	GAAGTTAGTC	TAGTCAAAGC	ATTGAAAAAT
msa75400.2{286_1169NT}	TAAACCGGAA	TCGAGAATAT	GAAGTTAGTC	TAGTCAAAGC	ATTGAAAAAT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
	151				200
msa75400.2{286_090}	TCCTATGAGA	ATATAGAAGA	AATAAAAAATC	ACACATCCTG	TTTCAACTGA
msa75400.2{286_CJB110}	TCCTATGAGA	ATATAGAAGA	AATAAAAAATC	ACACATCCTG	TTTCAACTGA
msa75400.2{286_18RS21}	TCCTATGAGA	ATATAGAAGA	AATAAAAAATC	ACACATCCTG	TTTCAACTGA
msa75400.2{286_2603}	TCCTATGAGA	ATATAGAAGA	AATAAAAAATC	ACACATCCTG	TTTCAACTGA
msa75400.2{286_A909}	TCCTATGAGA	ATATAGAAGA	AATAAAAAATC	ACACATCCTG	TTTCAACTGA
msa75400.2{286_H36B}	TCCTATGAGA	ATATAGAAGA	AATAAAAAATC	ACACATCCTG	TTTCAACTGA
msa75400.2{286_JM9130013}	TCCTATGAGA	ATATAGAAGA	AATAAAAAATC	ACACATCCTG	TTTCAACTGA
msa75400.2{286_M781}	TCCTATGAGA	ATATAGAAGA	AATAAAAAATC	ACACATCCTG	TTTCAACTGA
msa75400.2{286_1169NT}	TCCTATGAGA	ATATAGAAGA	AATAAAAAATC	ACACATCCTG	TTTCAACTGA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
	201				250
msa75400.2{286_090}	AATTCCTGGA	GATTGGCAIT	GTACTGTAAA	GATTTCAITTT	AATGATAAAA
msa75400.2{286_CJB110}	AATTCCTGGA	GATTGGCAIT	GTACTGTAAA	GATTTCAITTT	AATGATAAAA
msa75400.2{286_18RS21}	AATTCCTGGA	GATTGGCAIT	GTACTGTAAA	GATTTCAITTT	AATGATAAAA
msa75400.2{286_2603}	AATTCCTGGA	GATTGGCAIT	GTACTGTAAA	GATTTCAITTT	AATGATAAAA
msa75400.2{286_A909}	AATTCCTGGA	GATTGGCAIT	GTACTGTAAA	GATTTCAITTT	AATGATAAAA
msa75400.2{286_H36B}	AATTCCTGGA	GATTGGCAIT	GTACTGTAAA	GATTTCAITTT	AATGATAAAA
msa75400.2{286_JM9130013}	AATTCCTGGA	GATTGGCAIT	GTACTGTAAA	GATTTCAITTT	AATGATAAAA
msa75400.2{286_M781}	AATTCCTGGA	GATTGGCAIT	GTACTGTAAA	GATTTCAITTT	AATGATAAAA
msa75400.2{286_1169NT}	AATTCCTGGA	GATTGGCAIT	GTACTGTAAA	GATTTCAITTT	AATGATAAAA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
	251				300
msa75400.2{286_090}	AATCTATTGT	TTATAATATT	ACACATAATT	TGGAATCGAA	AAAAAATTAT
msa75400.2{286_CJB110}	AATCTATTGT	TTATAATATT	ACACATAATT	TGGAATCGAA	AAAAAATTAT
msa75400.2{286_18RS21}	AATCTATTGT	TTATAATATT	ACACATAATT	TGGAATCGAA	AAAAAATTAT

Table 65: Comparative Sequences relating to SAG0231

msa75400.2{286_2603}	AATCTATTGT	TTATAATATT	ACACATAATT	TGGAATCGAA	AAAAAATTAT
msa75400.2{286_A909}	AATCTATTGT	TTATAATATT	ACACATAATT	TGGAATCGAA	AAAAAATTAT
msa75400.2{286_H36B}	AATCTATTGT	TTATAATATT	ACACATAATT	TGGAATCGAA	AAAAAATTAT
msa75400.2{286_JM9130013}	AATCTATTGT	TTATAATATT	ACACATAATT	TGGAATCGAA	AAAAAATTAT
msa75400.2{286_M781}	AATCTATTGT	TTATAATATT	ACACATAATT	TGGAATCGAA	AAAAAATTAT
msa75400.2{286_1169NT}	AATCTATTGT	TTATAATATT	ACACATAATT	TGGAATCGAA	AAAAAATTAT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa75400.2{286_090}	AGcGGAAAT	TTAATGAAAA	AAATATGAAT	TTTTTTGATT	CAAGAATTGG
msa75400.2{286_CJB110}	AGcGGAAAT	TTAATGAAAA	AAATATGAAT	TTTTTTGATT	CAAGAATTGG
msa75400.2{286_18RS21}	AGcGGAAAT	TTAATGAAAA	AAATATGAAT	TTTTTTGATT	CAAGAATTGG
msa75400.2{286_2603}	AGcGGAAAT	TTAATGAAAA	AAATATGAAT	TTTTTTGATT	CAAGAATTGG
msa75400.2{286_A909}	AGcGGAAAT	TTAATGAAAA	AAATATGAAT	TTTTTTGATT	CAAGAATTGG
msa75400.2{286_H36B}	AGcGGAAAT	TTAATGAAAA	AAATATGAAT	TTTTTTGATT	CAAGAATTGG
msa75400.2{286_JM9130013}	AGcGGAAAT	TTAATGAAAA	AAATATGAAT	TTTTTTGATT	CAAGAATTGG
msa75400.2{286_M781}	AGcGGAAAT	TTAATGAAAA	AAATATGAAT	TTTTTTGATT	CAAGAATTGG
msa75400.2{286_1169NT}	AGcGGAAAT	TTAATGAAAA	AAATATGAAT	TTTTTTGATT	CAAGAATTGG
Consensus	**-----*	*****	*****	*****	*****
msa75400.2{286_090}	TAAAACAAAA	AAACTATAA	AAATTATTTT	TTCAGATGGT	CAGGAGAAGA
msa75400.2{286_CJB110}	TAAAACAAAA	AAACTATAA	AAATTATTTT	TTCAGATGGT	CAGGAGAAGA
msa75400.2{286_18RS21}	TAAAACAAAA	AAACTATAA	AAATTATTTT	TTCAGATGGT	CAGGAGAAGA
msa75400.2{286_2603}	TAAAACAAAA	AAACTATAA	AAATTATTTT	TTCAGATGGT	CAGGAGAAGA
msa75400.2{286_A909}	TAAAACAAAA	AAACTATAA	AAATTATTTT	TTCAGATGGT	CAGGAGAAGA
msa75400.2{286_H36B}	TAAAACAAAA	AAACTATAA	AAATTATTTT	TTCAGATGGT	CAGGAGAAGA
msa75400.2{286_JM9130013}	TAAAACAAAA	AAACTATAA	AAATTATTTT	TTCAGATGGT	CAGGAGAAGA
msa75400.2{286_M781}	TAAAACAAAA	AAACTATAA	AAATTATTTT	TTCAGATGGT	CAGGAGAAGA
msa75400.2{286_1169NT}	TAAAACAAAA	AAACTATAA	AAATTATTTT	TTCAGATGGT	CAGGAGAAGA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa75400.2{286_090}	TACAA				
msa75400.2{286_CJB110}	TACAA				
msa75400.2{286_18RS21}	TACAA				
msa75400.2{286_2603}	TACAA				
msa75400.2{286_A909}	TACAA				
msa75400.2{286_H36B}	TACAA				
msa75400.2{286_JM9130013}	TACAA				
msa75400.2{286_M781}	TACAA				
msa75400.2{286_1169NT}	TACAA				
Consensus	*****				
SEQ ID NO. 6510					
STRAIN 2603 frame: 1					
MKKSTQI ILLIVALFILVFSGGFYMKEQQRKEELKRNREYEVSLVKALKNSYENIEEIKI					
THPVSTIPIGDWHCTVKISFNDKKSIVYNI THNLESKKNSYSGKFNEKNMNFDSRIGKTK					
KTIKIIFSDGQEKIQ					
SEQ ID NO. 6511					
STRAIN 090					
GGFYMKEQQRKEELKRNREYEVSLVKALKNSYENIEEIKITHPVSTIPIGD					
WHCTVKISFNDKKSIVYNI THNLESKKNSYSGKFNEKNMNFDSRIGKTKTKTIKIIFSDGQ					
EKIQ					
SEQ ID NO. 6512					
STRAIN A909					
GGFYMKEQQRKEELKRNREYEVSLVKALKNSYENIEEIKITHPVSTIPIGDWH					
CTVKISFNDKKSIVYNI THNLESKKNSYSGKFNEKNMNFDSRIGKTKTKTIKIIFSDGQEK					
IQ					
SEQ ID NO. 6513					
STRAIN H36B					
GGFYMKEQQRKEELKRNREYEVSLVKALKNSYENIEEIKITHPVSTIPIGD					
WHCTVKISFNDKKSIVYNI THNLESKKNSYSGKFNEKNMNFDSRIGKTKTKTIKIIFSDGQ					
EKIQ					
SEQ ID NO. 6514					
STRAIN 18RS21					
GGFYMKEQQRKEELKRNREYEVSLVKALKNSYENIEEIKITHPVSTIPIGDW					
HCTVKISFNDKKSIVYNI THNLESKKNSYSGKFNEKNMNFDSRIGKTKTKTIKIIFSDGQEK					
KIQ					
SEQ ID NO. 6515					
STRAIN CJB110					
GGFYMKEQQRKEELKRNREYEVSLVKALKNSYENIEEIKITHPVSTIPIGDWHCTVK					
ISFNDKKSIVYNI THNLESKKNSYSGKFNEKNMNFDSRIGKTKTKTIKIIFSDGQEKIQ					
SEQ ID NO. 6516					
STRAIN JM9130013					
GGFYMKEQQRKEELKRNREYEVSLVKALKNSYENIEEIKITHPVSTIPIGDW					

Table 65: Comparative Sequences relating to SAG0231

HCTVKISFNDKKSIVYNITHNLESKKNYSGKFNEKNMNFDSRIGTKTKTIKIIFSDGQE  
KIQ

SEQ ID NO. 6517

STRAIN 1169NT frame: 1

GGFYMKEQQRKEELKRNREYEVSLVKALKNSYENIEEIKITHPVSTEIPGDWHCTVKISF  
NDKKSIVYNITHNLESKKNYSGKFNEKNMNFDSRIGTKTKTKTIKIIFSDGQEKIQ

SEQ ID NO. 6518

STRAIN M781 frame: 1

GGFYMKEQQRKEELKRNREYEVSLVKALKNSYENIEEIKITHPVSTEIPGDWHCTVKISF  
NDKKSIVYNITHNLESKKNYSGKFNEKNMNFDSRIGTKTKTKTIKIIFSDGQEKIQ

PRETTY of: /biotmp/msa75376.2{\*} March 10, 2003 10:01 ..

```

      msa75376.2{286_090}      1
msa75376.2{286_1169NT}      ----- GGFYMKEQQR KEELKRNREY EVSLVKALKN 50
msa75376.2{286_18RS21}      ----- GGFYMKEQQR KEELKRNREY EVSLVKALKN
msa75376.2{286_2603}      ----- GGFYMKEQQR KEELKRNREY EVSLVKALKN
msa75376.2{286_A909}      ----- GGFYMKEQQR KEELKRNREY EVSLVKALKN
msa75376.2{286_CJB110}      ----- GGFYMKEQQR KEELKRNREY EVSLVKALKN
msa75376.2{286_H36B}      ----- GGFYMKEQQR KEELKRNREY EVSLVKALKN
msa75376.2{286_JM9130013}      ----- GGFYMKEQQR KEELKRNREY EVSLVKALKN
msa75376.2{286_M781}      ----- GGFYMKEQQR KEELKRNREY EVSLVKALKN
      Consensus      *****
msa75376.2{286_090}      51
msa75376.2{286_1169NT}      SYENIEEIKI THPVSTEIPG DWHCTVKISF NDKKSIVYNI THNLESKKNY 100
msa75376.2{286_18RS21}      SYENIEEIKI THPVSTEIPG DWHCTVKISF NDKKSIVYNI THNLESKKNY
msa75376.2{286_2603}      SYENIEEIKI THPVSTEIPG DWHCTVKISF NDKKSIVYNI THNLESKKNY
msa75376.2{286_A909}      SYENIEEIKI THPVSTEIPG DWHCTVKISF NDKKSIVYNI THNLESKKNY
msa75376.2{286_CJB110}      SYENIEEIKI THPVSTEIPG DWHCTVKISF NDKKSIVYNI THNLESKKNY
msa75376.2{286_H36B}      SYENIEEIKI THPVSTEIPG DWHCTVKISF NDKKSIVYNI THNLESKKNY
msa75376.2{286_JM9130013}      SYENIEEIKI THPVSTEIPG DWHCTVKISF NDKKSIVYNI THNLESKKNY
msa75376.2{286_M781}      SYENIEEIKI THPVSTEIPG DWHCTVKISF NDKKSIVYNI THNLESKKNY
      Consensus      *****
      msa75376.2{286_090}      101
msa75376.2{286_1169NT}      SGkFNEKNMN FFDSRIGTKT KTIKIIFSDG QEKIQ 135
msa75376.2{286_18RS21}      SGkFNEKNMN FFDSRIGTKT KTIKIIFSDG QEKIQ
msa75376.2{286_2603}      SGkFNEKNMN FFDSRIGTKT KTIKIIFSDG QEKIQ
msa75376.2{286_A909}      SGkFNEKNMN FFDSRIGTKT KTIKIIFSDG QEKIQ
msa75376.2{286_CJB110}      SGkFNEKNMN FFDSRIGTKT KTIKIIFSDG QEKIQ
msa75376.2{286_H36B}      SGkFNEKNMN FFDSRIGTKT KTIKIIFSDG QEKIQ
msa75376.2{286_JM9130013}      SGkFNEKNMN FFDSRIGTKT KTIKIIFSDG QEKIQ
msa75376.2{286_M781}      SGkFNEKNMN FFDSRIGTKT KTIKIIFSDG QEKIQ
      Consensus      **-*****

```

Table 66: Comparative Sequences relating to SAG 0754

SEQ ID NO. 6601

STRAIN 2603

TTGACAAGGCATATAAAAAATTTCTATACTAAATTTACAAAATGAAGGAGAGGGAACATG  
GAAATACTGATTGCAGGTGGTAGTGGTTTTTTAGGAAAGCAGATAATAAAGCAGCGCTT  
ACAAAAGGGCATAAAGTGGCTTACTTATCAAGACATGAAGGTAAAGGTGATATATTTAAG  
GATCCTAGATTAACTACATTAGGGGAGATATTACAGAAGCTGATAAGATTCATTAGAA  
GACAGAACTTTTGATATATTAATTGACTGTATTGGAGCGATTAAAGCCCAATCAACTAGAT  
GAGCTTAAACGTTAAAGCAACCCAAAAGCAGTAGCACTCTGTCAAAAAATCAAATACCA  
AAGTTAGTTTATATTTACAGCCAACAGCGGCTATTAGCTTACATTAAAGTAAAGGAAG  
GCAGAGCAGATAATCAAAGCAAGCGGCTCTGGATTATCTTTTGTAAAGACCAGGTTTGATG  
TATGGTGAAGAGCGACCTCTCTCGATTTCGAAGCCAAGTGTATAAAGTTATTTAGTCAT  
TTGCCTTTCTTAGGTATTGTTGTACAAAAGGTCTTTCCAACCTAAGGTTGTGATAGTGGCA  
GAAGCAATCGTTACTACGCTTAGGAAAAACCAACCCAAAAATCCTTTCTATTGAAGAA  
TTAATAATAAA

SEQ ID NO. 6602

STRAIN 090

ACAAGGCATATAAAAAATTTCTATACTAAATTTACAAAAT  
GAAGGAGAGGGAACATATGGAATACTGATTGCAGGTGGTAGTGGTTTTTT  
AGGAAAGCAGATAATAAAGCAGCGCTTACAAAAGGGCATAAAGTGGCTT  
ACTTATCAAGACATGAAGGTAAAGGTGATATATTTAAGGATCCTAGATTA  
ACCTACATTAGGGGAGATATTACAGAAGCTGATAAGATTCATTTAGAAGA  
CAGAACCTTTTGATATATTAATTGACTGTATTGGAGCGATTAAAGCCCAATC  
AATAGATGAGCTTAAACGTTAAAGCAACCCAAAAGCAGTAGCACTCTGT  
CACAAAATCAAATACCAAGTTAGTTTATATTTACAGCCAACAGCGGCTA  
TTCAGCTTACATTAAAGTAAAGGAAGGCAGAGCAGATAATCAAAGCAA  
CGGCTCTGGATTATCTTTTGTAAAGACCAGGTTTGATGTATGGTGAAGAG  
CGACCTCTCTCGATTTCGAAGCCAAGTGTATAAAGTTATTTAGTCATTT  
GCCTTTCTTAGGTATTGTTGTACAAAAGGTCTTTCCAACCTAAGGTTGTGA  
TAGTGGCAGAAGCAATCGTTACTACGCTTAGGAAAAACCAACCCAAAAA  
ATCCTTTCTATTGAAGAATTAAATAATAAA

SEQ ID NO. 6603

STRAIN A909

ACAAGGCATATAAAAAATTTCTATACTAAATTTACAAAATG  
AAGGAGAGGGAACATATGGAATACTGATTGCAGGTGGTAGTGGTTTTTTA  
GGAAGCAGATAATAAAGCAGCGCTTACAAAAGGGCATAAAGTGGCTT  
CTTATCAAGACATGAAGGTAAAGGTGATATATTTAAGGATCCTAGATTAA  
CCTACATTAGGGGAGATATTACAGAAGCTGATAAGATTCATTTAGAAGAC  
AGAACCTTTTGATATATTAATTGACTGTATTGGAGCGATTAAAGCCCAATCA  
ACTAGATGAGCTTAAACGTTAAAGCAACCCAAAAGCAGTAGCACTCTGT  
ACAAAATCAAATACCAAGTTAGTTTATATTTACAGCCAACAGCGGCTAT  
TCAGCTTACATTAAAGTAAAGGAAGGCAGAGCAGATAATCAAAGCAAG  
CGGCTCTGGATTATCTTTTGTAAAGACCAGGTTTGATGTATGGTGAAGAGC  
GACCTCTCTCGATTTCGAAGCCAAGTGTATAAAGTTATTTAGTCATTTG  
CCTTTCTTAGGTATTGTTGTACAAAAGGTCTTTCCAACCTAAGGTTGTGAT  
AGTGGCAGAAGCAATCGTTACTACGCTTAGGAAAAACCAACCCAAAAA  
TCCTTTCTATTGAAGAATTAAATAATAAA

SEQ ID NO. 6604

STRAIN H36B

TATAAAAAATTTCTATACTAAATTTACAAAATGAAGGAGAGGGAACATG  
AAATACTGATTGCAGGTGGTAGTGGTTTTTTAGGAAAGCAGATAATAAAA  
GCAGCGCTTACAAAAGGGCATAAAGTGGCTTACTTATCAAGACATGAAGG  
TAAAGGTGATATATTTAAGGATCCTAGATTAACTACATTAGGGGAGATA  
TTACAGAAGCTGATAAGATTCATTTAGAAGACAGAACCTTTTGATATATTA  
ATTGACTGTATTGGAGCGATTAAAGCCCAATCAACTAGATGAGCTTAAACGT  
TAAAGCAACCCAAAAGCAGTAGCACTCTGTCAAAAAATCAAATACCAA  
AGTTAGTTTATATTTACAGCCAACAGCGGCTATTAGCTTACATTAAAGT  
AAAAGGAAGGCAGAGCAGATAATCAAAGCAAGCGGCTCTGGATTATCTTT  
TGTAAGACCAGGTTTGATGTATGGTGAAGAGCGACCTCTCTCGATTTC  
AAGCCAAGTGTATAAAGTTATTTAGTCATTTGCTTTCTTAGGTATTGTT  
GTACAAAAGGTCTTTCCAACCTAAGGTTGTGATAGTGGCAGAAGCAATCGT  
TACTACGCTTAGGAAAAACCAACCCAAAAATCCTTTCTATTGAAGAAT  
TAAATAATAAA

SEQ ID NO. 6605

STRAIN 18RS21

ACAAGGCATATAAAAAATTTCTATACTAAATTTACAAAAT  
GAAGGAGAGGGAACATATGGAATACTGATTGCAGGTGGTAGTGGTTTTTT  
AGGAAAGCAGATAATAAAGCAGCGCTTACAAAAGGGCATAAAGTGGCTT  
ACTTATCAAGACATGAAGGTAAAGGTGATATATTTAAGGATCCTAGATTA  
ACCTACATTAGGGGAGATATTACAGAAGCTGATAAGATTCATTTAGAAGA  
CAGAACCTTTTGATATATTAATTGACTGTATTGGAGCGATTAAAGCCCAATC  
AATAGATGAGCTTAAACGTTAAAGCAACCCAAAAGCAGTAGCACTCTGT  
CACAAAATCAAATACCAAGTTAGTTTATATTTACAGCCAACAGCGGCTA  
TTCAGCTTACATTAAAGTAAAGGAAGGCAGAGCAGATAATCAAAGCAA  
CGGCTCTGGATTATCTTTTGTAAAGACCAGGTTTGATGTATGGTGAAGAG  
CGACCTCTCTCGATTTCGAAGCCAAGTGTATAAAGTTATTTAGTCATTT  
GCCTTTCTTAGGTATTGTTGTACAAAAGGTCTTTCCAACCTAAGGTTGTGA  
TAGTGGCAGAAGCAATCGTTACTACGCTTAGGAAAAACCAACCCAAAAA  
ATCCTTTCTATTGAAGAATTAAATAATAAA

Table 66: Comparative Sequences relating to SAG 0754

SEQ ID NO. 6606

STRAIN M732

CAAAATGAAGGAGAGGGAACCTATGGAAATCTGATTGCAGGTGGTAGTGG  
 TTTTCTAGGGAAGCAGATAATAAAGCAGCGCTTACAAAAGGGCATAAGG  
 TGGCTTACTTATCAAGGCATGAAGGTAAAGGTGATATATTTAAGGATCCT  
 AGATTAAACCTACATTAAAGGAGATATTACAGAAGCTGATAAGATTCAATT  
 AGaACATAGAAATTTTGATATATTAAATTGACTGTATTGGAGCGATTAAAGC  
 CCAATCACTAGATGAGCTTAACGTTAAAGCAACCCAAAAAGCAGTAGCA  
 CTCTGTCAAAAAATCAAATACCAAGTTAGTTTACATTTTCAGCCATAG  
 CGGCTATTACGCTTACATTAAAGTAAAGGAAGGCAGAGCAGATAATCA  
 AAGCAAGCGGTCTGGATTATCTTTTGTAAAGACCAGGTTTGATGTATGGT  
 GAAGAGCGACTCTCTCGATTTCCTCAAGCCAGTGTATAAAATTTATTAG  
 TCATTTGCCTTTCTTAGGTATTGTTGTACAAAAGTCTTTCCAACTAAGG  
 TTGTGATAGTGGCAGAAGCAATCGTTACTTCGCTTAGGAAAAAACCAACT  
 CAAAAATCCTTTCTATTGAAGAATTAAATAATAAA

SEQ ID NO. 6607

STRAIN COH1

ACAAGGCATATAAAAAATTTCTATACTAAATTTAC  
 AAAATGAAGGAGAGGGAACCTATGGAAATCTGATTGCAGGTGGTAGTGGT  
 TTTCTAGGGAAGCAGATAATAAAGCAGCGCTTACAAAAGGGCATAAGGT  
 GGCTTACTTATCAAGGCATGAAGGTAAAGGTGATATATTTAAGGATCCTA  
 GATTAACCTACATTAAAGGAGATATTACAGAAGCTGATAAGATTCAATTA  
 GAACATAGAAATTTTGATATATTAAATTGACTGTATTGGAGCGATTAAAGCC  
 CAATCACTAGATGAGCTTAACGTTAAAGCAACCCAAAAAGCAGTAGCAC  
 TCTGTCAAAAAATCAAATACCAAGTTAGTTTACATTTTCAGCCATAGC  
 GGCTATTTCAGCTTACATTAAAGTAAAGGAAGGCAGAGCAGATAATCAA  
 AGCAAGCGGTCTGGATTATCTTTTGTAAAGACCAGGTTTGATGTATGGTG  
 AAGAGCGACTCTCTCGATTTCCTCAAGCCAGTGTATAAAATTTATTAGT  
 CATTTGCCTTTCTTAGGTATTGTTGTACAAAAGTCTTTCCAACTAAGGT  
 TTGTGATAGTGGCAGAAGCAATCGTTACTTCGCTTAGGAAAAAACCAACTC  
 AAAAAATCCTTTCTATTGAAGAATTAAATAATAAA

SEQ ID NO. 6608

STRAIN M781

ACAAGGCATATAAAAAATTTCTATACTAAATTTaCA  
 AAATGAAGGAGAGGGAACCTATGGAAATCTGATTGCAGGTGGTAGTGGT  
 TTCTAGGGAAGCAGATAATAAAGCAGCGCTTACAAAAGGGCATAAGGTG  
 GCTTACTTATCAAGGCATGAAGGTAAAGGTGATATATTTAAGGATCCTAG  
 ATTAACCTACATTAAAGGAGATATTACAGAAGCTGATAAGATTCAATTAG  
 AACATAGAAATTTTGATATATTAAATTGACTGTATTGGAGCGATTAAAGCCC  
 AATCACTAGATGAGCTTAACGTTAAAGCAACCCAAAAAGCAGTAGCACT  
 CTGTCAAAAAATCAAATACCAAGTTAGTTTACATTTTCAGCCATAGCG  
 GCTATTTCAGCTTACATTAAAGTAAAGGAAGGCAGAGCAGATAATCAA  
 GCAAGCGGTCTGGATTATCTTTTGTAAAGACCAGGTTTGATGTATGGTGA  
 AGAGCGACTCTCTCGATTTCCTCAAGCCAGTGTATAAAATTTATTAGTC  
 ATTTGCCTTTCTTAGGTATTGTTGTACAAAAGTCTTTCCAACTAAGGT  
 GTGATAGTGGCAGAAGCAATCGTTACTTCGCTTAGGAAAAAACCAACTCA  
 AAAAAATCCTTTCTATTGAAGAATTAAATAATAAA

SEQ ID NO. 6609

STRAIN 1169NT

ACAAGGCATATAAAAAATTTCTATACTAAATTTACAAA  
 ATGAAGGAGAGGGAACCTATGGAAATCTGATTGCAGGTGGTAGTGGTTTT  
 TTAGGAAAGCAGATAATAAAGCAGCGCTTACAAAAGGGCATAAGTTGGC  
 TTACTTATCAAGACATGAAGGTAAAGGTGATATATTTAAGGATCCTAGAT  
 TAACCTACATTAAAGGAGATATTACAGAAGCTGATAAGATTCAATTAGAA  
 GACAGAACTTTTGATATATTAAATTGACTGTATTGGAGCGATTAAAGCCAA  
 TCACTAGATGAGCTTAACGTTAAAGCAACCCAAAAAGCAGTAGCACTCT  
 GTCACAAAAATCAAATACCAAGTTAGTTTACATTTTCAGCCAAACAGCGGC  
 TATTTCAGCTTACATTAGAAGTAAAGGAAGGCAGAGCAGATAATCAAAGC  
 AAGCGGTCTGGATTATCTTTTGTAAAGACCAGGTTTGATGTATGGTGAAG  
 AGCGACCTCTCTCGATTTCCTCAAGCCAGTGTATAAAATTTATTAGTCAT  
 TTGCCTTTCTTAGGTATTGTTGTACAAAAGTCTTTCCAACTAAGGTGAT  
 GATAGTGGCAGAAGCAATCGTTACTACGCTTAGGACAAAACCAACTCAA  
 AAATCCTTTCTATTGAAGAATTAAATAATAAA

SEQ ID NO. 6610

STRAIN CJB110

ACAAGGCATATAAAAAATTTCTATACTAAATTTACAAA  
 ATGAAGGAGAGGGAACCTATGGAAATCTGATTGCAGGTGGTAGTGGTTTT  
 TTAGGAAAGCAGATAATAAAGCAGCGCTTACAAAAGGGCATAAAGTGGC  
 TTACTTATCAAGACATGAAGGTAAAGGTGATATATTTAAGGATCCTAGAT  
 TAACCTACATTAAAGGAGATATTACAGAAGCTGATAAGATTCAATTAGAA  
 GACAGAACTTTTGATATATTAAATTGACTGTATTGGAGCGATTAAAGCCAA  
 TCACTAGATGAGCTTAACGTTAAAGCAACCCAAAAAGCAGTAGCACTCT  
 GTCACAAAAATCAAATACCAAGTTAGTTTATATTTTCAGCCAAACAGCGGC  
 TATTTCAGCTTACATTAAAGTAAAGGAAGGCAGAGCAGATAATCAAAGC  
 AAGCGGTCTGGATTATCTTTTGTAAAGACCAGGTTTGATGTATGGTGAAG  
 AGCGACCTCTCTCGATTTCCTCAAGCCAGTGTATAAAGTTATTTAGTCAT  
 TTGCCTTTCTTAGGTATTGTTGTACAAAAGTCTTTCCAACTAAGGTGAT  
 GATAGTGGCAGAAGCAATCGTTACTACGCTTAGGACAAAACCAACTCAA  
 AAATCCTTTCTATTGAAGAATTAAATAATAAA



Table 66: C mparative Sequences relating to SAG 0754

SEQ ID NO. 6611

STRAIN JM9130013

ACAAGGCATATAAAATTTCTATACTAAATTTACAAAATG  
 AAGGAGGGGAAGCTATGGAAATACTGATTGTCAGGTGGTAGTGGTTTTTTA  
 GGAAAGCAGATAATAAAGCAGCGCTTACAAAAGGGCATAAAGTGGCTTA  
 CTTATCAAGACATGAAGGTAAAGGTGATATATTTAAGGATCCTAGATTAA  
 CcTACATTAGGGGAGATATTACAGAAGCTGATAAGATTCAATTTAGAAGAC  
 AGAAGCTTTTATATATTAATTGACTGTATTGGAGCGATTAAGCCCAATCA  
 ACTAGATGAGCTTAAAGCTTAAAGCAACCCAAAAGCAGTAGCACTCTGTC  
 ACAAAAATCAAATACCAAGTTAGTTTATATTTTTCAGCCACAGCGGCTAT  
 TCAGCTTACATTAAAGTAAAGGAAGGCAGAGCAGATAATCAAAGCAAG  
 CGGTCTGGATTATCTTTTGTAAAGACAGGTTTGTATGTTGGTGAAGAGC  
 GACCTCTCTCGATTTCGAAGCCAAAGTGTATAAGTTATTTAGTCATTTG  
 CCCTTCTTAGTATTGTTGTACAAAAGGTCTTTCCAAGTAAAGTTGTGAT  
 AGTGGCAGAAAGCAATCGTTACTACGCTTAGGAAAAAACCAACCCAAAAA  
 TCCTTTCTATGAAGAATTAAATAATAA

PRETTY of: /biotmp/msal37119.2(\*) April 10, 2003 03:30 ..

	1		50
msal37119.2{303_COH1}	---acaaggc atataaaaaat ttctatacta aatttaCAAA ATGAAGGAGA		
msal37119.2{303_M732}	-----CAAA ATGAAGGAGA		
msal37119.2{303_m781}	---acaaggc atataaaaaat ttctatacta aatttaCAAA ATGAAGGAGA		
msal37119.2{303_090}	---acaaggc atataaaaaat ttctatacta aatttaCAAA ATGAAGGAGA		
msal37119.2{303_18RS21}	---acaaggc atataaaaaat ttctatacta aatttaCAAA ATGAAGGAGA		
msal37119.2{303_2603}	ttgacaaggc atataaaaaat ttctatacta aatttaCAAA ATGAAGGAGA		
msal37119.2{303_A909}	---acaaggc atataaaaaat ttctatacta aatttaCAAA ATGAAGGAGA		
msal37119.2{303_CJB110}	---acaaggc atataaaaaat ttctatacta aatttaCAAA ATGAAGGAGA		
msal37119.2{303_H36B}	-----tataaaaaat ttctatacta aatttaCAAA ATGAAGGAGA		
msal37119.2{303_JM9130013}	---acaaggc atataaaaaat ttctatacta aatttaCAAA ATGAAGGAGA		
msal37119.2{303_1169NT}	---acaaggc atataaaaaat ttctatacta aatttaCAAA ATGAAGGAGA		
Consensus	***-----	-----****	*****
	51		100
msal37119.2{303_COH1}	GGGAAGCTATG GAAATACTGA TTGCAGGTGG TAGTGGTITT cTAGGgAAGC		
msal37119.2{303_M732}	GGGAAGCTATG GAAATACTGA TTGCAGGTGG TAGTGGTITT cTAGGgAAGC		
msal37119.2{303_m781}	GGGAAGCTATG GAAATACTGA TTGCAGGTGG TAGTGGTITT cTAGGgAAGC		
msal37119.2{303_090}	GGGAAGCTATG GAAATACTGA TTGCAGGTGG TAGTGGTITT cTAGGgAAGC		
msal37119.2{303_18RS21}	GGGAAGCTATG GAAATACTGA TTGCAGGTGG TAGTGGTITT cTAGGgAAGC		
msal37119.2{303_2603}	GGGAAGCTATG GAAATACTGA TTGCAGGTGG TAGTGGTITT cTAGGgAAGC		
msal37119.2{303_A909}	GGGAAGCTATG GAAATACTGA TTGCAGGTGG TAGTGGTITT cTAGGgAAGC		
msal37119.2{303_CJB110}	GGGAAGCTATG GAAATACTGA TTGCAGGTGG TAGTGGTITT cTAGGgAAGC		
msal37119.2{303_H36B}	GGGAAGCTATG GAAATACTGA TTGCAGGTGG TAGTGGTITT cTAGGgAAGC		
msal37119.2{303_JM9130013}	GGGAAGCTATG GAAATACTGA TTGCAGGTGG TAGTGGTITT cTAGGgAAGC		
msal37119.2{303_1169NT}	GGGAAGCTATG GAAATACTGA TTGCAGGTGG TAGTGGTITT cTAGGgAAGC		
Consensus	*****	*****	*****
	101		150
msal37119.2{303_COH1}	AGATAATAAA AGCAGCGCTT ACAAAAGGGC ATAAaggTGGC TTACTTATCA		
msal37119.2{303_M732}	AGATAATAAA AGCAGCGCTT ACAAAAGGGC ATAAaggTGGC TTACTTATCA		
msal37119.2{303_m781}	AGATAATAAA AGCAGCGCTT ACAAAAGGGC ATAAaggTGGC TTACTTATCA		
msal37119.2{303_090}	AGATAATAAA AGCAGCGCTT ACAAAAGGGC ATAAaggTGGC TTACTTATCA		
msal37119.2{303_18RS21}	AGATAATAAA AGCAGCGCTT ACAAAAGGGC ATAAaggTGGC TTACTTATCA		
msal37119.2{303_2603}	AGATAATAAA AGCAGCGCTT ACAAAAGGGC ATAAaggTGGC TTACTTATCA		
msal37119.2{303_A909}	AGATAATAAA AGCAGCGCTT ACAAAAGGGC ATAAaggTGGC TTACTTATCA		
msal37119.2{303_CJB110}	AGATAATAAA AGCAGCGCTT ACAAAAGGGC ATAAaggTGGC TTACTTATCA		
msal37119.2{303_H36B}	AGATAATAAA AGCAGCGCTT ACAAAAGGGC ATAAaggTGGC TTACTTATCA		
msal37119.2{303_JM9130013}	AGATAATAAA AGCAGCGCTT ACAAAAGGGC ATAAaggTGGC TTACTTATCA		
msal37119.2{303_1169NT}	AGATAATAAA AGCAGCGCTT ACAAAAGGGC ATAAaggTGGC TTACTTATCA		
Consensus	*****	*****	*****
	151		200
msal37119.2{303_COH1}	AGgCATGAAG GTAAAGGTGA TATATTTAAG GATCCTAGAT TAACCTACAT		
msal37119.2{303_M732}	AGgCATGAAG GTAAAGGTGA TATATTTAAG GATCCTAGAT TAACCTACAT		
msal37119.2{303_m781}	AGgCATGAAG GTAAAGGTGA TATATTTAAG GATCCTAGAT TAACCTACAT		
msal37119.2{303_090}	AGaCATGAAG GTAAAGGTGA TATATTTAAG GATCCTAGAT TAACCTACAT		
msal37119.2{303_18RS21}	AGaCATGAAG GTAAAGGTGA TATATTTAAG GATCCTAGAT TAACCTACAT		
msal37119.2{303_2603}	AGaCATGAAG GTAAAGGTGA TATATTTAAG GATCCTAGAT TAACCTACAT		
msal37119.2{303_A909}	AGaCATGAAG GTAAAGGTGA TATATTTAAG GATCCTAGAT TAACCTACAT		
msal37119.2{303_CJB110}	AGaCATGAAG GTAAAGGTGA TATATTTAAG GATCCTAGAT TAACCTACAT		
msal37119.2{303_H36B}	AGaCATGAAG GTAAAGGTGA TATATTTAAG GATCCTAGAT TAACCTACAT		
msal37119.2{303_JM9130013}	AGaCATGAAG GTAAAGGTGA TATATTTAAG GATCCTAGAT TAACCTACAT		
msal37119.2{303_1169NT}	AGaCATGAAG GTAAAGGTGA TATATTTAAG GATCCTAGAT TAACCTACAT		
Consensus	**-----	*****	*****
	201		250
msal37119.2{303_COH1}	TAAggGGAGAT ATTACAGAAG CTGATAAGAT TCATTTAGAA cAtAGAAaTT		
msal37119.2{303_M732}	TAAggGGAGAT ATTACAGAAG CTGATAAGAT TCATTTAGAA cAtAGAAaTT		
msal37119.2{303_m781}	TAAggGGAGAT ATTACAGAAG CTGATAAGAT TCATTTAGAA cAtAGAAaTT		
msal37119.2{303_090}	TAgGGGAGAT ATTACAGAAG CTGATAAGAT TCATTTAGAA gAcAGAAcTT		
msal37119.2{303_18RS21}	TAgGGGAGAT ATTACAGAAG CTGATAAGAT TCATTTAGAA gAcAGAAcTT		
msal37119.2{303_2603}	TAgGGGAGAT ATTACAGAAG CTGATAAGAT TCATTTAGAA gAcAGAAcTT		

Table 66: Comparative Sequences relating to SAG 0754

msa137119.2{303_A909}	TagGGGAGAT	ATTACAGAAG	CTGATAAGAT	TCATTTAGAA	gACAGAAcTT
msa137119.2{303_CJB110}	TagGGGAGAT	ATTACAGAAG	CTGATAAGAT	TCATTTAGAA	gACAGAAcTT
msa137119.2{303_H36B}	TagGGGAGAT	ATTACAGAAG	CTGATAAGAT	TCATTTAGAA	gACAGAAcTT
msa137119.2{303_JM9130013}	TagGGGAGAT	ATTACAGAAG	CTGATAAGAT	TCATTTAGAA	gACAGAAcTT
msa137119.2{303_1169NT}	TaaGGGAGAT	ATTACAGAAG	CTGATAAGAT	TCATTTAGAA	gACAGAAcTT
Consensus	*-*****	*****	*****	*****	-*--*****
251					
msa137119.2{303_COH1}	TTGATATATT	AATTGACTGT	ATTGGAGCGA	TTAAGCCCAA	TCAACTAGAT
msa137119.2{303_M732}	TTGATATATT	AATTGACTGT	ATTGGAGCGA	TTAAGCCCAA	TCAACTAGAT
msa137119.2{303_m781}	TTGATATATT	AATTGACTGT	ATTGGAGCGA	TTAAGCCCAA	TCAACTAGAT
msa137119.2{303_090}	TTGATATATT	AATTGACTGT	ATTGGAGCGA	TTAAGCCCAA	TCAACTAGAT
msa137119.2{303_18RS21}	TTGATATATT	AATTGACTGT	ATTGGAGCGA	TTAAGCCCAA	TCAACTAGAT
msa137119.2{303_2603}	TTGATATATT	AATTGACTGT	ATTGGAGCGA	TTAAGCCCAA	TCAACTAGAT
msa137119.2{303_A909}	TTGATATATT	AATTGACTGT	ATTGGAGCGA	TTAAGCCCAA	TCAACTAGAT
msa137119.2{303_CJB110}	TTGATATATT	AATTGACTGT	ATTGGAGCGA	TTAAGCCCAA	TCAACTAGAT
msa137119.2{303_H36B}	TTGATATATT	AATTGACTGT	ATTGGAGCGA	TTAAGCCCAA	TCAACTAGAT
msa137119.2{303_JM9130013}	TTGATATATT	AATTGACTGT	ATTGGAGCGA	TTAAGCCCAA	TCAACTAGAT
msa137119.2{303_1169NT}	TTGATATATT	AATTGACTGT	ATTGGAGCGA	TTAAGCCCAA	TCAACTAGAT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
301					
msa137119.2{303_COH1}	GAGCCTTAACG	TTAAAGCAAC	CCAAAAAGCA	GTAGCACTCT	GTCACAAAAA
msa137119.2{303_M732}	GAGCCTTAACG	TTAAAGCAAC	CCAAAAAGCA	GTAGCACTCT	GTCACAAAAA
msa137119.2{303_m781}	GAGCCTTAACG	TTAAAGCAAC	CCAAAAAGCA	GTAGCACTCT	GTCACAAAAA
msa137119.2{303_090}	GAGCCTTAACG	TTAAAGCAAC	CCAAAAAGCA	GTAGCACTCT	GTCACAAAAA
msa137119.2{303_18RS21}	GAGCCTTAACG	TTAAAGCAAC	CCAAAAAGCA	GTAGCACTCT	GTCACAAAAA
msa137119.2{303_2603}	GAGCCTTAACG	TTAAAGCAAC	CCAAAAAGCA	GTAGCACTCT	GTCACAAAAA
msa137119.2{303_A909}	GAGCCTTAACG	TTAAAGCAAC	CCAAAAAGCA	GTAGCACTCT	GTCACAAAAA
msa137119.2{303_CJB110}	GAGCCTTAACG	TTAAAGCAAC	CCAAAAAGCA	GTAGCACTCT	GTCACAAAAA
msa137119.2{303_H36B}	GAGCCTTAACG	TTAAAGCAAC	CCAAAAAGCA	GTAGCACTCT	GTCACAAAAA
msa137119.2{303_JM9130013}	GAGCCTTAACG	TTAAAGCAAC	CCAAAAAGCA	GTAGCACTCT	GTCACAAAAA
msa137119.2{303_1169NT}	GAGCCTTAACG	TTAAAGCAAC	CCAAAAAGCA	GTAGCACTCT	GTCACAAAAA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
351					
msa137119.2{303_COH1}	TCAAATACCA	AAGTTAGTTT	AcATTTCAGC	CAATAGCGGC	TATTTCAGCTT
msa137119.2{303_M732}	TCAAATACCA	AAGTTAGTTT	AcATTTCAGC	CAATAGCGGC	TATTTCAGCTT
msa137119.2{303_m781}	TCAAATACCA	AAGTTAGTTT	AcATTTCAGC	CAATAGCGGC	TATTTCAGCTT
msa137119.2{303_090}	TCAAATACCA	AAGTTAGTTT	AcATTTCAGC	CAATAGCGGC	TATTTCAGCTT
msa137119.2{303_18RS21}	TCAAATACCA	AAGTTAGTTT	AcATTTCAGC	CAATAGCGGC	TATTTCAGCTT
msa137119.2{303_2603}	TCAAATACCA	AAGTTAGTTT	AcATTTCAGC	CAATAGCGGC	TATTTCAGCTT
msa137119.2{303_A909}	TCAAATACCA	AAGTTAGTTT	AcATTTCAGC	CAATAGCGGC	TATTTCAGCTT
msa137119.2{303_CJB110}	TCAAATACCA	AAGTTAGTTT	AcATTTCAGC	CAATAGCGGC	TATTTCAGCTT
msa137119.2{303_H36B}	TCAAATACCA	AAGTTAGTTT	AcATTTCAGC	CAATAGCGGC	TATTTCAGCTT
msa137119.2{303_JM9130013}	TCAAATACCA	AAGTTAGTTT	AcATTTCAGC	CAATAGCGGC	TATTTCAGCTT
msa137119.2{303_1169NT}	TCAAATACCA	AAGTTAGTTT	AcATTTCAGC	CAATAGCGGC	TATTTCAGCTT
Consensus	*****	*****	*-*****	***-*****	*****
401					
msa137119.2{303_COH1}	ACATTaaAAG	TAAAAGGAAG	GCAGAGCAGA	TAATCAAAGC	AAGCGGTCTG
msa137119.2{303_M732}	ACATTaaAAG	TAAAAGGAAG	GCAGAGCAGA	TAATCAAAGC	AAGCGGTCTG
msa137119.2{303_m781}	ACATTaaAAG	TAAAAGGAAG	GCAGAGCAGA	TAATCAAAGC	AAGCGGTCTG
msa137119.2{303_090}	ACATTaaAAG	TAAAAGGAAG	GCAGAGCAGA	TAATCAAAGC	AAGCGGTCTG
msa137119.2{303_18RS21}	ACATTaaAAG	TAAAAGGAAG	GCAGAGCAGA	TAATCAAAGC	AAGCGGTCTG
msa137119.2{303_2603}	ACATTaaAAG	TAAAAGGAAG	GCAGAGCAGA	TAATCAAAGC	AAGCGGTCTG
msa137119.2{303_A909}	ACATTaaAAG	TAAAAGGAAG	GCAGAGCAGA	TAATCAAAGC	AAGCGGTCTG
msa137119.2{303_CJB110}	ACATTaaAAG	TAAAAGGAAG	GCAGAGCAGA	TAATCAAAGC	AAGCGGTCTG
msa137119.2{303_H36B}	ACATTaaAAG	TAAAAGGAAG	GCAGAGCAGA	TAATCAAAGC	AAGCGGTCTG
msa137119.2{303_JM9130013}	ACATTaaAAG	TAAAAGGAAG	GCAGAGCAGA	TAATCAAAGC	AAGCGGTCTG
msa137119.2{303_1169NT}	ACATTaaAAG	TAAAAGGAAG	GCAGAGCAGA	TAATCAAAGC	AAGCGGTCTG
Consensus	*****-***	*****	*****	*****	*****
451					
msa137119.2{303_COH1}	GATTATCTTT	TTGTAAGACC	AGGTTTGATG	TATGGTGAAG	AGCGACCTCT
msa137119.2{303_M732}	GATTATCTTT	TTGTAAGACC	AGGTTTGATG	TATGGTGAAG	AGCGACCTCT
msa137119.2{303_m781}	GATTATCTTT	TTGTAAGACC	AGGTTTGATG	TATGGTGAAG	AGCGACCTCT
msa137119.2{303_090}	GATTATCTTT	TTGTAAGACC	AGGTTTGATG	TATGGTGAAG	AGCGACCTCT
msa137119.2{303_18RS21}	GATTATCTTT	TTGTAAGACC	AGGTTTGATG	TATGGTGAAG	AGCGACCTCT
msa137119.2{303_2603}	GATTATCTTT	TTGTAAGACC	AGGTTTGATG	TATGGTGAAG	AGCGACCTCT
msa137119.2{303_A909}	GATTATCTTT	TTGTAAGACC	AGGTTTGATG	TATGGTGAAG	AGCGACCTCT
msa137119.2{303_CJB110}	GATTATCTTT	TTGTAAGACC	AGGTTTGATG	TATGGTGAAG	AGCGACCTCT
msa137119.2{303_H36B}	GATTATCTTT	TTGTAAGACC	AGGTTTGATG	TATGGTGAAG	AGCGACCTCT
msa137119.2{303_JM9130013}	GATTATCTTT	TTGTAAGACC	AGGTTTGATG	TATGGTGAAG	AGCGACCTCT
msa137119.2{303_1169NT}	GATTATCTTT	TTGTAAGACC	AGGTTTGATG	TATGGTGAAG	AGCGACCTCT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
501					
msa137119.2{303_COH1}	CTCGATTTC	CAAGCCAAGT	GTATAAAaTT	ATTTAGTCAT	TTGCCTTTCT
msa137119.2{303_M732}	CTCGATTTC	CAAGCCAAGT	GTATAAAaTT	ATTTAGTCAT	TTGCCTTTCT
msa137119.2{303_m781}	CTCGATTTC	CAAGCCAAGT	GTATAAAaTT	ATTTAGTCAT	TTGCCTTTCT
msa137119.2{303_090}	CTCGATTTC	CAAGCCAAGT	GTATAAAaTT	ATTTAGTCAT	TTGCCTTTCT
msa137119.2{303_18RS21}	CTCGATTTC	CAAGCCAAGT	GTATAAAaTT	ATTTAGTCAT	TTGCCTTTCT

Table 66: Comparative Sequences relating to SAG 0754

msa137119.2{303_2603}	CTCGATTTC	CAAGCCAAGT	GTATAAAGTT	ATTAGTCAT	TGCGCTTTCT
msa137119.2{303_A909}	CTCGATTTC	CAAGCCAAGT	GTATAAAGTT	ATTAGTCAT	TGCGCTTTCT
msa137119.2{303_CJB110}	CTCGATTTC	CAAGCCAAGT	GTATAAAGTT	ATTAGTCAT	TGCGCTTTCT
msa137119.2{303_H36B}	CTCGATTTC	CAAGCCAAGT	GTATAAAGTT	ATTAGTCAT	TGCGCTTTCT
msa137119.2{303_JM9130013}	CTCGATTTC	CAAGCCAAGT	GTATAAAGTT	ATTAGTCAT	TGCGCTTTCT
msa137119.2{303_1169NT}	CTCGATTTC	CAAGCCAAGT	GTATAAAGTT	ATTAGTCAT	TGCGCTTTCT
Consensus	*****	*****	*****_**	*****	*****
msa137119.2{303_COH1}	TAGGTATTGT	TGTACAAAa	GTCTTTCCAA	CTAAGGTTGT	GATAGTGGCA
msa137119.2{303_M732}	TAGGTATTGT	TGTACAAAa	GTCTTTCCAA	CTAAGGTTGT	GATAGTGGCA
msa137119.2{303_m781}	TAGGTATTGT	TGTACAAAa	GTCTTTCCAA	CTAAGGTTGT	GATAGTGGCA
msa137119.2{303_090}	TAGGTATTGT	TGTACAAAa	GTCTTTCCAA	CTAAGGTTGT	GATAGTGGCA
msa137119.2{303_18RS21}	TAGGTATTGT	TGTACAAAa	GTCTTTCCAA	CTAAGGTTGT	GATAGTGGCA
msa137119.2{303_2603}	TAGGTATTGT	TGTACAAAa	GTCTTTCCAA	CTAAGGTTGT	GATAGTGGCA
msa137119.2{303_A909}	TAGGTATTGT	TGTACAAAa	GTCTTTCCAA	CTAAGGTTGT	GATAGTGGCA
msa137119.2{303_CJB110}	TAGGTATTGT	TGTACAAAa	GTCTTTCCAA	CTAAGGTTGT	GATAGTGGCA
msa137119.2{303_H36B}	TAGGTATTGT	TGTACAAAa	GTCTTTCCAA	CTAAGGTTGT	GATAGTGGCA
msa137119.2{303_JM9130013}	TAGGTATTGT	TGTACAAAa	GTCTTTCCAA	CTAAGGTTGT	GATAGTGGCA
msa137119.2{303_1169NT}	TAGGTATTGT	TGTACAAAa	GTCTTTCCAA	CTAAGGTTGT	GATAGTGGCA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa137119.2{303_COH1}	GAAGCAATCG	TTACTtCGCT	TAGGaaAAAA	CCAACtCAAA	AAATCCTTTC
msa137119.2{303_M732}	GAAGCAATCG	TTACTtCGCT	TAGGaaAAAA	CCAACtCAAA	AAATCCTTTC
msa137119.2{303_m781}	GAAGCAATCG	TTACTtCGCT	TAGGaaAAAA	CCAACtCAAA	AAATCCTTTC
msa137119.2{303_090}	GAAGCAATCG	TTACTtCGCT	TAGGaaAAAA	CCAACcCAAA	AAATCCTTTC
msa137119.2{303_18RS21}	GAAGCAATCG	TTACTtCGCT	TAGGaaAAAA	CCAACcCAAA	AAATCCTTTC
msa137119.2{303_2603}	GAAGCAATCG	TTACTtCGCT	TAGGaaAAAA	CCAACcCAAA	AAATCCTTTC
msa137119.2{303_A909}	GAAGCAATCG	TTACTtCGCT	TAGGaaAAAA	CCAACcCAAA	AAATCCTTTC
msa137119.2{303_CJB110}	GAAGCAATCG	TTACTtCGCT	TAGGaaAAAA	CCAACcCAAA	AAATCCTTTC
msa137119.2{303_H36B}	GAAGCAATCG	TTACTtCGCT	TAGGaaAAAA	CCAACcCAAA	AAATCCTTTC
msa137119.2{303_JM9130013}	GAAGCAATCG	TTACTtCGCT	TAGGaaAAAA	CCAACcCAAA	AAATCCTTTC
msa137119.2{303_1169NT}	GAAGCAATCG	TTACTtCGCT	TAGGaaAAAA	CCAACtCAAA	AAATCCTTTC
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa137119.2{303_COH1}	TATTGAAGAA	TAAATAATA	AA		
msa137119.2{303_M732}	TATTGAAGAA	TAAATAATA	AA		
msa137119.2{303_m781}	TATTGAAGAA	TAAATAATA	AA		
msa137119.2{303_090}	TATTGAAGAA	TAAATAATA	AA		
msa137119.2{303_18RS21}	TATTGAAGAA	TAAATAATA	AA		
msa137119.2{303_2603}	TATTGAAGAA	TAAATAATA	AA		
msa137119.2{303_A909}	TATTGAAGAA	TAAATAATA	AA		
msa137119.2{303_CJB110}	TATTGAAGAA	TAAATAATA	AA		
msa137119.2{303_H36B}	TATTGAAGAA	TAAATAATA	AA		
msa137119.2{303_JM9130013}	TATTGAAGAA	TAAATAATA	AA		
msa137119.2{303_1169NT}	TATTGAAGAA	TAAATAATA	AA		
Consensus	*****	*****	**		

## SEQ ID NO. 6612

## STRAIN 2603 frame: 1

TRHIKISILNLQNEGGTMEILIAGGSGFLGKQIIKAALTKGHKVAYLSRHEGKGDIFKD  
 PRLTYIRGDI TEADKIHL EDRTPDILIDCIGAIKPNQDELNVKATQKAVALCHKNQIPK  
 LVYISANSYGSAIYKSKRKAQIIKASGLDYL FVRPGLMYGBERPLSIFQAKCIKLFPSHL  
 PFLGIVVQKVFPPTKVIVABAI VTTLRKKPTQKILSIEELNNK

## SEQ ID NO. 6613

## STRAIN 090 frame: 1

TRHIKISILNLQNEGGTMEILIAGGSGFLGKQIIKAALTKGHKVAYLSRHEGKGDIFKD  
 PRLTYIRGDI TEADKIHL EDRTPDILIDCIGAIKPNQDELNVKATQKAVALCHKNQIPK  
 LVYISANSYGSAIYKSKRKAQIIKASGLDYL FVRPGLMYGBERPLSIFQAKCIKLFPSHL  
 PFLGIVVQKVFPPTKVIVABAI VTTLRKKPTQKILSIEELNNK

## SEQ ID NO. 6614

## STRAIN A909 frame: 1

TRHIKISILNLQNEGGTMEILIAGGSGFLGKQIIKAALTKGHKVAYLSRHEGKGDIFKD  
 PRLTYIRGDI TEADKIHL EDRTPDILIDCIGAIKPNQDELNVKATQKAVALCHKNQIPK  
 LVYISANSYGSAIYKSKRKAQIIKASGLDYL FVRPGLMYGBERPLSIFQAKCIKLFPSHL  
 PFLGIVVQKVFPPTKVIVABAI VTTLRKKPTQKILSIEELNNK

## SEQ ID NO. 6615

## STRAIN H36B frame: 2

IKISILNLQNEGGTMEILIAGGSGFLGKQIIKAALTKGHKVAYLSRHEGKGDIFKDPRL  
 TYIRGDI TEADKIHL EDRTPDILIDCIGAIKPNQDELNVKATQKAVALCHKNQIPKLVY  
 ISANSYGSAIYKSKRKAQIIKASGLDYL FVRPGLMYGBERPLSIFQAKCIKLFPSHL  
 GIVVQKVFPPTKVIVABAI VTTLRKKPTQKILSIEELNNK

## SEQ ID NO. 6616

Table 66: Comparative Sequences relating to SAG 0754

STRAIN 18RS21 frame: 1

TRHIKISILNLQNEGEGTMEILIAGGSGFLGKQIIKAALTKGHKVAYLSRHEGKGDIFKD  
 PRLTYIRGDITEADKIHLEDRTFDILIDCIGAIPNQLDELNVKATQKAVALCHKNQIPK  
 LVYISANSYGSAIYKSKRKAQIIKASGLDYL FVRPGLMYGEERPLSIFQAKCIKLFSLH  
 PFLGIVVQKVFPPTKVIVAEAVITTLRKKPTQKILSIEELNNK

SEQ ID NO. 6617

STRAIN M732 frame: 1

QNEGEGTMEILIAGGSGFLGKQIIKAALTKGHKVAYLSRHEGKGDIFKDPRLTYIKGDIT  
 EADKIHLEHRNFDILIDCIGAIPNQLDELNVKATQKAVALCHKNQIPKLVYISANSYGSA  
 IYKSKRKAQIIKASGLDYL FVRPGLMYGEERPLSIFQAKCIKLFSLHPFLGIVVQKV  
 PTKVIVAEAVITSLRKKPTQKILSIEELNNK

SEQ ID NO. 6618

STRAIN COH1 frame: 1

TRHIKISILNLQNEGEGTMEILIAGGSGFLGKQIIKAALTKGHKVAYLSRHEGKGDIFKD  
 PRLTYIKGDITEADKIHLEHRNFDILIDCIGAIPNQLDELNVKATQKAVALCHKNQIPK  
 LVYISANSYGSAIYKSKRKAQIIKASGLDYL FVRPGLMYGEERPLSIFQAKCIKLFSLH  
 PFLGIVVQKVFPPTKVIVAEAVITSLRKKPTQKILSIEELNNK

SEQ ID NO. 6619

STRAIN M781 frame: 1

TRHIKISILNLQNEGEGTMEILIAGGSGFLGKQIIKAALTKGHKVAYLSRHEGKGDIFKD  
 PRLTYIKGDITEADKIHLEHRNFDILIDCIGAIPNQLDELNVKATQKAVALCHKNQIPK  
 LVYISANSYGSAIYKSKRKAQIIKASGLDYL FVRPGLMYGEERPLSIFQAKCIKLFSLH  
 PFLGIVVQKVFPPTKVIVAEAVITSLRKKPTQKILSIEELNNK

SEQ ID NO. 6620

STRAIN 1169NT frame: 1

TRHIKISILNLQNEGEGTMEILIAGGSGFLGKQIIKAALTKGHKVAYLSRHEGKGDIFKD  
 PRLTYIKGDITEADKIHLEDRTFDILIDCIGAIPNQLDELNVKATQKAVALCHKNQIPK  
 LVYISANSYGSAIYKSKRKAQIIKASGLDYL FVRPGLMYGEERPLSIFQAKCIKLFSLH  
 PFLGIVVQKVFPPTKVIVAEAVITTLRKKPTQKILSIEELNNK

SEQ ID NO. 6621

STRAIN CJB110 frame: 1

TRHIKISILNLQNEGEGTMEILIAGGSGFLGKQIIKAALTKGHKVAYLSRHEGKGDIFKD  
 PRLTYIRGDITEADKIHLEDRTFDILIDCIGAIPNQLDELNVKATQKAVALCHKNQIPK  
 LVYISANSYGSAIYKSKRKAQIIKASGLDYL FVRPGLMYGEERPLSIFQAKCIKLFSLH  
 PFLGIVVQKVFPPTKVIVAEAVITTLRKKPTQKILSIEELNNK

SEQ ID NO. 6622

STRAIN JM9130013 frame: 1

TRHIKISILNLQNEGEGTMEILIAGGSGFLGKQIIKAALTKGHKVAYLSRHEGKGDIFKD  
 PRLTYIRGDITEADKIHLEDRTFDILIDCIGAIPNQLDELNVKATQKAVALCHKNQIPK  
 LVYISANSYGSAIYKSKRKAQIIKASGLDYL FVRPGLMYGEERPLSIFQAKCIKLFSLH  
 PFLGIVVQKVFPPTKVIVAEAVITTLRKKPTQKILSIEELNNK

PRETTY of: /biotmp/msa137299.2(\*) April 10, 2003 03:37 ..

	1		50
msa137299.2{303_COH1}	trhikisiln	lQNEGEGTME	ILIAGGSGFL GKQIIKAALT KGHKvAYLSR
msa137299.2{303_M732}	-----	-QNEGEGTME	ILIAGGSGFL GKQIIKAALT KGHKvAYLSR
msa137299.2{303_M781}	trhikisiln	lQNEGEGTME	ILIAGGSGFL GKQIIKAALT KGHKvAYLSR
msa137299.2{303_090}	trhikisiln	lQNEGEGTME	ILIAGGSGFL GKQIIKAALT KGHKvAYLSR
msa137299.2{303_18RS21}	trhikisiln	lQNEGEGTME	ILIAGGSGFL GKQIIKAALT KGHKvAYLSR
msa137299.2{303_2603}	trhikisiln	lQNEGEGTME	ILIAGGSGFL GKQIIKAALT KGHKvAYLSR
msa137299.2{303_A909}	trhikisiln	lQNEGEGTME	ILIAGGSGFL GKQIIKAALT KGHKvAYLSR
msa137299.2{303_CJB110}	trhikisiln	lQNEGEGTME	ILIAGGSGFL GKQIIKAALT KGHKvAYLSR
msa137299.2{303_JM9130013}	trhikisiln	lQNEGEGTME	ILIAGGSGFL GKQIIKAALT KGHKvAYLSR
msa137299.2{303_H36B}	---ikisiln	lQNEGEGTME	ILIAGGSGFL GKQIIKAALT KGHKvAYLSR
msa137299.2{303_1169NT}	trhikisiln	lQNEGEGTME	ILIAGGSGFL GKQIIKAALT KGHKvAYLSR
Consensus	-----	*****	*****
	51		100
msa137299.2{303_COH1}	HEGKGDI FKD	PRLTYIKGDI	TEADKIHLeH RnFDILIDCI GAIPNQLDE
msa137299.2{303_M732}	HEGKGDI FKD	PRLTYIKGDI	TEADKIHLeH RnFDILIDCI GAIPNQLDE
msa137299.2{303_M781}	HEGKGDI FKD	PRLTYIKGDI	TEADKIHLeH RnFDILIDCI GAIPNQLDE
msa137299.2{303_090}	HEGKGDI FKD	PRLTYIKGDI	TEADKIHLeH RnFDILIDCI GAIPNQLDE
msa137299.2{303_18RS21}	HEGKGDI FKD	PRLTYIKGDI	TEADKIHLeH RnFDILIDCI GAIPNQLDE
msa137299.2{303_2603}	HEGKGDI FKD	PRLTYIKGDI	TEADKIHLeH RnFDILIDCI GAIPNQLDE
msa137299.2{303_A909}	HEGKGDI FKD	PRLTYIKGDI	TEADKIHLeH RnFDILIDCI GAIPNQLDE
msa137299.2{303_CJB110}	HEGKGDI FKD	PRLTYIKGDI	TEADKIHLeH RnFDILIDCI GAIPNQLDE
msa137299.2{303_JM9130013}	HEGKGDI FKD	PRLTYIKGDI	TEADKIHLeH RnFDILIDCI GAIPNQLDE
msa137299.2{303_H36B}	HEGKGDI FKD	PRLTYIKGDI	TEADKIHLeH RnFDILIDCI GAIPNQLDE
msa137299.2{303_1169NT}	HEGKGDI FKD	PRLTYIKGDI	TEADKIHLeH RnFDILIDCI GAIPNQLDE
Consensus	*****	*****	*****

Table 66: Comparative Sequences relating to SAG 0754

	101		150
msa137299.2{303_COH1}	LNvkATQKAV	ALCHKNQIPK	LVYISANSgy SAYIkSKRKA EQIIKASGLD
msa137299.2{303_M732}	LNvkATQKAV	ALCHKNQIPK	LVYISANSgy SAYIkSKRKA EQIIKASGLD
msa137299.2{303_M781}	LNvkATQKAV	ALCHKNQIPK	LVYISANSgy SAYIkSKRKA EQIIKASGLD
msa137299.2{303_090}	LNvkATQKAV	ALCHKNQIPK	LVYISANSgy SAYIkSKRKA EQIIKASGLD
msa137299.2{303_18RS21}	LNvkATQKAV	ALCHKNQIPK	LVYISANSgy SAYIkSKRKA EQIIKASGLD
msa137299.2{303_2603}	LNvkATQKAV	ALCHKNQIPK	LVYISANSgy SAYIkSKRKA EQIIKASGLD
msa137299.2{303_A909}	LNvkATQKAV	ALCHKNQIPK	LVYISANSgy SAYIkSKRKA EQIIKASGLD
msa137299.2{303_CJB110}	LNvkATQKAV	ALCHKNQIPK	LVYISANSgy SAYIkSKRKA EQIIKASGLD
msa137299.2{303_JM9130013}	LNvkATQKAV	ALCHKNQIPK	LVYISANSgy SAYIkSKRKA EQIIKASGLD
msa137299.2{303_H36B}	LNvkATQKAV	ALCHKNQIPK	LVYISANSgy SAYIkSKRKA EQIIKASGLD
msa137299.2{303_1169NT}	LNvkATQKAV	ALCHKNQIPK	LVYISANSgy SAYIrSKRKA EQIIKASGLD
Consensus	*****	*****	*****
	151		200
msa137299.2{303_COH1}	YLFVRPGLMY	GEERPLSIFQ	AKCIKLFSHL PFLGIVVQKV FPTKVIVAE
msa137299.2{303_M732}	YLFVRPGLMY	GEERPLSIFQ	AKCIKLFSHL PFLGIVVQKV FPTKVIVAE
msa137299.2{303_M781}	YLFVRPGLMY	GEERPLSIFQ	AKCIKLFSHL PFLGIVVQKV FPTKVIVAE
msa137299.2{303_090}	YLFVRPGLMY	GEERPLSIFQ	AKCIKLFSHL PFLGIVVQKV FPTKVIVAE
msa137299.2{303_18RS21}	YLFVRPGLMY	GEERPLSIFQ	AKCIKLFSHL PFLGIVVQKV FPTKVIVAE
msa137299.2{303_2603}	YLFVRPGLMY	GEERPLSIFQ	AKCIKLFSHL PFLGIVVQKV FPTKVIVAE
msa137299.2{303_A909}	YLFVRPGLMY	GEERPLSIFQ	AKCIKLFSHL PFLGIVVQKV FPTKVIVAE
msa137299.2{303_CJB110}	YLFVRPGLMY	GEERPLSIFQ	AKCIKLFSHL PFLGIVVQKV FPTKVIVAE
msa137299.2{303_JM9130013}	YLFVRPGLMY	GEERPLSIFQ	AKCIKLFSHL PFLGIVVQKV FPTKVIVAE
msa137299.2{303_H36B}	YLFVRPGLMY	GEERPLSIFQ	AKCIKLFSHL PFLGIVVQKV FPTKVIVAE
msa137299.2{303_1169NT}	YLFVRPGLMY	GEERPLSIFQ	AKCIKLFSHL PFLGIVVQKV FPTKVIVAE
Consensus	*****	*****	*****
	201		223
msa137299.2{303_COH1}	AIvTsLRkKP	TQKILSIEEL	NNK
msa137299.2{303_M732}	AIvTsLRkKP	TQKILSIEEL	NNK
msa137299.2{303_M781}	AIvTsLRkKP	TQKILSIEEL	NNK
msa137299.2{303_090}	AIvTtLRkKP	TQKILSIEEL	NNK
msa137299.2{303_18RS21}	AIvTtLRkKP	TQKILSIEEL	NNK
msa137299.2{303_2603}	AIvTtLRkKP	TQKILSIEEL	NNK
msa137299.2{303_A909}	AIvTtLRkKP	TQKILSIEEL	NNK
msa137299.2{303_CJB110}	AIvTtLRkKP	TQKILSIEEL	NNK
msa137299.2{303_JM9130013}	AIvTtLRkKP	TQKILSIEEL	NNK
msa137299.2{303_H36B}	AIvTtLRkKP	TQKILSIEEL	NNK
msa137299.2{303_1169NT}	AIvTtLRtKP	TQKILSIEEL	NNK
Consensus	****-**-**	*****	***

Table 67: Comparative Sequences relating to SAG0475

SEQ ID NO. 6701

STRAIN 090

CAATAACAACATTGAAAAATAAAAAAGTTTGTAGTCCTTGGTTTAGCACGA  
 TCTGGAGAAGCCGCTGCACGTTTGTAGCTAAGTTAGGAGCAATAGTGAC  
 AGTTAATGATGGCAAACCATTTGATGAAAAATCCAACAGCACAGTCTTTGT  
 TGGAAAGAGGGTATTAAAGTGGTTTGTGGTAGTCATCCTTTAGAATTGTTA  
 GATGAGGATTTTGTGTACATGATTAATAATCCAGGAATACCTTATAACAA  
 TCCTATGGTCAAAAAGCATTAGAAAAACAAATCCCTGTTTGTACTGAAG  
 TGGAAATTAGCATACTTAGTTTCAGAATCTCAGCTAATAGGTATTACAGGC  
 TCTAACGGGAAAAACGACACGACCAACGATGATGAGAAAGTCTTAAATGC  
 TGGAGGTCAGAGAGGTTTGTAGCTGGGAATATCGGCTTTCCTGCTAGTG  
 AAGTTGTTACAGGCTGCGGATGATAAAGATATTCTAGTTATGGAATTATCA  
 AGTTTTCAGCTAATGGGAGTTAAGGAATTTGTCCTCATATTGCAGTAAT  
 TACTAATTTAATGCCAACTCATTTAGATTATCATGGGTCTTTTGAAGATT  
 ATGTTGCTGCAAAATGGAATATCCAAATCAAATGTCTTCATCTGATTTT  
 TTGGTACTTAATTTAATCAAGGTATTTCTAAAGAGTTAGCTAAAACTAC  
 TAAAGCAACAATCGTTCCTTCTCTACTACGGAATAAGTTGATGGTGCTT  
 ACGTACAGACAAGCAACTTTTCTATAAAGGGGAGAATATTATGTTAGTA  
 GATGACATTGGTGTCCAGGAAGCCATAACGTAGAGAATGCTCTAGCAAC  
 TATTGCGGTGCTAACTAGCTGGTATCAGTAATCAAGTTATTAGAGAAA  
 CTTTAAAGCAATTTTGGAGGTGTTAAACACCGCTTGCAATCACTCGGTAAG  
 GTTCATGGTATTAGTTTCTATAACGACAGCAAGTCAACTAATATATTGGC  
 AACTCAAAAAGCATTATCTGGCTTTGATAATACTAAAGTTATCCTAATTG  
 CAGGAGGTCTTGATCGCGGTAATGAGTTTGATGAATTGATACCAGATATC  
 ACTGGACTTAAACATATGGTTGTTTAGGGGAATCGGCATCTCGAGTAAA  
 ACGTCTGTCACAAAAGCAGGAGTAACCTTATAGCGATGCTTTAGATGTTA  
 GAGATGCGGTACATAAAGCTTATGAGGTGGCACAACAGGGCGATGTTATC  
 TTGCTAAGTCTCGCAATGCATCATGGACATGTATAAGAAATTCGAAGT  
 CCGTGGTGATGAATTCATTGATACCTTCGAAAGTCTTAGAGGAGAG

SEQ ID NO. 6702

STRAIN A909

CAATAACAACATTGAAAAATAAAAAAGTTTGTAGTCCTTGGTTTAGCACGA  
 TCTGGAGAAGCTGCTGCACGTTTGTAGCTAAGTTAGGAGCAATAGTGAC  
 AGTTAATGATGGCAAACCATTTGATGAAAAATCCAACAGCACAGTCTTTGT  
 TGGAAAGAGGGTATTAAAGTGGTTTGTGGTAGTCATCCTTTAGAATTGTTA  
 GATGAGGATTTTGTGTACATGATTAATAATCCAGGAATACCTTATAACAA  
 TCCTATGGTCAAAAAGCATTAGAAAAACAAATCCCTGTTTGTACTGAAG  
 TGGAAATTAGCATACTTAGTTTCAGAATCTCAGCTAATAGGTATTACAGGC  
 TCTAACGGGAAAAACGACACGACCAACGATGATGAGAAAGTCTTAAATGC  
 TGGAGGTCAGAGAGGTTTGTAGCTGGGAATATCGGCTTTCCTGCTAGTG  
 AAGTTGTTACAGGCTGCGAATGATAAAGATACTCTAGTTATGGAATTATCA  
 AGTTTTCAGCTAATGGGAGTTAAGGAATTTGTCCTCATATTGCAGTAAT  
 TACTAATTTAATGCCAACTCATTTAGATTATCATGGGTCTTTTGAAGATT  
 ATGTTGCTGCAAAATGGAATATCCAAATCAAATGTCTTCATCTGATTTT  
 TTGGTACTTAATTTAATCAAGGTATTTCTAAAGAGTTAGCTAAAACTAC  
 TAAAGCAACAATCGTTCCTTCTCTACTACGGAATAAGTTGATGGTGCTT  
 ACGTACAGACAAGCAACTTTTCTATAAAGGGGAGAATATTATGTCAGTA  
 GATGACATTGGTGTCCAGGAAGCCATAACGTAGAGAATGCTCTAGCAAC  
 TATTGCGGTGCTAACTAGCTGGTATCAGTAATCAAGTTATTAGAGAAA  
 CTTTAAAGCAATTTTGGAGGTGTTAAACACCGCTTGCAATCACTCGGTAAG  
 GTTCATGGTATTAGTTTCTATAACGACAGCAAGTCAACTAATATATTGGC  
 AACTCAAAAAGCATTATCTGGCTTTGATAATACTAAAGTTATCCTAATTG  
 CAGGAGGTCTTGATCGCGGTAATGAGTTTGATGAATTGATACCAGATATC  
 ACTGGACTTAAACATATGGTTGTTTAGGGGAATCGGCATCTCGAGTAAA  
 ACGTCTGTCACAAAAGCAGGAGTAACCTTATAGCGATGCTTTAGATGTTA  
 GAGATGCGGTACATAAAGCTTATGAGGTGGCACAACAGGGCGATGTTATC  
 TTGCTAAGTCTCGCAATGCATCATGGGACATGTATAAGAAATTCGAAGT  
 CCGTGGTGATGAATTCATTGATACCTTCGAAAGTCTTAGAGGAGAG

SEQ ID NO. 6703

STRAIN H36B

GGACGAGTAATGAAAAACAATAACAACATTTGAAAAAT  
 AAAAAAGTTTGTAGTCCTTGGTTTAGCACGATCTGGAGAAGCTGCTGCACG  
 TTTGTTAGCTAAGTTAGGAGCAATAGTGACAGTTAATGATGGCAAACCAT  
 TTGATGAAAAATCCAACAGCACAGTCTTTGTTGGAAGAGGGTATTAAAGTG  
 GTTTGTGGTAGTCATCCTTTAGAATTGTTAGATGAGGATTTTGTGTACAT  
 GATTAAAAATCCAGGAATACCTTATAACAATCCTATGGTCAAAAAGCAT  
 TAGAAAAACAATCCCTGTTTGTACTGAAGTGAATTAGCATACTTAGTT  
 TCAGAATCTCAGCTAATAGGTATTACAGGCTCTAACGGGAAAAACGACAA  
 GACAAAGATGATTGAGAAAGTCTTAAATGCTGGAGGTGAGAGAGTTTGT  
 TAGCTGGGAATATCGGCTTTCCTGCTAGTGAAGTTGTTACGGCTGCGAAT  
 GATAAAGATACTCTAGTTATGGAATTATCAAGTTTTCAGCTAATGGGAGT  
 TAAGGAATTTGCTCCTCATATTGCAGTAATTAATAATTTAATGCCAACTC  
 ATTTAGATTATCATGGGTCTTTGAAGATTATGTTGCTGCAAAATGGAAT  
 ATCCAAATCAAAATGCTTCATCTGATTTTGTGGTACTTAATTTAATCA  
 AGGTATTTCTAAAGAGTTAGCTAAAACTACTAAAGCAACAATCGTTCCTT  
 TCTCTACTACGGAATAAGTTGATGGTGCTTACGTACAAGACAAGCAACTT  
 TTCTATAAAGGGGAGAATATTATGTCAGTAGATGACATTGGTGTCCAGG  
 AAGCCATAACGTAGAGAATGCTCTAGCAACTATTGCGGTGCTAAACTGG  
 CTGGTATCAGTAATCAAGTTATTAGAGAACTTTAAGCAATTTTGGAGGT  
 GTTAAACACCGCTTGCAATCACTCGGTAAGGTTTCATGGTATTAGTTTCTA  
 TAACGACAGCAAG

Table 67: Comparative Sequences relating to SAG0475

SEQ ID NO. 6704

STRAIN 18RS21

GGACGAGTAATGAAAACAATAACACATTG  
 AAAATAAAAAAGTTTGTAGCTTGGTTAGCAGATCTGGAGAAGCTGCT  
 GCACGTTTGTAGCTAAGTTAGGAGCAATAGTGACAGTTAATGATGGCAA  
 ACCATTGTGATGAAAATCCAACAGCAGTCTTTGTTGGAAGAGGGTATTA  
 AAGTGGTTTGTGGTAGTCATCCTTTAGAATTGTTAGATGAGGATTTTGT  
 TACATGATTAAAAATCCAGGAATACCTTATAACAATCCTATGGTCAAAAA  
 AGCATTAGAAAAACAATCCCTGTTTGTAGTGAAGTGAATTAGCATACT  
 TAGTTTCAGAAATCTCAGCTAATAGGTATTACAGGCTCTAACGGGAAAAACG  
 ACAACGACAACGATGATTGCAGAGTCTTAATGCTGGAGGTGAGAGAGG  
 TTTGTTAGCTGGGAATATCGGCTTTCTGCTAGTGAAGTTGTTGAGGCTG  
 CGAATGATAAAGATACCTAGTTATGGAATTATCAAGTTTTCAGCTAATG  
 GGAGTTAAGGAATTTGCTCCTCATATTGCAGTAATTACTAATTAAATGCC  
 AACTCATTAGATTATCATGGGTCTTTGAAGATTATGTTGCTGCAAAAT  
 GGAATATCCAAAATCAAATGCTCTCATCTGATTTTGGTACTTAATTTT  
 AATCAAGGTATTTCTAAAGAGTTAGCTAAAACACTAAAGCAACAATCGT  
 TCCTTTCTCTACTACGGAATAAGTTGATGGTCTTACGTACAAGACAAGC  
 AACTTTCTATAAAGGGGAGAATATTATGTCAGTAGATGACATTGGGTCTC  
 CCAGGAAGCCATAACGTAGAGAATGCTCTAGCAACTATTGCGGTTGCTAA  
 ACTGGCTGGTATCAGTAATCAAGTTATTAGAGAACTTTAAGCAATTTTG  
 GAGGTGTTAAACACCGCTTGCAATCACTCGGTGAAGTTTCATGGTATTAGT  
 TTCTATAACGACAGCAAGTCAACTAATAATATTGGCAACTCAAAAAGCAAT  
 ATCTGGCTTTGATAATACTAAAGTTATCTAATTGTCAGGAGGTCTTGATC  
 GCGGTAAAGATTGATGAATTGATACAGATATCACTGGACTTAAACAT  
 ATGGTTGTTTGGGGGAATCGGCATCTCGAGTAAACGTGCTGCACAAAA  
 AGCAGGAGTAACCTATAGCGATGCTTTAGATGTTAGAGATGCGGTACATA  
 AAGCTTATGAGGTGGCACAACAGGGCGATGTTATCTTGCTAAGTCTGCA  
 AATGCATCATGGACATGTATAAGAATTTGGAAGTCCGTGGTGAATTCAT  
 CATGATACCTTCGAAAGTCTTAGAGGAGAG

SEQ ID NO. 6705

STRAIN M732

GGACGAGTAATGAAAACAATAACACATTGAAA  
 ATAAAAAAGTTTGTAGCTTGGTTAGCAGATCTGGAGAAGCCGCTGCA  
 CGTTTGTAGCTAAGTTAGGAGCAATAGTGACAGTTAATGATGGCAAAAC  
 ATTTGATGAAAATCCAACAGCAGTCTTTGTTGGAAGAGGGTATTAAAG  
 TGGTTTGTGGTAGTCATCCTTTAGAATTGTTAGATGAGGATTTTGTGTAC  
 ATGATTAAAAATCCAGGAATACCTTATAACAATCCTATGGTCAAAAAGC  
 ATTGAAAAACAATCCCTGTTTGTAGTGAAGTGAATTAGCATACTTAG  
 TTTAGAAATCTCAGCTAATAGGTATTACAGGCTCTAACGGGAAAAACGACA  
 ACGACAACGATGATTGCAGAGTCTTAATGCTGGAGGTGAGAGAGGTTT  
 GTTAGCTGGGAATATCGGCTTTCTGCTAGTGAAGTTGTTGAGGCTGCGG  
 aTGATAAAGATATTCTAGTTATGGAATTATCAAGTTTTCAGCTAATGGGA  
 GTTAAGGAATTTGCTCCTCATATTGCAGTAATTACTAATTAAATGCCAAC  
 TCACTTAGATTATCATGGGTCTTTGAAGATTATGCTGCTGCAAAATGGA  
 ATATCCAAAATCAAATGCTCTCATCTGATTTTGGTACTTAATTTTAAAT  
 CAAGGTATTTCTAAAGAGTTAGCTAAAACACTAAAGCAACAATCGTTCC  
 TTTCTCTACTACGGAATAAGTTGATGGTCTTACGTACAAGACAAGCAAC  
 TTTCTATAAAGGGGAGAATATTATGTCAGTAGATGACATTGGTGTCCCA  
 GGAAGCCATAACGTAGAGAATGCTCTAGCAACTATTGCGGTTGCTAAACT  
 AGCTGGTATCAGTAATCAAGTTATTAGAGAACTTTAAGCAATTTGGAG  
 GTGTTAAACACCGCTTGCAATCACTCGGTGAAGTTTCATGGTATTAGTTTC  
 TATAACGACAGCAAGTCAACTAATAATATTGGCAACTCAAAAAGCATTATC  
 TGGCTTTGATAATACTAAAGTTATCTAATTGTCAGGAGGTCTTGATCGCG  
 GTAATGAGTTGATGAATTGATACAGATATCACTGGACTTAAACATATG  
 GTTGTTTTAGGGGAATCGGCATCTCGAGTAAACGTGCTGCACAAAAAGC  
 AGGAGTAACCTATAGCGATGCTTTAGATGTTAGAGATGCGGTACATAAAG  
 CTTATGAGGTGGCACAACAGGGCGATGTTATCTTGCTAAGTCTGCAAAAT  
 GCATCATGGGACATGTATAAGAATTTGGAAGTCCGTGGTGAATTCAT  
 TGATACCTTCGAAAGTCTTAGAGGAGAG

SEQ ID NO. 6706

STRAIN COH1

GGACGAGTAATGAAAACAATAACACATTGGA  
 AAATAAAAAAGTTTGTAGCTTGGTTAGCAGATCTGGAGAAGCCGCTG  
 CACGTTTGTAGCTAAGTTAGGAGCAATAGTGACAGTTAATGATGGCAAA  
 CCATTGTGATGAAAATCCAACAGCAGTCTTTGTTGGAAGAGGGTATTAA  
 AGTGGTTTGTGGTAGTCATCCTTTAGAATTGTTAGATGAGGATTTTGT  
 ACATGATTAAAAATCCAGGAATACCTTATAACAATCCTATGGTCAAAAA  
 GCATTAGAAAAACAATCCCTGTTTGTAGTGAAGTGAATTAGCATACTT  
 AGTTTCAGAAATCTCAGCTAATAGGTATTACAGGCTCTAACGGGAAAAACG  
 CAACGACAACGATGATTGCAGAGTCTTAATGCTGGAGGTGAGAGAGGT  
 TTTGTTAGCTGGGAATATCGGCTTTCTGCTAGTGAAGTTGTTGAGGCTGC  
 GGAaTGATAAAGATATTCTAGTTATGGAATTATCAAGTTTTCAGCTAATG  
 GAGTTAAGGAATTTGCTCCTCATATTGCAGTAATTACTAATTAAATGCCA  
 ACTCATTTAGATTATCATGGGTCTTTGAAGATTATGTTGCTGCAAAATG  
 GAATATCCAAAATCAAATGCTCTCATCTGATTTTGGTACTTAATTTTA  
 ATCAAGGTATTTCTAAAGAGTTAGCTAAAACACTAAAGCAACAATCGTT  
 CCTTTCTCTACTACGGAATAAGTTGATGGTCTTACGTACAAGACAAGCA  
 ACTTTCTATAAAGGGGAGAATATTATGTCAGTAGATGACATTGGTGTCC  
 CAGGAAGCCATAACGTAGAGAATGCTCTAGCAACTATTGCGGTTGCTAAA

Table 67: Comparative Sequences relating to SAG0475

CTAGCTGGTATCAGTAATCAAGTTATTAGAGAACTTTAAGCAATTTTGG  
AGGTGTTAAACACCGCTTGCAATCACTCGGTAAGGTTTCATGGTATTAGTT  
TCTATAACGACAGCAAGTCAACTAATATATTGGCAACTCAAAAAGCATT  
TCTGGCTTTGATAATACATAAGTTATCCTAATTCAGGAGGTTCTTGATCG  
CGTAATGAGTTTGATGAATTGATACAGATATCACTGGACTTAAACATA  
TGGTTGTTTTAGGGGAATCGGCATCTCGAGTAAACGTCGTCACAAAA  
GCAGGAGTAACCTATAGCGATGCTTTAGATGTTAGAGATGCGGTACATAA  
AGCTTATGAGGTGGCACAACAGGGCGATGTTATCTTGCTAAGTCTTGCAA  
ATGCATCATGGGACATGTATAAGAAATTCGAAGTCCGTGGTGATGAATTC  
ATTGATACTTTTCGAAA

SEQ ID NO. 6707

STRAIN M781

GGACGAGTAATGAAAACAATAACACATT  
TGAAAAATAAAAGTTTGTAGTCCTTGGTTTAGCAGATCTGGAGAAGCCG  
CTGCACGTTTTGTAGCTAAGTTAGGAGCAATAGTGACAGTTAATGATGGC  
AAACCAATTTGATGAAAATCCAACAGCACAGTCTTTGTTGGAAGAGGGTAT  
TAAAGTGGTTTGTGGTAGTCATCCTTTAGAATTGTTAGATGAGGATTTTT  
GTTACATGATTAATAATCCAGGAATACCTTATAACAATCCTATGGTCAAA  
AAAGCATTAGAAAAACAATCCCTGTTTGGACTGAAGTGAATAGCATA  
CTTAGTTTCAGAAATCTCAGCTAATAGGTATTACAGGCTCTAACGGGAAAA  
CGACAACGACAACGATGATGTCAGAAGTCTTAAATGCTGGAGGTCAGAGA  
GGTTTGTAGCTGGGAATATCGGCTTTCTGCTAGTGAAGTTGTTTCAGGC  
TGGGATGATAAAGATATTCTAGTTATGGAATTTCAAGTTTTCAGCTAA  
TGGGAGTTAAGGAATTTCTGCTCATATTGTCAGTAATTAATAATTAAATG  
CCAACTCATTAGATTATCATGGGTCTTTGAAGATTATGTTGCTGCAAA  
ATGGAATATCCAAATCAAATGTCTTCATCTGATTTTTTGGTACTTAATT  
TTAATCRAAGTATTCTAAAGAGTTAGCTAAACTACTAAAGCAACAATC  
GTTCCCTTCTCTACTACGGAATAAGTTGATGGTGTCTACGTACAGACAA  
GCACCTTTTCTATAAAGGGGAGAAATATTATGTCAGTAGATGACATTGGTG  
TCCAGGAAGCCATAACGTAGAGAATGCTCTAGCAACTATTGCGGTTGCT  
AACTAGCTGGTATCAGTAATCAAGTTATTAGAGAACTTTAAGCAATTT  
TGGAGGTGTTAAACACCGCTTGCAATCACTCGGTAAGGTTTCATGGTATTA  
GTTTCTATAACGACAGCAAGTCACTAATATATTGGCAACTCAAAAAGCA  
TTATCTGGCTTTGATAATACTAAAGTTATCCTAATTCAGGAGGTTCTGTA  
TCGCGGTAATGAGTTTGATGAATTGATACAGATATCACTGGACTTAAAC  
ATATGGTTGTTTTTAgGGGAATCGGCATCTCGAGTAAACGTCGTCACAA  
AAAGCAGGAGTAACCTATAGCGATGCTTTAGATGTTAGAGATGCGGTACA  
TAAAGCTTATGAGGTGGCACAACAGGGCGATGTTATCTTGCTAAGTCTTG  
CAAATGCATCATGGGACATGTATAAGAAATTCGAAGTCCGTGGTGATGAA  
TTCATTGATACTTTTCGAAAGTCTTAGAGGAGAG

SEQ ID NO. 6708

STRAIN CJB110

GGACGAGTAATGAAAACAATAACACATTGTA  
AAATAAAAAAGTTTGTAGTCCTTGGTTTAGCAGATCTGGAGAAGCCGCTG  
CAGCTTTGTTAGCTAAGTTAGGAGCAATAGTGACAGTTAATGATGGCAAA  
CCATTTGATGAAAATCCAACAGCACAGTCTTTGTTGGAAGAGGGTATTAA  
AGTGGTTTGTGGTAGTCATCCTTTAGAATTGTTAGATGAGGATTTTTGTT  
ACATGATTAAAAATCCAGGAATACCTTATAACAATCCTATGGTCAAAAA  
GCATTAGAAAAACAATCCCTGTTTGGACTGAAGTGAATAGCATACTT  
AGTTTCAGAAATCTCAGCTAATAGGTATTACAGGCTCTAACGGGAAAAACGA  
CAACGACAACGATGATGTCAGAAGTCTTAAATGCTGGAGGTCAGAGAGGT  
TTGTTAGCTGGGAATATCGGCTTTCTGCTAGTGAAGTTGTTTCAGGCTGC  
GGATGATAAAGATATTCTAGTTATGGAATTTCAAGTTTTCAGCTAATGG  
GAGTTAAGGAATTTCTGCTCATATTGTCAGTAATTAATAATTAAATGCCA  
ACTCATTAGATTATCATGGGTCTTTGAAGAAATGTTGCTGCAAAATG  
GAATATCCAAATCAAATGTCTTCATCTGATTTTTTGGTACTTAATTTTA  
ATCAGGTATTCTAAAGAGTTAGCTAAACTACTAAAGCAACAATCGTT  
CCTTTCTCTACTACGGAATAAGTTGATGGTGTCTACGTACAGCAAGCA  
ACTTTTCTATAAAGGGGAGAAATATTATGTTAGTAGATGACATTGGTGTCC  
CAGGAAGCCATAACGTAGAGAATGCTCTAGCAACTATTGCGGTTGCTAAA  
CTAGCTGGTATCAGTAATCAAGTTATTAGAGAACTTTAAGCAATTTTGG  
AGGTGTTAAACACCGCTTGCAATCACTCGGTAAGGTTTCATGGTATTAGTT  
TCTATAATGACAGCAAGTCACTAATATATTGGCAACTCAAAAAGCATT  
TCTGGCTTTGATAATACTAAAGTTATCCTAATTCAGGAGGTTCTTGATCG  
CGGTAATGAGTTTGATGAATTGATACAGATATCACTGGACTTAAACATA  
TGGTTGTTTTAGGGGAATCGGCATCTCGAGTAAACGTCGTCACAAAA  
GCAGGAGTAACCTATAGCGATGCTTTAGATGTTAGAGATGCGGTACATAA  
AGCTTATGAGGTGGCACAACAGGGCGATGTTATCTTGCTAAGTCTTGCAA  
ATGCATCATGGGACATGTATAAGAAATTCGAAGTCCGTGGTGATGAATTC  
ATTGATACTTTTCGAAAGTCTTAGAGGAGAG

SEQ ID NO. 6709

STRAIN 1169NT

CAATAACAACATTGAAAATAAAAAAGTTTGTAGTCCTTGGTTTAGCACGA  
TCTGGAGAAGCCGCTGACGTTTGTAGCTAAGTTAGGAGCAATAGTGAC  
AGTTAATGATGGCAACCACTTTGATGAAAATCCAACAGCACAGTCTTTGT  
TGAAGAGGGTATTAAAGTGGTTTGTGGTAGTCATCCTTTAGAATTGTTA  
GATGAGGATTTTTGTACATGATTAATAATCCAGGAATACCTTATAACAA  
TCTATGGTCAAAAAAGCATTAGAAAAACAATCCCTGTTTGGACTGAAG  
TGAATTAGCATACTTAGTTTCAGAAATCTCAGCTAATAGGTATTACAGGC  
TCTAACGGGAAAAACGACAACGACAACGATGATGTCAGAAGTCTTGAATGC



Table 67: Comparative Sequences relating to SAG0475

TGGAGGTCAGAGAGGTTTGTAGCTGGGAATATCGGCTTTCTGCTAGTG  
 AAGTTGTTTCAGGCTGCGGATGATAAGATACTCTAGTTATGGAATTATCA  
 AGTTTTCAGCTAATGGGAGTTAAGGAATTCGTCTCATATTGCAGTAAT  
 TACTAATTTAATGCCAACTCATTTAGATTATCATGGGTCTTTGAAGAT  
 ATGCTGCTGCAAAATGGAATATCCAAATCAAATGCTTCTCATCTGATTTT  
 TTGGTACTTAATTTAATCAAGGTATTTCTAAAGAGTTAGCTAAACTAC  
 TAAAGCAACAATCGTTCTTCTCTACTACGGAAAAAGTTGATGGTGCTT  
 ACGTACAGACAAGCAACTTTCTATAAAGGGGAGAAATATTATGTCAGTA  
 GACGACATTGGTGTCCAGGAAGCCATAACGTAGAGAATGCTCTAGCAAC  
 TATTGCGGTTGCTAAACTAGCTGGTATCAGTAATCAAGTTATTAGAGAAA  
 CTTTAAGCAATTTGGAGGTGTTAAACACCGCTTGCAATCACTCGGTAAG  
 GTTCATGGTATTAGTTCTATAACGACAGTAAGTCACTAATATATTGGC  
 AACTCAAAAGCATTATCTGGCTTTGATAATACTAAAGTTATCTTAATTG  
 CAGGAGGCTCTTGATCGCGGTAATGAGTTTGATGAATTGATACCAGATATC  
 ACTGACCTTAAGCATATGGTTGTTTAGGGGAATCGGCATCTCGAGTAAA  
 ACGTGTCTGCACAAAAGCAGGAGTAACCTTATAGCAATGCTTATGATGTTA  
 GAGATGCGGTACATAAAGCTTATGAGGTGGCACACAGGGCGATGTTATC  
 TTGTTmAGTCTGCGAATGCATCATGGGACATGTATAAGAAATTTGGAAGT  
 CCGTGGTGATGAATTCATTGATACTTTG

SEQ ID NO. 6710

STRAIN JM9130013

GGACGAGTAATGAAAACAATAACAACA

TTTGAAAAATAAAAAAGTTTGTAGTCTTGGTTTAGCAGGATCTGGAGAAGC  
 TGCTGCACTTTGTAGCTAAGTTAGGAGCAATAGTGACAGTTAATGATG  
 GCAAAACCAATTTGATGAAAATCCAACAGCACAGTCTTTGTTGGAAGAGGGT  
 ATTAAGTGGTTTGTGGTAGTCATCCTTTAGAATTGCTAGATGAGGATTT  
 TTGTTACATGATTAAAAATCCAGGAATACCTTATAACAATCCTATGGTCA  
 AAAAGCATTAGAAAAACAATCCCTGTTTGTAGTGAAGTGAATAGCA  
 TACTTAGTTTCAAGTCTCAGCTAATAGGTATTACAGGCTCTAACGGGAA  
 AACGACAACGACACGATGATTGCAGAAAGTCTTAAATGCTGGAGGTCAGA  
 GAGGTTTGTAGCTGGGAATATCGGCTTTCTGCTAGTGAAGTTGTTGAG  
 GCTGCGAATGATAAAGATACTCTAGTTATGGAATTATCAAGTTTTCAGCT  
 AATGGGAGTTAAGGAATTTCTGCTCATATTGCAGTAATTACTAATTTAA  
 TGCCAACCTCATTTAGATTATCATGGGCTTTTGAAGATTATGTTGCTGCA  
 AATGGAATATCCAAAATCAAATGTCTTCATCTGATTTTGTGTTACTTAA  
 TTTTAATCAAGGTATTTCTAAAGAGTTAGCTAAACTACTAAAGCAACAA  
 TCGTTCTTTCTCTACTACGGAAAAAGTTGATGGTGCTTACGTACAAGAC  
 AAGCAACTTTTCTATAAAGGGGAGAAATATTATGTCAGTAGATGACATTGG  
 TGTCCAGGAAGCCATAACGTAGAGAATGCTCTAGCAACTATTGCGGTTG  
 CTAAACTGGCTGGTATCAGTAATCAAGTTATTAGAGAACTTTAAGCAAT  
 TTTGGAGGTGTTAAACACCGCTTGCAATCACTCGGTAAGGTTTATGGTAT  
 TAGCTTCTATAACGACAGCAAGTCACTAATATATTGGCAACTCAAAAAG  
 CATTATCTGGCTTTGATAATACTAAAGTTATCTAATTGTCAGGAGGTCCT  
 GATCGCAGTAATGAGTTTGATGAATTGATACCAGATATCACTGGACTTAA  
 ACATATGGTTGTTTAGGGGAATCGGCATCTCGAGTAAAAAGTGTGTCAC  
 AAAAGCAGGAGTAACCTTATAGCGATGCTTTAGATGTTAGAGATGCGGTA  
 CATAAAGCTTATGAGGTGGCACAAACAGGGCGATGTATCTTGCTAAGTCC  
 TGCAATGTCATCATGGGACATGTATAAGAAATTTGGAAGTCCGTTGGTGATG  
 AATTCTATGATACCTTCGAAAGTCTTAGAGGAGAG

SEQ ID NO. 6710

STRAIN 2603

ggacgagtaatgaaaacaataacaacatttgaaaaataaaaagttttagt  
 ccttggttttagcacgactctggagaagctgctgcacggtttgttagtcaagt  
 taggagcaaatagtgacagttaatgatggcaaacatttgatgaaaatcca  
 acagcacagctcttggtggaagagggattaaagtgggttggtggtagtca  
 tcctttagaattgttagatgaggatttttggttacatgattaaaaatccag  
 gaataccttataacaatcctatggtcaaaaaagcattagaaaaacaatc  
 cctggttttgactgaagtggaaattagcatacttagtttcagaatctcagct  
 aataggattatcacaggtcttaacgggaaaaacgacaacgacaacgatgattg  
 cagaagctcttaaatgctggaggtcagagaggtttgttagctgggaatc  
 ggccttctctgctagtgaagttggtcaggctgcgaatgataaagatactct  
 agttatggaattatcaagttttcagctaatgggagtttaagggaatttcgtc  
 ctcatattgcagtaattactaatttaatgccaactcatttagattatcat  
 gggctctttgaagattatggtgctgcaaaatggaatatccaaaatcaaat  
 gtcttcatctgatttttttggtacttaatttttaatacaaggtatttctaaag  
 agttagctaaaactactaaagcaacaatcgttctctctactacgggaa  
 aaagttgatgggtgcttacgtacaagacaagcaactttctataaaggga  
 gaattattatgctagtagatgacattggtgtcccaggaagccataacgtag  
 agaatgctctagcaactattgctggtgctaaactggctggtatcagtaac  
 caagttattagagaaacttaagcaattttggaggtggttaaacaccgctt  
 gcaatcactcggtaaggttcatggtattagtttctataacgacagcaagt  
 caactaatatattggcaactcaaaaagcattatctggctttgataact  
 aaagttatcctcaattgcaggaggtcttgatcgcggtaatgagtttgatga  
 attgataccagatatcactggacttaacatattggtttgttttaggggaat  
 cggcatctcgagtataaacgtgctgcacaaaaagcaggagtaacttatagc  
 gatgcttttagatgttagagatgcggtacataaagcttatgaggtggcaca  
 acagggcgatgttatctgctaagtcctgcaaatgcatcatgggacatgt  
 ataagaatttcgaagtcggtggtgatgaattcattgatactttcgaaagt  
 ctttagaggagag

Table 67: Comparative Sequences relating to SAG0475

## MSA Alignment Results: Pretty output

PRETTY of: /biotmp/msa30176.2{\*} April 29, 2002 02:09 ..

	1				50
msa30176.2{305_18RS21}	ggacgagtaa	tgaaaaCAAT	AACAACATTT	GAAAAATAAAA	AAGTTTITAGT
msa30176.2{305_2603}	ggacgagtaa	tgaaaaCAAT	AACAACATTT	GAAAAATAAAA	AAGTTTITAGT
msa30176.2{305_A909}	-----	-----CAAT	AACAACATTT	GAAAAATAAAA	AAGTTTITAGT
msa30176.2{305_H36B}	ggacgagtaa	tgaaaaCAAT	AACAACATTT	GAAAAATAAAA	AAGTTTITAGT
msa30176.2{305_JM9130013}	ggacgagtaa	tgaaaaCAAT	AACAACATTT	GAAAAATAAAA	AAGTTTITAGT
msa30176.2{305_COH1}	ggacgagtaa	tgaaaaCAAT	AACAACATTT	GAAAAATAAAA	AAGTTTITAGT
msa30176.2{305_M781}	ggacgagtaa	tgaaaaCAAT	AACAACATTT	GAAAAATAAAA	AAGTTTITAGT
msa30176.2{305e_M732}	ggacgagtaa	tgaaaaCAAT	AACAACATTT	GAAAAATAAAA	AAGTTTITAGT
msa30176.2{305_090}	-----	-----CAAT	AACAACATTT	GAAAAATAAAA	AAGTTTITAGT
msa30176.2{305_CJB110}	ggacgagtaa	tgaaaaCAAT	AACAACATTT	GAAAAATAAAA	AAGTTTITAGT
msa30176.2{305_1169NT}	-----	-----CAAT	AACAACATTT	GAAAAATAAAA	AAGTTTITAGT
Consensus	-----	-----CAAT	AACAACATTT	GAAAAATAAAA	AAGTTTITAGT
	51				100
msa30176.2{305_18RS21}	CCTTGGTTTA	GCACGATCTG	GAGAAGCtGC	TGCACGTTTG	TTAGCTAAGT
msa30176.2{305_2603}	CCTTGGTTTA	GCACGATCTG	GAGAAGCtGC	TGCACGTTTG	TTAGCTAAGT
msa30176.2{305_A909}	CCTTGGTTTA	GCACGATCTG	GAGAAGCtGC	TGCACGTTTG	TTAGCTAAGT
msa30176.2{305_H36B}	CCTTGGTTTA	GCACGATCTG	GAGAAGCtGC	TGCACGTTTG	TTAGCTAAGT
msa30176.2{305_JM9130013}	CCTTGGTTTA	GCACGATCTG	GAGAAGCtGC	TGCACGTTTG	TTAGCTAAGT
msa30176.2{305_COH1}	CCTTGGTTTA	GCACGATCTG	GAGAAGCtGC	TGCACGTTTG	TTAGCTAAGT
msa30176.2{305_M781}	CCTTGGTTTA	GCACGATCTG	GAGAAGCtGC	TGCACGTTTG	TTAGCTAAGT
msa30176.2{305e_M732}	CCTTGGTTTA	GCACGATCTG	GAGAAGCtGC	TGCACGTTTG	TTAGCTAAGT
msa30176.2{305_090}	CCTTGGTTTA	GCACGATCTG	GAGAAGCtGC	TGCACGTTTG	TTAGCTAAGT
msa30176.2{305_CJB110}	CCTTGGTTTA	GCACGATCTG	GAGAAGCtGC	TGCACGTTTG	TTAGCTAAGT
msa30176.2{305_1169NT}	CCTTGGTTTA	GCACGATCTG	GAGAAGCtGC	TGCACGTTTG	TTAGCTAAGT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
	101				150
msa30176.2{305_18RS21}	TAGGAGCAAT	AGTGACAGTT	AATGATGGCA	AACCAITTTGA	TGAAAATCCA
msa30176.2{305_2603}	TAGGAGCAAT	AGTGACAGTT	AATGATGGCA	AACCAITTTGA	TGAAAATCCA
msa30176.2{305_A909}	TAGGAGCAAT	AGTGACAGTT	AATGATGGCA	AACCAITTTGA	TGAAAATCCA
msa30176.2{305_H36B}	TAGGAGCAAT	AGTGACAGTT	AATGATGGCA	AACCAITTTGA	TGAAAATCCA
msa30176.2{305_JM9130013}	TAGGAGCAAT	AGTGACAGTT	AATGATGGCA	AACCAITTTGA	TGAAAATCCA
msa30176.2{305_COH1}	TAGGAGCAAT	AGTGACAGTT	AATGATGGCA	AACCAITTTGA	TGAAAATCCA
msa30176.2{305_M781}	TAGGAGCAAT	AGTGACAGTT	AATGATGGCA	AACCAITTTGA	TGAAAATCCA
msa30176.2{305e_M732}	TAGGAGCAAT	AGTGACAGTT	AATGATGGCA	AACCAITTTGA	TGAAAATCCA
msa30176.2{305_090}	TAGGAGCAAT	AGTGACAGTT	AATGATGGCA	AACCAITTTGA	TGAAAATCCA
msa30176.2{305_CJB110}	TAGGAGCAAT	AGTGACAGTT	AATGATGGCA	AACCAITTTGA	TGAAAATCCA
msa30176.2{305_1169NT}	TAGGAGCAAT	AGTGACAGTT	AATGATGGCA	AACCAITTTGA	TGAAAATCCA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
	151				200
msa30176.2{305_18RS21}	ACAGCACAGT	CTTTGTTGGA	AGAGGGTATT	AAAGTGGTTT	GTGGTAGTCA
msa30176.2{305_2603}	ACAGCACAGT	CTTTGTTGGA	AGAGGGTATT	AAAGTGGTTT	GTGGTAGTCA
msa30176.2{305_A909}	ACAGCACAGT	CTTTGTTGGA	AGAGGGTATT	AAAGTGGTTT	GTGGTAGTCA
msa30176.2{305_H36B}	ACAGCACAGT	CTTTGTTGGA	AGAGGGTATT	AAAGTGGTTT	GTGGTAGTCA
msa30176.2{305_JM9130013}	ACAGCACAGT	CTTTGTTGGA	AGAGGGTATT	AAAGTGGTTT	GTGGTAGTCA
msa30176.2{305_COH1}	ACAGCACAGT	CTTTGTTGGA	AGAGGGTATT	AAAGTGGTTT	GTGGTAGTCA
msa30176.2{305_M781}	ACAGCACAGT	CTTTGTTGGA	AGAGGGTATT	AAAGTGGTTT	GTGGTAGTCA
msa30176.2{305e_M732}	ACAGCACAGT	CTTTGTTGGA	AGAGGGTATT	AAAGTGGTTT	GTGGTAGTCA
msa30176.2{305_090}	ACAGCACAGT	CTTTGTTGGA	AGAGGGTATT	AAAGTGGTTT	GTGGTAGTCA
msa30176.2{305_CJB110}	ACAGCACAGT	CTTTGTTGGA	AGAGGGTATT	AAAGTGGTTT	GTGGTAGTCA
msa30176.2{305_1169NT}	ACAGCACAGT	CTTTGTTGGA	AGAGGGTATT	AAAGTGGTTT	GTGGTAGTCA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
	201				250
msa30176.2{305_18RS21}	TCCTTTAGAA	TTGTTAGATG	AGGATTTTTG	TTACATGATT	AAAAATCCAG
msa30176.2{305_2603}	TCCTTTAGAA	TTGTTAGATG	AGGATTTTTG	TTACATGATT	AAAAATCCAG
msa30176.2{305_A909}	TCCTTTAGAA	TTGTTAGATG	AGGATTTTTG	TTACATGATT	AAAAATCCAG
msa30176.2{305_H36B}	TCCTTTAGAA	TTGTTAGATG	AGGATTTTTG	TTACATGATT	AAAAATCCAG
msa30176.2{305_JM9130013}	TCCTTTAGAA	TTGTTAGATG	AGGATTTTTG	TTACATGATT	AAAAATCCAG
msa30176.2{305_COH1}	TCCTTTAGAA	TTGTTAGATG	AGGATTTTTG	TTACATGATT	AAAAATCCAG
msa30176.2{305_M781}	TCCTTTAGAA	TTGTTAGATG	AGGATTTTTG	TTACATGATT	AAAAATCCAG
msa30176.2{305e_M732}	TCCTTTAGAA	TTGTTAGATG	AGGATTTTTG	TTACATGATT	AAAAATCCAG
msa30176.2{305_090}	TCCTTTAGAA	TTGTTAGATG	AGGATTTTTG	TTACATGATT	AAAAATCCAG
msa30176.2{305_CJB110}	TCCTTTAGAA	TTGTTAGATG	AGGATTTTTG	TTACATGATT	AAAAATCCAG
msa30176.2{305_1169NT}	TCCTTTAGAA	TTGTTAGATG	AGGATTTTTG	TTACATGATT	AAAAATCCAG
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
	251				300
msa30176.2{305_18RS21}	GAATACCTTA	TAACAATCCT	ATGGTCAAAA	AAGCATTAGA	AAAACAAATC
msa30176.2{305_2603}	GAATACCTTA	TAACAATCCT	ATGGTCAAAA	AAGCATTAGA	AAAACAAATC
msa30176.2{305_A909}	GAATACCTTA	TAACAATCCT	ATGGTCAAAA	AAGCATTAGA	AAAACAAATC
msa30176.2{305_H36B}	GAATACCTTA	TAACAATCCT	ATGGTCAAAA	AAGCATTAGA	AAAACAAATC
msa30176.2{305_JM9130013}	GAATACCTTA	TAACAATCCT	ATGGTCAAAA	AAGCATTAGA	AAAACAAATC
msa30176.2{305_COH1}	GAATACCTTA	TAACAATCCT	ATGGTCAAAA	AAGCATTAGA	AAAACAAATC
msa30176.2{305_M781}	GAATACCTTA	TAACAATCCT	ATGGTCAAAA	AAGCATTAGA	AAAACAAATC
msa30176.2{305e_M732}	GAATACCTTA	TAACAATCCT	ATGGTCAAAA	AAGCATTAGA	AAAACAAATC
msa30176.2{305_090}	GAATACCTTA	TAACAATCCT	ATGGTCAAAA	AAGCATTAGA	AAAACAAATC

Table 67: Comparative Sequences relating to SAG0475

msa30176.2{305_CJB110}	GAATACCTTA	TAACAATCCT	ATGGTCAAAA	AAGCATTAGA	AAAACAAATC
msa30176.2{305_1169NT}	GAATACCTTA	TAACAATCCT	ATGGTCAAAA	AAGCATTAGA	AAAACAAATC
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa30176.2{305_18RS21}	CCTGTTTTGA	CTGAAGTGGG	ATTAGCATAC	TTAGTTTCAG	AATCTCAGCT
msa30176.2{305_2603}	CCTGTTTTGA	CTGAAGTGGG	ATTAGCATAC	TTAGTTTCAG	AATCTCAGCT
msa30176.2{305_A909}	CCTGTTTTGA	CTGAAGTGGG	ATTAGCATAC	TTAGTTTCAG	AATCTCAGCT
msa30176.2{305_H36B}	CCTGTTTTGA	CTGAAGTGGG	ATTAGCATAC	TTAGTTTCAG	AATCTCAGCT
msa30176.2{305_JM9130013}	CCTGTTTTGA	CTGAAGTGGG	ATTAGCATAC	TTAGTTTCAG	AATCTCAGCT
msa30176.2{305_COH1}	CCTGTTTTGA	CTGAAGTGGG	ATTAGCATAC	TTAGTTTCAG	AATCTCAGCT
msa30176.2{305_M781}	CCTGTTTTGA	CTGAAGTGGG	ATTAGCATAC	TTAGTTTCAG	AATCTCAGCT
msa30176.2{305e_M732}	CCTGTTTTGA	CTGAAGTGGG	ATTAGCATAC	TTAGTTTCAG	AATCTCAGCT
msa30176.2{305_090}	CCTGTTTTGA	CTGAAGTGGG	ATTAGCATAC	TTAGTTTCAG	AATCTCAGCT
msa30176.2{305_CJB110}	CCTGTTTTGA	CTGAAGTGGG	ATTAGCATAC	TTAGTTTCAG	AATCTCAGCT
msa30176.2{305_1169NT}	CCTGTTTTGA	CTGAAGTGGG	ATTAGCATAC	TTAGTTTCAG	AATCTCAGCT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa30176.2{305_18RS21}	AATAGGTATT	ACAGGCTCTA	ACGGGAAAAC	GACAACGACA	ACGATGATTG
msa30176.2{305_2603}	AATAGGTATT	ACAGGCTCTA	ACGGGAAAAC	GACAACGACA	ACGATGATTG
msa30176.2{305_A909}	AATAGGTATT	ACAGGCTCTA	ACGGGAAAAC	GACAACGACA	ACGATGATTG
msa30176.2{305_H36B}	AATAGGTATT	ACAGGCTCTA	ACGGGAAAAC	GACAACGACA	ACGATGATTG
msa30176.2{305_JM9130013}	AATAGGTATT	ACAGGCTCTA	ACGGGAAAAC	GACAACGACA	ACGATGATTG
msa30176.2{305_COH1}	AATAGGTATT	ACAGGCTCTA	ACGGGAAAAC	GACAACGACA	ACGATGATTG
msa30176.2{305_M781}	AATAGGTATT	ACAGGCTCTA	ACGGGAAAAC	GACAACGACA	ACGATGATTG
msa30176.2{305e_M732}	AATAGGTATT	ACAGGCTCTA	ACGGGAAAAC	GACAACGACA	ACGATGATTG
msa30176.2{305_090}	AATAGGTATT	ACAGGCTCTA	ACGGGAAAAC	GACAACGACA	ACGATGATTG
msa30176.2{305_CJB110}	AATAGGTATT	ACAGGCTCTA	ACGGGAAAAC	GACAACGACA	ACGATGATTG
msa30176.2{305_1169NT}	AATAGGTATT	ACAGGCTCTA	ACGGGAAAAC	GACAACGACA	ACGATGATTG
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa30176.2{305_18RS21}	CAGAAGTCTT	aAATGCTGGA	GGTCAGAGAG	GTTTGTTAGC	TGGGAATATC
msa30176.2{305_2603}	CAGAAGTCTT	aAATGCTGGA	GGTCAGAGAG	GTTTGTTAGC	TGGGAATATC
msa30176.2{305_A909}	CAGAAGTCTT	aAATGCTGGA	GGTCAGAGAG	GTTTGTTAGC	TGGGAATATC
msa30176.2{305_H36B}	CAGAAGTCTT	aAATGCTGGA	GGTCAGAGAG	GTTTGTTAGC	TGGGAATATC
msa30176.2{305_JM9130013}	CAGAAGTCTT	aAATGCTGGA	GGTCAGAGAG	GTTTGTTAGC	TGGGAATATC
msa30176.2{305_COH1}	CAGAAGTCTT	aAATGCTGGA	GGTCAGAGAG	GTTTGTTAGC	TGGGAATATC
msa30176.2{305_M781}	CAGAAGTCTT	aAATGCTGGA	GGTCAGAGAG	GTTTGTTAGC	TGGGAATATC
msa30176.2{305e_M732}	CAGAAGTCTT	aAATGCTGGA	GGTCAGAGAG	GTTTGTTAGC	TGGGAATATC
msa30176.2{305_090}	CAGAAGTCTT	aAATGCTGGA	GGTCAGAGAG	GTTTGTTAGC	TGGGAATATC
msa30176.2{305_CJB110}	CAGAAGTCTT	aAATGCTGGA	GGTCAGAGAG	GTTTGTTAGC	TGGGAATATC
msa30176.2{305_1169NT}	CAGAAGTCTT	aAATGCTGGA	GGTCAGAGAG	GTTTGTTAGC	TGGGAATATC
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa30176.2{305_18RS21}	GGCTTTCCCTG	CTAGTGAAGT	TGTTCAAGCT	GCGaATGATA	AAGATAcTCT
msa30176.2{305_2603}	GGCTTTCCCTG	CTAGTGAAGT	TGTTCAAGCT	GCGaATGATA	AAGATAcTCT
msa30176.2{305_A909}	GGCTTTCCCTG	CTAGTGAAGT	TGTTCAAGCT	GCGaATGATA	AAGATAcTCT
msa30176.2{305_H36B}	GGCTTTCCCTG	CTAGTGAAGT	TGTTCAAGCT	GCGaATGATA	AAGATAcTCT
msa30176.2{305_JM9130013}	GGCTTTCCCTG	CTAGTGAAGT	TGTTCAAGCT	GCGaATGATA	AAGATAcTCT
msa30176.2{305_COH1}	GGCTTTCCCTG	CTAGTGAAGT	TGTTCAAGCT	GCGaATGATA	AAGATAcTCT
msa30176.2{305_M781}	GGCTTTCCCTG	CTAGTGAAGT	TGTTCAAGCT	GCGaATGATA	AAGATAcTCT
msa30176.2{305e_M732}	GGCTTTCCCTG	CTAGTGAAGT	TGTTCAAGCT	GCGaATGATA	AAGATAcTCT
msa30176.2{305_090}	GGCTTTCCCTG	CTAGTGAAGT	TGTTCAAGCT	GCGaATGATA	AAGATAcTCT
msa30176.2{305_CJB110}	GGCTTTCCCTG	CTAGTGAAGT	TGTTCAAGCT	GCGaATGATA	AAGATAcTCT
msa30176.2{305_1169NT}	GGCTTTCCCTG	CTAGTGAAGT	TGTTCAAGCT	GCGaATGATA	AAGATAcTCT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa30176.2{305_18RS21}	AGTTATGGAA	TTATCAAGTT	TTCAGCTAAT	GGGAGTTAAG	GAATTTGCTC
msa30176.2{305_2603}	AGTTATGGAA	TTATCAAGTT	TTCAGCTAAT	GGGAGTTAAG	GAATTTGCTC
msa30176.2{305_A909}	AGTTATGGAA	TTATCAAGTT	TTCAGCTAAT	GGGAGTTAAG	GAATTTGCTC
msa30176.2{305_H36B}	AGTTATGGAA	TTATCAAGTT	TTCAGCTAAT	GGGAGTTAAG	GAATTTGCTC
msa30176.2{305_JM9130013}	AGTTATGGAA	TTATCAAGTT	TTCAGCTAAT	GGGAGTTAAG	GAATTTGCTC
msa30176.2{305_COH1}	AGTTATGGAA	TTATCAAGTT	TTCAGCTAAT	GGGAGTTAAG	GAATTTGCTC
msa30176.2{305_M781}	AGTTATGGAA	TTATCAAGTT	TTCAGCTAAT	GGGAGTTAAG	GAATTTGCTC
msa30176.2{305e_M732}	AGTTATGGAA	TTATCAAGTT	TTCAGCTAAT	GGGAGTTAAG	GAATTTGCTC
msa30176.2{305_090}	AGTTATGGAA	TTATCAAGTT	TTCAGCTAAT	GGGAGTTAAG	GAATTTGCTC
msa30176.2{305_CJB110}	AGTTATGGAA	TTATCAAGTT	TTCAGCTAAT	GGGAGTTAAG	GAATTTGCTC
msa30176.2{305_1169NT}	AGTTATGGAA	TTATCAAGTT	TTCAGCTAAT	GGGAGTTAAG	GAATTTGCTC
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa30176.2{305_18RS21}	CTCATATTGC	AGTAATTACT	AATTTAATGC	CAACTCATT	AGATTATCAT
msa30176.2{305_2603}	CTCATATTGC	AGTAATTACT	AATTTAATGC	CAACTCATT	AGATTATCAT
msa30176.2{305_A909}	CTCATATTGC	AGTAATTACT	AATTTAATGC	CAACTCATT	AGATTATCAT
msa30176.2{305_H36B}	CTCATATTGC	AGTAATTACT	AATTTAATGC	CAACTCATT	AGATTATCAT
msa30176.2{305_JM9130013}	CTCATATTGC	AGTAATTACT	AATTTAATGC	CAACTCATT	AGATTATCAT
msa30176.2{305_COH1}	CTCATATTGC	AGTAATTACT	AATTTAATGC	CAACTCATT	AGATTATCAT
msa30176.2{305_M781}	CTCATATTGC	AGTAATTACT	AATTTAATGC	CAACTCATT	AGATTATCAT
msa30176.2{305e_M732}	CTCATATTGC	AGTAATTACT	AATTTAATGC	CAACTCATT	AGATTATCAT
msa30176.2{305_090}	CTCATATTGC	AGTAATTACT	AATTTAATGC	CAACTCATT	AGATTATCAT
msa30176.2{305_CJB110}	CTCATATTGC	AGTAATTACT	AATTTAATGC	CAACTCATT	AGATTATCAT
msa30176.2{305_1169NT}	CTCATATTGC	AGTAATTACT	AATTTAATGC	CAACTCATT	AGATTATCAT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****

Table 67: Comparative Sequences relating to SAG0475

msa30176.2{305_090}	CTCATATTGC	AGTAATTACT	AATTTAATGC	CAACTCATT	AGATTATCAT
msa30176.2{305_CJB110}	CTCATATTGC	AGTAATTACT	AATTTAATGC	CAACTCATT	AGATTATCAT
msa30176.2{305_1169NT}	CTCATATTGC	AGTAATTACT	AATTTAATGC	CAACTCATT	AGATTATCAT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa30176.2{305_18RS21}	GGGTCITTTG	AAGATATATG	TGCTGCAAAA	TGGAATATCC	AAAAATCAAA
msa30176.2{305_2603}	GGGTCITTTG	AAGATATATG	TGCTGCAAAA	TGGAATATCC	AAAAATCAAA
msa30176.2{305_A909}	GGGTCITTTG	AAGATATATG	TGCTGCAAAA	TGGAATATCC	AAAAATCAAA
msa30176.2{305_H36B}	GGGTCITTTG	AAGATATATG	TGCTGCAAAA	TGGAATATCC	AAAAATCAAA
msa30176.2{305_JM9130013}	GGGTCITTTG	AAGATATATG	TGCTGCAAAA	TGGAATATCC	AAAAATCAAA
msa30176.2{305_COH1}	GGGTCITTTG	AAGATATATG	TGCTGCAAAA	TGGAATATCC	AAAAATCAAA
msa30176.2{305_M781}	GGGTCITTTG	AAGATATATG	TGCTGCAAAA	TGGAATATCC	AAAAATCAAA
msa30176.2{305e_M732}	GGGTCITTTG	AAGATATATG	TGCTGCAAAA	TGGAATATCC	AAAAATCAAA
msa30176.2{305_090}	GGGTCITTTG	AAGATATATG	TGCTGCAAAA	TGGAATATCC	AAAAATCAAA
msa30176.2{305_CJB110}	GGGTCITTTG	AAGATATATG	TGCTGCAAAA	TGGAATATCC	AAAAATCAAA
msa30176.2{305_1169NT}	GGGTCITTTG	AAGATATATG	TGCTGCAAAA	TGGAATATCC	AAAAATCAAA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa30176.2{305_18RS21}	GTCTTCATCT	GATTTTTTGG	TACTTAATTT	TAATCAAGGT	ATTTCTAAAG
msa30176.2{305_2603}	GTCTTCATCT	GATTTTTTGG	TACTTAATTT	TAATCAAGGT	ATTTCTAAAG
msa30176.2{305_A909}	GTCTTCATCT	GATTTTTTGG	TACTTAATTT	TAATCAAGGT	ATTTCTAAAG
msa30176.2{305_H36B}	GTCTTCATCT	GATTTTTTGG	TACTTAATTT	TAATCAAGGT	ATTTCTAAAG
msa30176.2{305_JM9130013}	GTCTTCATCT	GATTTTTTGG	TACTTAATTT	TAATCAAGGT	ATTTCTAAAG
msa30176.2{305_COH1}	GTCTTCATCT	GATTTTTTGG	TACTTAATTT	TAATCAAGGT	ATTTCTAAAG
msa30176.2{305_M781}	GTCTTCATCT	GATTTTTTGG	TACTTAATTT	TAATCAAGGT	ATTTCTAAAG
msa30176.2{305e_M732}	GTCTTCATCT	GATTTTTTGG	TACTTAATTT	TAATCAAGGT	ATTTCTAAAG
msa30176.2{305_090}	GTCTTCATCT	GATTTTTTGG	TACTTAATTT	TAATCAAGGT	ATTTCTAAAG
msa30176.2{305_CJB110}	GTCTTCATCT	GATTTTTTGG	TACTTAATTT	TAATCAAGGT	ATTTCTAAAG
msa30176.2{305_1169NT}	GTCTTCATCT	GATTTTTTGG	TACTTAATTT	TAATCAAGGT	ATTTCTAAAG
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa30176.2{305_18RS21}	AGTTAGCTAA	AACACTAAA	GCAACAATCG	TTCCITTTCTC	TACTACGGAA
msa30176.2{305_2603}	AGTTAGCTAA	AACACTAAA	GCAACAATCG	TTCCITTTCTC	TACTACGGAA
msa30176.2{305_A909}	AGTTAGCTAA	AACACTAAA	GCAACAATCG	TTCCITTTCTC	TACTACGGAA
msa30176.2{305_H36B}	AGTTAGCTAA	AACACTAAA	GCAACAATCG	TTCCITTTCTC	TACTACGGAA
msa30176.2{305_JM9130013}	AGTTAGCTAA	AACACTAAA	GCAACAATCG	TTCCITTTCTC	TACTACGGAA
msa30176.2{305_COH1}	AGTTAGCTAA	AACACTAAA	GCAACAATCG	TTCCITTTCTC	TACTACGGAA
msa30176.2{305_M781}	AGTTAGCTAA	AACACTAAA	GCAACAATCG	TTCCITTTCTC	TACTACGGAA
msa30176.2{305e_M732}	AGTTAGCTAA	AACACTAAA	GCAACAATCG	TTCCITTTCTC	TACTACGGAA
msa30176.2{305_090}	AGTTAGCTAA	AACACTAAA	GCAACAATCG	TTCCITTTCTC	TACTACGGAA
msa30176.2{305_CJB110}	AGTTAGCTAA	AACACTAAA	GCAACAATCG	TTCCITTTCTC	TACTACGGAA
msa30176.2{305_1169NT}	AGTTAGCTAA	AACACTAAA	GCAACAATCG	TTCCITTTCTC	TACTACGGAA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa30176.2{305_18RS21}	AAAGTTGATG	GTGCTTACGT	ACAAGACAAG	CAACTTTTCT	ATAAAGGGGA
msa30176.2{305_2603}	AAAGTTGATG	GTGCTTACGT	ACAAGACAAG	CAACTTTTCT	ATAAAGGGGA
msa30176.2{305_A909}	AAAGTTGATG	GTGCTTACGT	ACAAGACAAG	CAACTTTTCT	ATAAAGGGGA
msa30176.2{305_H36B}	AAAGTTGATG	GTGCTTACGT	ACAAGACAAG	CAACTTTTCT	ATAAAGGGGA
msa30176.2{305_JM9130013}	AAAGTTGATG	GTGCTTACGT	ACAAGACAAG	CAACTTTTCT	ATAAAGGGGA
msa30176.2{305_COH1}	AAAGTTGATG	GTGCTTACGT	ACAAGACAAG	CAACTTTTCT	ATAAAGGGGA
msa30176.2{305_M781}	AAAGTTGATG	GTGCTTACGT	ACAAGACAAG	CAACTTTTCT	ATAAAGGGGA
msa30176.2{305e_M732}	AAAGTTGATG	GTGCTTACGT	ACAAGACAAG	CAACTTTTCT	ATAAAGGGGA
msa30176.2{305_090}	AAAGTTGATG	GTGCTTACGT	ACAAGACAAG	CAACTTTTCT	ATAAAGGGGA
msa30176.2{305_CJB110}	AAAGTTGATG	GTGCTTACGT	ACAAGACAAG	CAACTTTTCT	ATAAAGGGGA
msa30176.2{305_1169NT}	AAAGTTGATG	GTGCTTACGT	ACAAGACAAG	CAACTTTTCT	ATAAAGGGGA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa30176.2{305_18RS21}	GAATATTATG	TcAGTAGAtG	ACATTGGTGT	CCCAGGAAGC	CATAACGTAG
msa30176.2{305_2603}	GAATATTATG	TcAGTAGAtG	ACATTGGTGT	CCCAGGAAGC	CATAACGTAG
msa30176.2{305_A909}	GAATATTATG	TcAGTAGAtG	ACATTGGTGT	CCCAGGAAGC	CATAACGTAG
msa30176.2{305_H36B}	GAATATTATG	TcAGTAGAtG	ACATTGGTGT	CCCAGGAAGC	CATAACGTAG
msa30176.2{305_JM9130013}	GAATATTATG	TcAGTAGAtG	ACATTGGTGT	CCCAGGAAGC	CATAACGTAG
msa30176.2{305_COH1}	GAATATTATG	TcAGTAGAtG	ACATTGGTGT	CCCAGGAAGC	CATAACGTAG
msa30176.2{305_M781}	GAATATTATG	TcAGTAGAtG	ACATTGGTGT	CCCAGGAAGC	CATAACGTAG
msa30176.2{305e_M732}	GAATATTATG	TcAGTAGAtG	ACATTGGTGT	CCCAGGAAGC	CATAACGTAG
msa30176.2{305_090}	GAATATTATG	TcAGTAGAtG	ACATTGGTGT	CCCAGGAAGC	CATAACGTAG
msa30176.2{305_CJB110}	GAATATTATG	TcAGTAGAtG	ACATTGGTGT	CCCAGGAAGC	CATAACGTAG
msa30176.2{305_1169NT}	GAATATTATG	TcAGTAGAtG	ACATTGGTGT	CCCAGGAAGC	CATAACGTAG
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa30176.2{305_18RS21}	AGAATGCTCT	AGCAACTATT	GCGGTTGCTA	AACtGCTGG	TATCAGTAAT
msa30176.2{305_2603}	AGAATGCTCT	AGCAACTATT	GCGGTTGCTA	AACtGCTGG	TATCAGTAAT
msa30176.2{305_A909}	AGAATGCTCT	AGCAACTATT	GCGGTTGCTA	AACtGCTGG	TATCAGTAAT
msa30176.2{305_H36B}	AGAATGCTCT	AGCAACTATT	GCGGTTGCTA	AACtGCTGG	TATCAGTAAT
msa30176.2{305_JM9130013}	AGAATGCTCT	AGCAACTATT	GCGGTTGCTA	AACtGCTGG	TATCAGTAAT
msa30176.2{305_COH1}	AGAATGCTCT	AGCAACTATT	GCGGTTGCTA	AACtGCTGG	TATCAGTAAT
msa30176.2{305_M781}	AGAATGCTCT	AGCAACTATT	GCGGTTGCTA	AACtGCTGG	TATCAGTAAT

Table 67: Comparative Sequences relating to SAG0475

msa30176.2{305e_M732}	AGAATGCTCT	AGCAACTATT	GCGGTTGCTA	AACtaGCTGG	TATCAGTAAT	
msa30176.2{305_090}	AGAATGCTCT	AGCAACTATT	GCGGTTGCTA	AACtaGCTGG	TATCAGTAAT	
msa30176.2{305_CJB110}	AGAATGCTCT	AGCAACTATT	GCGGTTGCTA	AACtaGCTGG	TATCAGTAAT	
msa30176.2{305_1169NT}	AGAATGCTCT	AGCAACTATT	GCGGTTGCTA	AACtaGCTGG	TATCAGTAAT	
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****	
msa30176.2{305_18RS21}	901	CAAGTTATTA	GAGAACTTT	AAGCAATTTT	GGAGGTGTTA	AACACCGCTT
msa30176.2{305_2603}	901	CAAGTTATTA	GAGAACTTT	AAGCAATTTT	GGAGGTGTTA	AACACCGCTT
msa30176.2{305_A909}	901	CAAGTTATTA	GAGAACTTT	AAGCAATTTT	GGAGGTGTTA	AACACCGCTT
msa30176.2{305_H36B}	901	CAAGTTATTA	GAGAACTTT	AAGCAATTTT	GGAGGTGTTA	AACACCGCTT
msa30176.2{305_JM9130013}	901	CAAGTTATTA	GAGAACTTT	AAGCAATTTT	GGAGGTGTTA	AACACCGCTT
msa30176.2{305_COH1}	901	CAAGTTATTA	GAGAACTTT	AAGCAATTTT	GGAGGTGTTA	AACACCGCTT
msa30176.2{305_M781}	901	CAAGTTATTA	GAGAACTTT	AAGCAATTTT	GGAGGTGTTA	AACACCGCTT
msa30176.2{305e_M732}	901	CAAGTTATTA	GAGAACTTT	AAGCAATTTT	GGAGGTGTTA	AACACCGCTT
msa30176.2{305_090}	901	CAAGTTATTA	GAGAACTTT	AAGCAATTTT	GGAGGTGTTA	AACACCGCTT
msa30176.2{305_CJB110}	901	CAAGTTATTA	GAGAACTTT	AAGCAATTTT	GGAGGTGTTA	AACACCGCTT
msa30176.2{305_1169NT}	901	CAAGTTATTA	GAGAACTTT	AAGCAATTTT	GGAGGTGTTA	AACACCGCTT
Consensus	901	*****	*****	*****	*****	*****
msa30176.2{305_18RS21}	951	GCAATCACTC	GGTAAGGTTT	ATGGTATTAG	TTTCTATAAC	GACAGcAAGt
msa30176.2{305_2603}	951	GCAATCACTC	GGTAAGGTTT	ATGGTATTAG	TTTCTATAAC	GACAGcAAGt
msa30176.2{305_A909}	951	GCAATCACTC	GGTAAGGTTT	ATGGTATTAG	TTTCTATAAC	GACAGcAAGt
msa30176.2{305_H36B}	951	GCAATCACTC	GGTAAGGTTT	ATGGTATTAG	TTTCTATAAC	GACAGcAAG-
msa30176.2{305_JM9130013}	951	GCAATCACTC	GGTAAGGTTT	ATGGTATTAG	TTTCTATAAC	GACAGcAAGt
msa30176.2{305_COH1}	951	GCAATCACTC	GGTAAGGTTT	ATGGTATTAG	TTTCTATAAC	GACAGcAAGt
msa30176.2{305_M781}	951	GCAATCACTC	GGTAAGGTTT	ATGGTATTAG	TTTCTATAAC	GACAGcAAGt
msa30176.2{305e_M732}	951	GCAATCACTC	GGTAAGGTTT	ATGGTATTAG	TTTCTATAAC	GACAGcAAGt
msa30176.2{305_090}	951	GCAATCACTC	GGTAAGGTTT	ATGGTATTAG	TTTCTATAAC	GACAGcAAGt
msa30176.2{305_CJB110}	951	GCAATCACTC	GGTAAGGTTT	ATGGTATTAG	TTTCTATAAC	GACAGcAAGt
msa30176.2{305_1169NT}	951	GCAATCACTC	GGTAAGGTTT	ATGGTATTAG	TTTCTATAAC	GACAGcAAGt
Consensus	951	*****	*****	*****	*****	*****
msa30176.2{305_18RS21}	1001	caactaatat	attggcaact	caaaaagcat	tatctggcct	tgataatact
msa30176.2{305_2603}	1001	caactaatat	attggcaact	caaaaagcat	tatctggcct	tgataatact
msa30176.2{305_A909}	1001	caactaatat	attggcaact	caaaaagcat	tatctggcct	tgataatact
msa30176.2{305_H36B}	1001	caactaatat	attggcaact	caaaaagcat	tatctggcct	tgataatact
msa30176.2{305_JM9130013}	1001	caactaatat	attggcaact	caaaaagcat	tatctggcct	tgataatact
msa30176.2{305_COH1}	1001	caactaatat	attggcaact	caaaaagcat	tatctggcct	tgataatact
msa30176.2{305_M781}	1001	caactaatat	attggcaact	caaaaagcat	tatctggcct	tgataatact
msa30176.2{305e_M732}	1001	caactaatat	attggcaact	caaaaagcat	tatctggcct	tgataatact
msa30176.2{305_090}	1001	caactaatat	attggcaact	caaaaagcat	tatctggcct	tgataatact
msa30176.2{305_CJB110}	1001	caactaatat	attggcaact	caaaaagcat	tatctggcct	tgataatact
msa30176.2{305_1169NT}	1001	caactaatat	attggcaact	caaaaagcat	tatctggcct	tgataatact
Consensus	1001	*****	*****	*****	*****	*****
msa30176.2{305_18RS21}	1051	aaagttatcc	taattgcagg	aggctcttgat	cgcggtaaatg	agtttgatga
msa30176.2{305_2603}	1051	aaagttatcc	taattgcagg	aggctcttgat	cgcggtaaatg	agtttgatga
msa30176.2{305_A909}	1051	aaagttatcc	taattgcagg	aggctcttgat	cgcggtaaatg	agtttgatga
msa30176.2{305_H36B}	1051	aaagttatcc	taattgcagg	aggctcttgat	cgcggtaaatg	agtttgatga
msa30176.2{305_JM9130013}	1051	aaagttatcc	taattgcagg	aggctcttgat	cgcggtaaatg	agtttgatga
msa30176.2{305_COH1}	1051	aaagttatcc	taattgcagg	aggctcttgat	cgcggtaaatg	agtttgatga
msa30176.2{305_M781}	1051	aaagttatcc	taattgcagg	aggctcttgat	cgcggtaaatg	agtttgatga
msa30176.2{305e_M732}	1051	aaagttatcc	taattgcagg	aggctcttgat	cgcggtaaatg	agtttgatga
msa30176.2{305_090}	1051	aaagttatcc	taattgcagg	aggctcttgat	cgcggtaaatg	agtttgatga
msa30176.2{305_CJB110}	1051	aaagttatcc	taattgcagg	aggctcttgat	cgcggtaaatg	agtttgatga
msa30176.2{305_1169NT}	1051	aaagttatcc	taattgcagg	aggctcttgat	cgcggtaaatg	agtttgatga
Consensus	1051	*****	*****	*****	*****	*****
msa30176.2{305_18RS21}	1101	attgatacca	gatatactg	gacttaaaaca	tatggttggt	ttaggggaat
msa30176.2{305_2603}	1101	attgatacca	gatatactg	gacttaaaaca	tatggttggt	ttaggggaat
msa30176.2{305_A909}	1101	attgatacca	gatatactg	gacttaaaaca	tatggttggt	ttaggggaat
msa30176.2{305_H36B}	1101	attgatacca	gatatactg	gacttaaaaca	tatggttggt	ttaggggaat
msa30176.2{305_JM9130013}	1101	attgatacca	gatatactg	gacttaaaaca	tatggttggt	ttaggggaat
msa30176.2{305_COH1}	1101	attgatacca	gatatactg	gacttaaaaca	tatggttggt	ttaggggaat
msa30176.2{305_M781}	1101	attgatacca	gatatactg	gacttaaaaca	tatggttggt	ttaggggaat
msa30176.2{305e_M732}	1101	attgatacca	gatatactg	gacttaaaaca	tatggttggt	ttaggggaat
msa30176.2{305_090}	1101	attgatacca	gatatactg	gacttaaaaca	tatggttggt	ttaggggaat
msa30176.2{305_CJB110}	1101	attgatacca	gatatactg	gacttaaaaca	tatggttggt	ttaggggaat
msa30176.2{305_1169NT}	1101	attgatacca	gatatactg	gacttaaaaca	tatggttggt	ttaggggaat
Consensus	1101	*****	*****	*****	*****	*****
msa30176.2{305_18RS21}	1151	cggcatctcg	agtaaaacgt	gctgcacaaa	aagcaggagt	aacttatagc
msa30176.2{305_2603}	1151	cggcatctcg	agtaaaacgt	gctgcacaaa	aagcaggagt	aacttatagc
msa30176.2{305_A909}	1151	cggcatctcg	agtaaaacgt	gctgcacaaa	aagcaggagt	aacttatagc
msa30176.2{305_H36B}	1151	cggcatctcg	agtaaaacgt	gctgcacaaa	aagcaggagt	aacttatagc
msa30176.2{305_JM9130013}	1151	cggcatctcg	agtaaaacgt	gctgcacaaa	aagcaggagt	aacttatagc
msa30176.2{305_COH1}	1151	cggcatctcg	agtaaaacgt	gctgcacaaa	aagcaggagt	aacttatagc

Table 67: Comparative Sequences relating to SAG0475

msa30176.2{305_M781}	cgggcatctcg	agtaaaacgt	gctgcacaaa	aagcaggagt	aacttatagc
msa30176.2{305e_M732}	cgggcatctcg	agtaaaacgt	gctgcacaaa	aagcaggagt	aacttatagc
msa30176.2{305_090}	cgggcatctcg	agtaaaacgt	gctgcacaaa	aagcaggagt	aacttatagc
msa30176.2{305_CJB110}	cgggcatctcg	agtaaaacgt	gctgcacaaa	aagcaggagt	aacttatagc
msa30176.2{305_1169NT}	cgggcatctcg	agtaaaacgt	gctgcacaaa	aagcaggagt	aacttatagc
Consensus	-----	-----	-----	-----	-----
msa30176.2{305_18RS21}	gatgcttttag	atggttagaga	tgcggtacat	aaagcttatg	aggtggcaca
msa30176.2{305_2603}	gatgcttttag	atggttagaga	tgcggtacat	aaagcttatg	aggtggcaca
msa30176.2{305_A909}	gatgcttttag	atggttagaga	tgcggtacat	aaagcttatg	aggtggcaca
msa30176.2{305_H36B}	-----	-----	-----	-----	-----
msa30176.2{305_JM9130013}	gatgcttttag	atggttagaga	tgcggtacat	aaagcttatg	aggtggcaca
msa30176.2{305_COH1}	gatgcttttag	atggttagaga	tgcggtacat	aaagcttatg	aggtggcaca
msa30176.2{305_M781}	gatgcttttag	atggttagaga	tgcggtacat	aaagcttatg	aggtggcaca
msa30176.2{305e_M732}	gatgcttttag	atggttagaga	tgcggtacat	aaagcttatg	aggtggcaca
msa30176.2{305_090}	gatgcttttag	atggttagaga	tgcggtacat	aaagcttatg	aggtggcaca
msa30176.2{305_CJB110}	gatgcttttag	atggttagaga	tgcggtacat	aaagcttatg	aggtggcaca
msa30176.2{305_1169NT}	aatgcttttag	atggttagaga	tgcggtacat	aaagcttatg	aggtggcaca
Consensus	-----	-----	-----	-----	-----
msa30176.2{305_18RS21}	acagggcgcat	gttatcttgc	taagtcctgc	aaatgcatca	tgggacatgt
msa30176.2{305_2603}	acagggcgcat	gttatcttgc	taagtcctgc	aaatgcatca	tgggacatgt
msa30176.2{305_A909}	acagggcgcat	gttatcttgc	taagtcctgc	aaatgcatca	tgggacatgt
msa30176.2{305_H36B}	-----	-----	-----	-----	-----
msa30176.2{305_JM9130013}	acagggcgcat	gttatcttgc	taagtcctgc	aaatgcatca	tgggacatgt
msa30176.2{305_COH1}	acagggcgcat	gttatcttgc	taagtcctgc	aaatgcatca	tgggacatgt
msa30176.2{305_M781}	acagggcgcat	gttatcttgc	taagtcctgc	aaatgcatca	tgggacatgt
msa30176.2{305e_M732}	acagggcgcat	gttatcttgc	taagtcctgc	aaatgcatca	tgggacatgt
msa30176.2{305_090}	acagggcgcat	gttatcttgc	taagtcctgc	aaatgcatca	tgggacatgt
msa30176.2{305_CJB110}	acagggcgcat	gttatcttgc	taagtcctgc	aaatgcatca	tgggacatgt
msa30176.2{305_1169NT}	acagggcgcat	gttatcttgc	taagtcctgc	aaatgcatca	tgggacatgt
Consensus	-----	-----	-----	-----	-----
msa30176.2{305_18RS21}	ataagaattt	cgaagtcctg	ggtgatgaat	tcattgatac	tttcgaaagt
msa30176.2{305_2603}	ataagaattt	cgaagtcctg	ggtgatgaat	tcattgatac	tttcgaaagt
msa30176.2{305_A909}	ataagaattt	cgaagtcctg	ggtgatgaat	tcattgatac	tttcgaaagt
msa30176.2{305_H36B}	-----	-----	-----	-----	-----
msa30176.2{305_JM9130013}	ataagaattt	cgaagtcctg	ggtgatgaat	tcattgatac	tttcgaaagt
msa30176.2{305_COH1}	ataagaattt	cgaagtcctg	ggtgatgaat	tcattgatac	tttcgaaa--
msa30176.2{305_M781}	ataagaattt	cgaagtcctg	ggtgatgaat	tcattgatac	tttcgaaagt
msa30176.2{305e_M732}	ataagaattt	cgaagtcctg	ggtgatgaat	tcattgatac	tttcgaaagt
msa30176.2{305_090}	ataagaattt	cgaagtcctg	ggtgatgaat	tcattgatac	tttcgaaagt
msa30176.2{305_CJB110}	ataagaattt	cgaagtcctg	ggtgatgaat	tcattgatac	tttcgaaagt
msa30176.2{305_1169NT}	ataagaattt	cgaagtcctg	ggtgatgaat	tcattgatac	tttcg----
Consensus	-----	-----	-----	-----	-----
msa30176.2{305_18RS21}	cttagaggag	ag			
msa30176.2{305_2603}	cttagaggag	ag			
msa30176.2{305_A909}	cttagaggag	ag			
msa30176.2{305_H36B}	-----	-----			
msa30176.2{305_JM9130013}	cttagaggag	ag			
msa30176.2{305_COH1}	-----	-----			
msa30176.2{305_M781}	cttagaggag	ag			
msa30176.2{305e_M732}	cttagaggag	ag			
msa30176.2{305_090}	cttagaggag	ag			
msa30176.2{305_CJB110}	cttagaggag	ag			
msa30176.2{305_1169NT}	-----	-----			
Consensus	-----	---			

SEQ ID NO. 6711

STRAIN 090 frame: 3

ITTFENKKVLVLGLARSGEAAARLLAKLGAIVTVNDGKPFDENPTAQSLLEEGIKVVCGS  
 HPLELLDEDFCYMIKNPGIPYNNPMVKIALEKQIPVLTEVELAYLVSESQLIGITGSNGK  
 TTTTMTIAEVLNAGGQRGLLAGNIGFPASEVVQAADDKDILVMELSSFQLMGVKEFRPHI  
 AVITNLMPTHLDYHGSFEDYVAAKWNIQNMSSSDFLVLFNQGISKEIAKTTKATIVPF  
 STTEKVDGAYVDKQLFYKGENIMLVDDIGVPGSHNVENALATIAVAKLAGISNQVIRET  
 LSNFGGVKHLRQLSLGVKHGISFYNDKSTNIALATQKALSGFDNTKVIILAGGLDRGNEFD  
 ELIPDITGLKHMVVLGESASRVKRAAQKAGVTYSDALDVRDAVHKAYEVAQQGDVILLSP  
 ANASWDMYKNFVRGDEFIDTFESLRGE

SEQ ID NO. 6712

STRAIN A909 frame: 3

ITTFENKKVLVLGLARSGEAAARLLAKLGAIVTVNDGKPFDENPTAQSLLEEGIKVVCGS  
 HPLELLDEDFCYMIKNPGIPYNNPMVKIALEKQIPVLTEVELAYLVSESQLIGITGSNGK  
 TTTTMTIAEVLNAGGQRGLLAGNIGFPASEVVQAANDKOTLVMELSSFQLMGVKEFRPHI  
 AVITNLMPTHLDYHGSFEDYVAAKWNIQNMSSSDFLVLFNQGISKEIAKTTKATIVPF  
 STTEKVDGAYVDKQLFYKGENIMSVDDIGVPGSHNVXNALATIAVAKLAGISNQVIRET  
 LSNFGGVKHLRQLSLGVKHGISFYNDKSTNIALATQKALSGFDNTKVIILAGGLDRGNEFD

Table 67: Comparative Sequences relating to SAG0475

ELIPDITGLKHMVVLGESASRVKRAAQKAGVTYSDALDVRDAVHKAYEVAQQGDVILLSP  
ANASWDMYKNFEVRGDEFIDTFESLRGE

SEQ ID NO. 6713

STRAIN H36B frame: 1

GRVMKTIITTFENKKVLVLGLARSGEAAARLLAKLGAI VTVNDGKPFDENPTAQSLLLEEGI  
KVVCSSHPLLELLEDDEFCYMIKNPGI PYNPNMVKKALEKQIPVLTEVELAYLVSESQIIGI  
TGSNGKTTTTMTIAEVLNAGGQRLLAGNIGFPASEVVQAANDKDTLVMELSSFQLMGVK  
EFRPHIAVITNLMPTHLDDYHGSFEDYVAAKWNIONQMSSDFLVLFNFQGISKELAKTTK  
ATIVPFSTTEKVDGAYVQDKQLFYKGENIMSVDDIGVPGSHNVENALATIAVAKLAGISN  
QVIRETLSNFGGVKHLRQLSLGKVHGISFYNDK

SEQ ID NO. 6714

STRAIN 18RS21 frame: 1

GRVMKTIITTFENKKVLVLGLARSGEAAARLLAKLGAI VTVNDGKPFDENPTAQSLLLEEGI  
KVVCSSHPLLELLEDDEFCYMIKNPGI PYNPNMVKKALEKQIPVLTEVELAYLVSESQIIGI  
TGSNGKTTTTMTIAEVLNAGGQRLLAGNIGFPASEVVQAANDKDTLVMELSSFQLMGVK  
EFRPHIAVITNLMPTHLDDYHGSFEDYVAAKWNIONQMSSDFLVLFNFQGISKELAKTTK  
ATIVPFSTTEKVDGAYVQDKQLFYKGENIMSVDDIGVPGSHNVENALATIAVAKLAGISN  
QVIRETLSNFGGVKHLRQLSLGKVHGISFYNDKSKSTNILATQKALSGFDNTKVILIAGGLD  
RGNEFDELI PDITGLKHMVVLGESASRVKRAAQKAGVTYSDALDVRDAVHKAYEVAQQGD  
VILLSPANASWDMYKNFEVRGDEFIDTFESLRGE

SEQ ID NO. 6715

STRAIN M732 frame: 1

GRVMKTIITTFENKKVLVLGLARSGEAAARLLAKLGAI VTVNDGKPFDENPTAQSLLLEEGI  
KVVCSSHPLLELLEDDEFCYMIKNPGI PYNPNMVKKALEKQIPVLTEVELAYLVSESQIIGI  
TGSNGKTTTTMTIAEVLNAGGQRLLAGNIGFPASEVVQAANDKDTLVMELSSFQLMGVK  
EFRPHIAVITNLMPTHLDDYHGSFEDYVAAKWNIONQMSSDFLVLFNFQGISKELAKTTK  
ATIVPFSTTEKVDGAYVQDKQLFYKGENIMSVDDIGVPGSHNVENALATIAVAKLAGISN  
QVIRETLSNFGGVKHLRQLSLGKVHGISFYNDKSKSTNILATQKALSGFDNTKVILIAGGLD  
RGNEFDELI PDITGLKHMVVLGESASRVKRAAQKAGVTYSDALDVRDAVHKAYEVAQQGD  
VILLSPANASWDMYKNFEVRGDEFIDTFESLRGE

SEQ ID NO. 6716

STRAIN COH1 frame: 1

GRVMKTIITTFENKKVLVLGLARSGEAAARLLAKLGAI VTVNDGKPFDENPTAQSLLLEEGI  
KVVCSSHPLLELLEDDEFCYMIKNPGI PYNPNMVKKALEKQIPVLTEVELAYLVSESQIIGI  
TGSNGKTTTTMTIAEVLNAGGQRLLAGNIGFPASEVVQAANDKDTLVMELSSFQLMGVK  
EFRPHIAVITNLMPTHLDDYHGSFEDYVAAKWNIONQMSSDFLVLFNFQGISKELAKTTK  
ATIVPFSTTEKVDGAYVQDKQLFYKGENIMSVDDIGVPGSHNVENALATIAVAKLAGISN  
QVIRETLSNFGGVKHLRQLSLGKVHGISFYNDKSKSTNILATQKALSGFDNTKVILIAGGLD  
RGNEFDELI PDITGLKHMVVLGESASRVKRAAQKAGVTYSDALDVRDAVHKAYEVAQQGD  
VILLSPANASWDMYKNFEVRGDEFIDTFE

SEQ ID NO. 6717

STRAIN M781 frame: 1

GRVMKTIITTFENKKVLVLGLARSGEAAARLLAKLGAI VTVNDGKPFDENPTAQSLLLEEGI  
KVVCSSHPLLELLEDDEFCYMIKNPGI PYNPNMVKKALEKQIPVLTEVELAYLVSESQIIGI  
TGSNGKTTTTMTIAEVLNAGGQRLLAGNIGFPASEVVQAANDKDTLVMELSSFQLMGVK  
EFRPHIAVITNLMPTHLDDYHGSFEDYVAAKWNIONQMSSDFLVLFNFQGISKELAKTTK  
ATIVPFSTTEKVDGAYVQDKQLFYKGENIMSVDDIGVPGSHNVENALATIAVAKLAGISN  
QVIRETLSNFGGVKHLRQLSLGKVHGISFYNDKSKSTNILATQKALSGFDNTKVILIAGGLD  
RGNEFDELI PDITGLKHMVVLGESASRVKRAAQKAGVTYSDALDVRDAVHKAYEVAQQGD  
VILLSPANASWDMYKNFEVRGDEFIDTFESLRGE

SEQ ID NO. 6718

STRAIN CJB110 frame: 1

GRVMKTIITTFENKKVLVLGLARSGEAAARLLAKLGAI VTVNDGKPFDENPTAQSLLLEEGI  
KVVCSSHPLLELLEDDEFCYMIKNPGI PYNPNMVKKALEKQIPVLTEVELAYLVSESQIIGI  
TGSNGKTTTTMTIAEVLNAGGQRLLAGNIGFPASEVVQAANDKDTLVMELSSFQLMGVK  
EFRPHIAVITNLMPTHLDDYHGSFEDYVAAKWNIONQMSSDFLVLFNFQGISKELAKTTK  
ATIVPFSTTEKVDGAYVQDKQLFYKGENIMSVDDIGVPGSHNVENALATIAVAKLAGISN  
QVIRETLSNFGGVKHLRQLSLGKVHGISFYNDKSKSTNILATQKALSGFDNTKVILIAGGLD  
RGNEFDELI PDITGLKHMVVLGESASRVKRAAQKAGVTYSDALDVRDAVHKAYEVAQQGD  
VILLSPANASWDMYKNFEVRGDEFIDTFESLRGE

SEQ ID NO. 6719

STRAIN 1169NT frame: 3

ITTFENKKVLVLGLARSGEAAARLLAKLGAI VTVNDGKPFDENPTAQSLLLEEGI KVVCSS  
HPLLELLEDDEFCYMIKNPGI PYNPNMVKKALEKQIPVLTEVELAYLVSESQIIGI TGSNGK  
TTTTMTIAEVLNAGGQRLLAGNIGFPASEVVQAANDKDTLVMELSSFQLMGVKEFRPHI  
AVITNLMPTHLDDYHGSFEDYVAAKWNIONQMSSDFLVLFNFQGISKELAKTTKATIVPF  
STTEKVDGAYVQDKQLFYKGENIMSVDDIGVPGSHNVENALATIAVAKLAGISNQVIRET  
LSNFGGVKHLRQLSLGKVHGISFYNDKSKSTNILATQKALSGFDNTKVILIAGGLDRGNEFD  
ELIPDITGLKHMVVLGESASRVKRAAQKAGVTYSDALDVRDAVHKAYEVAQQGDVILKSP  
ANASWDMYKNFEVRGDEFIDTF

Table 67: Comparative Sequences relating to SAG0475

SEQ ID NO. 6720

STRAIN JM9130013 frame: 1

GRVMKTIITTFENKKVLVLGLARSGEAAARLLAKLGAIVTVNDGKPFDENPTAQSLLLEEGI  
 KVVCGSHPLELLEDDFCYMIKNPGIPYNNPMVKKALEKQIPVLTEVELAYLVSESQLIGI  
 TGSNGKTTTTMTIAEVLNAGGQRLLAGNIGFPASEVVQAANDKDTLVMELSSSFQLMGVK  
 EFRPHIAVITNLMPTHLDDYHGSFEDYVAAKWNINQNMSSSDFVLNFNQGISKELAKTTK  
 ATIVPSTTEKVDGAYVQDKQLFYKGENIMSVDDIGVPGSHNVENALATIAVAKLAGISN  
 QVIRETSLNFGGVKHLRQLSLGKVHGISFYNDKSKSTNILATQKALSGFDNTKVILAGGLD  
 RSNFDELIPDITGLKHMVVLGESASRVKRAAQKAGVTYSDALDVRDAVHKAYEVAQQGD  
 VILLSPANASWDMYKNFEVRGDEFIDTFESLRGE

SEQ ID NO. 6721

STRAIN 2603 frame: 1

GRVMKTIITTFENKKVLVLGLARSGEAAARLLAKLGAIVTVNDGKPFDENPTAQSLLLEEGI  
 KVVCGSHPLELLEDDFCYMIKNPGIPYNNPMVKKALEKQIPVLTEVELAYLVSESQLIGI  
 TGSNGKTTTTMTIAEVLNAGGQRLLAGNIGFPASEVVQAANDKDTLVMELSSSFQLMGVK  
 EFRPHIAVITNLMPTHLDDYHGSFEDYVAAKWNINQNMSSSDFVLNFNQGISKELAKTTK  
 ATIVPSTTEKVDGAYVQDKQLFYKGENIMSVDDIGVPGSHNVENALATIAVAKLAGISN  
 QVIRETSLNFGGVKHLRQLSLGKVHGISFYNDKSKSTNILATQKALSGFDNTKVILAGGLD  
 RGNFDELIPDITGLKHMVVLGESASRVKRAAQKAGVTYSDALDVRDAVHKAYEVAQQGD  
 VILLSPANASWDMYKNFEVRGDEFIDTFESLRGE

MSA Alignment Results: Pretty output

PRETTY of: /biotmp/msa25243.2(\*) April 29, 2002 02:20 ..

	1		50
msa25243.2{305_18RS21}	grvmktITTF	ENKKVLVLGL	ARSGEAAARL LAKLGAIVTV NDGKPFDENP
msa25243.2{305_2603}	grvmktITTF	ENKKVLVLGL	ARSGEAAARL LAKLGAIVTV NDGKPFDENP
msa25243.2{305_JM9130013}	grvmktITTF	ENKKVLVLGL	ARSGEAAARL LAKLGAIVTV NDGKPFDENP
msa25243.2{305_COH1}	grvmktITTF	ENKKVLVLGL	ARSGEAAARL LAKLGAIVTV NDGKPFDENP
msa25243.2{305_M732}	grvmktITTF	ENKKVLVLGL	ARSGEAAARL LAKLGAIVTV NDGKPFDENP
msa25243.2{305_M781}	grvmktITTF	ENKKVLVLGL	ARSGEAAARL LAKLGAIVTV NDGKPFDENP
msa25243.2{305_1169NT}	-----ITTF	ENKKVLVLGL	ARSGEAAARL LAKLGAIVTV NDGKPFDENP
msa25243.2{305_A909}	-----ITTF	ENKKVLVLGL	ARSGEAAARL LAKLGAIVTV NDGKPFDENP
msa25243.2{305_CJB110}	grvmktITTF	ENKKVLVLGL	ARSGEAAARL LAKLGAIVTV NDGKPFDENP
msa25243.2{305_090}	-----ITTF	ENKKVLVLGL	ARSGEAAARL LAKLGAIVTV NDGKPFDENP
msa25243.2{305_H36B}	grvmktITTF	ENKKVLVLGL	ARSGEAAARL LAKLGAIVTV NDGKPFDENP
Consensus	-----*****	*****	*****
	51		100
msa25243.2{305_18RS21}	TAQSLLLEEGI	KVVCGSHPLE	LLEDDFCYMI KNPGIPYNNP MVKKALEKQI
msa25243.2{305_2603}	TAQSLLLEEGI	KVVCGSHPLE	LLEDDFCYMI KNPGIPYNNP MVKKALEKQI
msa25243.2{305_JM9130013}	TAQSLLLEEGI	KVVCGSHPLE	LLEDDFCYMI KNPGIPYNNP MVKKALEKQI
msa25243.2{305_COH1}	TAQSLLLEEGI	KVVCGSHPLE	LLEDDFCYMI KNPGIPYNNP MVKKALEKQI
msa25243.2{305_M732}	TAQSLLLEEGI	KVVCGSHPLE	LLEDDFCYMI KNPGIPYNNP MVKKALEKQI
msa25243.2{305_M781}	TAQSLLLEEGI	KVVCGSHPLE	LLEDDFCYMI KNPGIPYNNP MVKKALEKQI
msa25243.2{305_1169NT}	TAQSLLLEEGI	KVVCGSHPLE	LLEDDFCYMI KNPGIPYNNP MVKKALEKQI
msa25243.2{305_A909}	TAQSLLLEEGI	KVVCGSHPLE	LLEDDFCYMI KNPGIPYNNP MVKKALEKQI
msa25243.2{305_CJB110}	TAQSLLLEEGI	KVVCGSHPLE	LLEDDFCYMI KNPGIPYNNP MVKKALEKQI
msa25243.2{305_090}	TAQSLLLEEGI	KVVCGSHPLE	LLEDDFCYMI KNPGIPYNNP MVKKALEKQI
msa25243.2{305_H36B}	TAQSLLLEEGI	KVVCGSHPLE	LLEDDFCYMI KNPGIPYNNP MVKKALEKQI
Consensus	*****	*****	*****
	101		150
msa25243.2{305_18RS21}	PVLTEVELAY	LVSESQLIGI	TGSNGKTTTT TMIAEVLNAG GQRGLLAGNI
msa25243.2{305_2603}	PVLTEVELAY	LVSESQLIGI	TGSNGKTTTT TMIAEVLNAG GQRGLLAGNI
msa25243.2{305_JM9130013}	PVLTEVELAY	LVSESQLIGI	TGSNGKTTTT TMIAEVLNAG GQRGLLAGNI
msa25243.2{305_COH1}	PVLTEVELAY	LVSESQLIGI	TGSNGKTTTT TMIAEVLNAG GQRGLLAGNI
msa25243.2{305_M732}	PVLTEVELAY	LVSESQLIGI	TGSNGKTTTT TMIAEVLNAG GQRGLLAGNI
msa25243.2{305_M781}	PVLTEVELAY	LVSESQLIGI	TGSNGKTTTT TMIAEVLNAG GQRGLLAGNI
msa25243.2{305_1169NT}	PVLTEVELAY	LVSESQLIGI	TGSNGKTTTT TMIAEVLNAG GQRGLLAGNI
msa25243.2{305_A909}	PVLTEVELAY	LVSESQLIGI	TGSNGKTTTT TMIAEVLNAG GQRGLLAGNI
msa25243.2{305_CJB110}	PVLTEVELAY	LVSESQLIGI	TGSNGKTTTT TMIAEVLNAG GQRGLLAGNI
msa25243.2{305_090}	PVLTEVELAY	LVSESQLIGI	TGSNGKTTTT TMIAEVLNAG GQRGLLAGNI
msa25243.2{305_H36B}	PVLTEVELAY	LVSESQLIGI	TGSNGKTTTT TMIAEVLNAG GQRGLLAGNI
Consensus	*****	*****	*****
	151		200
msa25243.2{305_18RS21}	GFPASEVVQA	AnDKDtLVME	LSSFQLMGVK EFRPHIAVIT NLMPTHLDDYH
msa25243.2{305_2603}	GFPASEVVQA	AnDKDtLVME	LSSFQLMGVK EFRPHIAVIT NLMPTHLDDYH
msa25243.2{305_JM9130013}	GFPASEVVQA	AnDKDtLVME	LSSFQLMGVK EFRPHIAVIT NLMPTHLDDYH
msa25243.2{305_COH1}	GFPASEVVQA	AddKD1LVME	LSSFQLMGVK EFRPHIAVIT NLMPTHLDDYH
msa25243.2{305_M732}	GFPASEVVQA	AddKD1LVME	LSSFQLMGVK EFRPHIAVIT NLMPTHLDDYH
msa25243.2{305_M781}	GFPASEVVQA	AddKD1LVME	LSSFQLMGVK EFRPHIAVIT NLMPTHLDDYH
msa25243.2{305_1169NT}	GFPASEVVQA	AddKD1LVME	LSSFQLMGVK EFRPHIAVIT NLMPTHLDDYH
msa25243.2{305_A909}	GFPASEVVQA	AnDKDtLVME	LSSFQLMGVK EFRPHIAVIT NLMPTHLDDYH
msa25243.2{305_CJB110}	GFPASEVVQA	AddKD1LVME	LSSFQLMGVK EFRPHIAVIT NLMPTHLDDYH
msa25243.2{305_090}	GFPASEVVQA	AddKD1LVME	LSSFQLMGVK EFRPHIAVIT NLMPTHLDDYH
msa25243.2{305_H36B}	GFPASEVVQA	AnDKDtLVME	LSSFQLMGVK EFRPHIAVIT NLMPTHLDDYH
Consensus	*****	*****	*****



Table 67: Comparative Sequences relating to SAG0475

msa25243.2{305_18RS21}	201	GSFEdYVAAK	WNIONQMSSS	DFLVLNFNQG	ISKELAKTTK	ATIVPFSTTE	250
		GSFEdYVAAK	WNIONQMSSS	DFLVLNFNQG	ISKELAKTTK	ATIVPFSTTE	
	msa25243.2{305_JM9130013}	GSFEdYVAAK	WNIONQMSSS	DFLVLNFNQG	ISKELAKTTK	ATIVPFSTTE	
	msa25243.2{305_COH1}	GSFEdYVAAK	WNIONQMSSS	DFLVLNFNQG	ISKELAKTTK	ATIVPFSTTE	
	msa25243.2{305_M732}	GSFEdYVAAK	WNIONQMSSS	DFLVLNFNQG	ISKELAKTTK	ATIVPFSTTE	
	msa25243.2{305_M781}	GSFEdYVAAK	WNIONQMSSS	DFLVLNFNQG	ISKELAKTTK	ATIVPFSTTE	
	msa25243.2{305_1169NT}	GSFEdYVAAK	WNIONQMSSS	DFLVLNFNQG	ISKELAKTTK	ATIVPFSTTE	
	msa25243.2{305_A909}	GSFEdYVAAK	WNIONQMSSS	DFLVLNFNQG	ISKELAKTTK	ATIVPFSTTE	
	msa25243.2{305_CJB110}	GSFEdYVAAK	WNIONQMSSS	DFLVLNFNQG	ISKELAKTTK	ATIVPFSTTE	
	msa25243.2{305_H36B}	GSFEdYVAAK	WNIONQMSSS	DFLVLNFNQG	ISKELAKTTK	ATIVPFSTTE	
Consensus		*****	*****	*****	*****	*****	
msa25243.2{305_18RS21}	251	KVDGAYVQDK	QLFYKGENIM	sVDDIGVPGS	HNVeNALATI	AVAKLAGISN	300
		KVDGAYVQDK	QLFYKGENIM	sVDDIGVPGS	HNVeNALATI	AVAKLAGISN	
	msa25243.2{305_JM9130013}	KVDGAYVQDK	QLFYKGENIM	sVDDIGVPGS	HNVeNALATI	AVAKLAGISN	
	msa25243.2{305_COH1}	KVDGAYVQDK	QLFYKGENIM	sVDDIGVPGS	HNVeNALATI	AVAKLAGISN	
	msa25243.2{305_M732}	KVDGAYVQDK	QLFYKGENIM	sVDDIGVPGS	HNVeNALATI	AVAKLAGISN	
	msa25243.2{305_M781}	KVDGAYVQDK	QLFYKGENIM	sVDDIGVPGS	HNVeNALATI	AVAKLAGISN	
	msa25243.2{305_1169NT}	KVDGAYVQDK	QLFYKGENIM	sVDDIGVPGS	HNVeNALATI	AVAKLAGISN	
	msa25243.2{305_A909}	KVDGAYVQDK	QLFYKGENIM	sVDDIGVPGS	HNVeNALATI	AVAKLAGISN	
	msa25243.2{305_CJB110}	KVDGAYVQDK	QLFYKGENIM	sVDDIGVPGS	HNVeNALATI	AVAKLAGISN	
	msa25243.2{305_H36B}	KVDGAYVQDK	QLFYKGENIM	sVDDIGVPGS	HNVeNALATI	AVAKLAGISN	
Consensus		*****	*****	*****	*****	*****	
msa25243.2{305_18RS21}	301	QVIRETLSNF	GGVKHRLQSL	GKVHGISFYN	DSKstnilat	qkalegfdnt	350
		QVIRETLSNF	GGVKHRLQSL	GKVHGISFYN	DSKstnilat	qkalegfdnt	
	msa25243.2{305_JM9130013}	QVIRETLSNF	GGVKHRLQSL	GKVHGISFYN	DSKstnilat	qkalegfdnt	
	msa25243.2{305_COH1}	QVIRETLSNF	GGVKHRLQSL	GKVHGISFYN	DSKstnilat	qkalegfdnt	
	msa25243.2{305_M732}	QVIRETLSNF	GGVKHRLQSL	GKVHGISFYN	DSKstnilat	qkalegfdnt	
	msa25243.2{305_M781}	QVIRETLSNF	GGVKHRLQSL	GKVHGISFYN	DSKstnilat	qkalegfdnt	
	msa25243.2{305_1169NT}	QVIRETLSNF	GGVKHRLQSL	GKVHGISFYN	DSKstnilat	qkalegfdnt	
	msa25243.2{305_A909}	QVIRETLSNF	GGVKHRLQSL	GKVHGISFYN	DSKstnilat	qkalegfdnt	
	msa25243.2{305_CJB110}	QVIRETLSNF	GGVKHRLQSL	GKVHGISFYN	DSKstnilat	qkalegfdnt	
	msa25243.2{305_H36B}	QVIRETLSNF	GGVKHRLQSL	GKVHGISFYN	DSKstnilat	qkalegfdnt	
Consensus		*****	*****	*****	*****	*****	
msa25243.2{305_18RS21}	351	kviliaggld	rgnefdelip	ditglkhmvv	lgesasrvkr	aaqkagvtys	400
		kviliaggld	rgnefdelip	ditglkhmvv	lgesasrvkr	aaqkagvtys	
	msa25243.2{305_JM9130013}	kviliaggld	rgnefdelip	ditglkhmvv	lgesasrvkr	aaqkagvtys	
	msa25243.2{305_COH1}	kviliaggld	rgnefdelip	ditglkhmvv	lgesasrvkr	aaqkagvtys	
	msa25243.2{305_M732}	kviliaggld	rgnefdelip	ditglkhmvv	lgesasrvkr	aaqkagvtys	
	msa25243.2{305_M781}	kviliaggld	rgnefdelip	ditglkhmvv	lgesasrvkr	aaqkagvtys	
	msa25243.2{305_1169NT}	kviliaggld	rgnefdelip	ditglkhmvv	lgesasrvkr	aaqkagvtys	
	msa25243.2{305_A909}	kviliaggld	rgnefdelip	ditglkhmvv	lgesasrvkr	aaqkagvtys	
	msa25243.2{305_CJB110}	kviliaggld	rgnefdelip	ditglkhmvv	lgesasrvkr	aaqkagvtys	
	msa25243.2{305_H36B}	kviliaggld	rgnefdelip	ditglkhmvv	lgesasrvkr	aaqkagvtys	
Consensus		-----	-----	-----	-----	-----	
msa25243.2{305_18RS21}	401	daldvrdavh	kayevaqqgd	villspanas	wdmyknfevr	gdefidtfes	450
		daldvrdavh	kayevaqqgd	villspanas	wdmyknfevr	gdefidtfes	
	msa25243.2{305_JM9130013}	daldvrdavh	kayevaqqgd	villspanas	wdmyknfevr	gdefidtfes	
	msa25243.2{305_COH1}	daldvrdavh	kayevaqqgd	villspanas	wdmyknfevr	gdefidtfes	
	msa25243.2{305_M732}	daldvrdavh	kayevaqqgd	villspanas	wdmyknfevr	gdefidtfes	
	msa25243.2{305_M781}	daldvrdavh	kayevaqqgd	villspanas	wdmyknfevr	gdefidtfes	
	msa25243.2{305_1169NT}	daldvrdavh	kayevaqqgd	villspanas	wdmyknfevr	gdefidtfes	
	msa25243.2{305_A909}	daldvrdavh	kayevaqqgd	villspanas	wdmyknfevr	gdefidtfes	
	msa25243.2{305_CJB110}	daldvrdavh	kayevaqqgd	villspanas	wdmyknfevr	gdefidtfes	
	msa25243.2{305_H36B}	daldvrdavh	kayevaqqgd	villspanas	wdmyknfevr	gdefidtfes	
Consensus		-----	-----	-----	-----	-----	
msa25243.2{305_18RS21}	451	lrge					
		lrge					
	msa25243.2{305_JM9130013}	lrge					
	msa25243.2{305_COH1}	----					
	msa25243.2{305_M732}	lrge					
	msa25243.2{305_M781}	lrge					
	msa25243.2{305_1169NT}	----					
	msa25243.2{305_A909}	lrge					
	msa25243.2{305_CJB110}	lrge					
	msa25243.2{305_H36B}	----					
Consensus		----					

Table 68: Comparative Sequences relating to SAG 0499

## SEQ ID NO. 6801

## STRAIN 2603

ATGGCTAAAGAGAGGGTAGATGTTCTTGCCCTATAAACAGGGACTTTTGTATACACGAGAG  
 CAAGCGAAACGTTGGTGTATGGCAGGAATGGTGATTAAACGTTATCAATGGAGAACGTTAT  
 GATAAACACAGGTGAAAAGGTTGCAGACGATACTGAATTAAACTAAAAGGTGAAAACTA  
 AAATATGTTAGTAGAGGTGGATTGAAATTAGAAAAAGCTTTACAAGTTTGTGAAATTCA  
 GTTGCGAGATAAGCTAACTATAGATATTGGCGCCTCTACGGGTGGTTTACTGATGTTATG  
 CTACAATCAGGAGCGCGTTTAGTTTACGCAGTAGATGTAGGAACAAATCAATTAGTTTGG  
 AAGTTACGTGAGGATCATCGTTGTTGTTCTATGGAACAATATAATTTTAGGTATGCCAA  
 AAAGAAGATTTCAAGGAGGGACTGCCTGAATTTGCATCGATAGATGTCTCATTATCTCT  
 CTTAATTTGATTTTACCAGCTCTAAAAGAAATTTTAGTGGATGGTGACAAGTAGTGGCA  
 TTAATTAAACCAAAATTTGAAGCAGGTGCTGAGCAAATTTGGTAAAAATGGTATTGTCAAA  
 GACAAGTTGGTTTCATGAAAAGGTTTTCACAACAGTGACCAATTTACGAAAAGATTATGGA  
 TATACGGTTAAACATCTTGATTTTTCGCCCATTTCAAGGTGGACATGGAAATATTGAGTTT  
 TTAATGCAATTTGCAAAAGTGTCAAGATCCAAAAATCTTGTGCTTGACCAATACAAGAT  
 GTTATAGAAAAAGCACATAAGGAATTTAAGAAAAATGAAGAAGAG

## SEQ ID NO. 6802

## STRAIN 090

GCTAAAGAGAGGGTAGATGTTCTTGCCCT  
 ATAAACAGGGACTTTTGTATACACGAGAGCAAGCGAAACGTTGGTGTATG  
 GCAGGAATGGTGATTAAACGTTATCAATGGAGAACGTTATGATAAACACAGG  
 TGAAAAGGTTGCAGACGATACTGAATTAAACTAAAAGGTGAAAACTAA  
 AATATGTTAGTAGAGGTGGATTGAAATTAGAAAAAGCTTTACAAGTTTGT  
 GAAATTTCAAGTTGCAGATAAGCTAACTATAGATATTGGCGCCTCTACGGG  
 TGGTTTACTGATGTTATGCTACAATCAGGAGCGCGTTTAGTTTACGCAG  
 TAGATGTAGGAACAAATCAATTAGTTTGAAGTTACGTGAGGATCATCGT  
 GTTCGTTCTATGGAACAATATAATTTTAGGTATGCCCAAAAAGAGATTT  
 CAAGGAGGGACTGCCTGAATTTGCATCGATAGATGTCTCATTATCTCTC  
 TTAATTTGATTTTACCAGCTCTAAAAGAAATTTTAGTGGATGGTGACAA  
 GTAGTGGCATTAAATTAACCAAAATTTGAAGCAGGTGCTGAGCAAATTTGG  
 TAAAAATGGTATTGTCAAAGACAAGTTGGTTTCATGAAAAGGTTTTCACAA  
 CAGTGACCAATTTACGAAAAGATTATGGATATACGGTTAAACATCTTGAT  
 TTTTCGCCCATTTCAAGGTGGACATGGAAATATTGAGTTTAAATGCATT  
 GCAAAAGTGTCAAGATCCAAAAATCTTGTGCTTGACCAATACAAGATG  
 TTATAGAAAAAGCACATAAGGAATTTAAGAAAAATGAAGAAGAG

## SEQ ID NO. 6803

## STRAIN A909

GCTAAAGAGAGGGTAGATGTTCTTGCCCTA  
 TAAACAGGGACTTTTGTATACACGAGAGCAAGCGAAACGTTGGTGTATGG  
 CAGGAATGGTGATTAAACGTTATCAATGGAGAACGTTATGATAAACACAGG  
 GAAAAGGTTGCAGACGATACTGAATTAAACTAAAAGGTGAAAACTAAA  
 ATATGTTAGTAGAGGTGGATTGAAATTAGAAAAAGCTTTACAAGTTTGT  
 AAATTTCAAGTTGCAGATAAGCTAACTATAGATATTGGCGCCTCTACGGGT  
 GGTTTTACTGATGTTATGCTACAATCAGGAGCGCGTTTAGTTTACGCAGT  
 AGATGTAGGAACAAATCAATTAGTTTGAAGTTACGTGAGGATCATCGTG  
 TTCGTTCTATGGAACAATATAATTTTAGGTATGCCCAAAAAGAGATTTT  
 AAGGAGGGACTGCCTGAATTTGCATCGATAGATGTCTCATTATCTCTCT  
 TAAATTTGATTTTACCAGCTCTAAAAGAAATTTTAGTGGATGGTGGAACAG  
 TAGTGGCATTAAATTAACCAAAATTTGAAGCAGGTGCTGAGCAAATTTGGT  
 AAAAATGGTATTGTCAAAGACAAGTTGGTTTCATGAAAAGGTTTTCACAAC  
 AGTGACCAATTTACGAAAAGATTATGGATATACGGTTAAACATCTTGAT  
 TTTTCGCCCATTTCAAGGTGGACATGGAAATATTGAGTTTAAATGCATT  
 CAAAAGTGTCAAGATCCAAAAATCTTGTGCTTGACCAATACAAGATG  
 TATAGAAAAAGCACATAAGGAATTTAAGAAAAATGAAGAAGAG

## SEQ ID NO. 6804

## STRAIN H36B

GCTAAAGAGAGGGTAGATGTTCTTGCCCTATAAACAGG  
 GACTTTTGTATACACGAGAGCAAGCGAAACGTTGGTGTATGGCAGGAATG  
 GTGATTAAACGTTATCAATGGAGAACGTTATGATAAACACAGGTGAAAAGGT  
 TGCAGACGATACTGAATTAAACTAAAAGGTGAAAACTAAAATATGTTA  
 GTAGAGGTGGATTGAAATTAGAAAAAGCTTTACAAGTTTGTGAAATTTCA  
 GTTGCGAGATAAGCTAACTATAGATATTGGCGCCTCTACGGGTGGTTTAC  
 TGATGTTATGCTACAATCAGGAGCGCGTTTAGTTTACGCAGTAGATGTAG  
 GAACAAATCAATTAGTTTGAAGTTACGTGAGGATCATCGTTGTTCTCT  
 ATGGAACAATATAATTTTAGGTATGCCCAAAAAGAGATTTCAAGGAGGG  
 ACTGCCCTGAATTTGCATCGATAGATGTCTCATTATCTCTCTTAATTTGA  
 TTTTACCAGCTCTAAAAGAAATTTTAGTGGATGGTGGAACAGTAGTGGCA  
 TTAATTAAACCAAAATTTGAAGCAGGTGCTGAGCAAATTTGGTAAAAATGG  
 TATTGTCAAAGACAAGTTGGTTTCATGAAAAGGTTTTCACAACAGTGACCA  
 ATTTACGAAAAGATTATGGATATACGGTTAAACATCTTGATTTTTCGCC  
 ATTTCAAGGTGGACATGGAAATATTGAGTTTAAATGCATTTCGAAAAGTG  
 TCAAGATCCAAAAATCTTGTGCTTGACCAATACAAGATGTTATAGAAA  
 AAGCACATAAGGAATTTAAGAAAAATGAAGAAGAG

## SEQ ID NO. 6805

## STRAIN 18RS21

GCTAAAGAGAGGGTAGATGTTCTTGCCCTA  
 TAAACAGGGACTTTTGTATACACGAGAGCAAGCGAAACGTTGGTGTATGG  
 CAGGAATGGTGATTAAACGTTATCAATGGAGAACGTTATGATAAACACAGG

Table 68: Comparative Sequences relating to SAG 0499

GAAAAGGTTGCAGACGATACTGAATTAAAACTAAAAGGTGAAAACTAAA  
 ATATGTTAGTAGAGGTGGATTGAAATTAGAAAAAGCTTTACAAGTTTGTG  
 AAATTTTCAGTTGCAGATAAGCTAACTATAGATATTGGCGCCTCTACGGGT  
 GGTTTTACTGATGTTATGCTACAATCAGGAGCGCGTTTAGTTTACGCAGT  
 AGATGTAGGAACAAATCAATTAGTTTGGAAAGTTACGTGAGGATCATCGTG  
 TTCGTTCTATGGAACAAATATAATTTTAGGTATGCCAAAAAGAAAGATTTC  
 AAGGAGGGACTGCCCTGAATTTGCATCGATAGATGTCTCATTATCTCTCT  
 TAATTTGATTTTACAGCTCTAAAAGAAATTTTAGTGGATGGTGGACAAG  
 TAGTGGCATTAAATTAACCACAATTTGAAGCAGGTGCTGAGCAAAATGGT  
 AAAAAATGGTATTGTCAAAGACAAGTTGGTTTATGAAAAGGTTTGGACAAC  
 AGTGACCAATTTACGAAAGATTATGGATATACGGTTAAACATCTTGATT  
 TTTCGCCCATTCAGGTGGACATGGAATATTAGTTTAAATGCAATTTG  
 CAAAAGTGTCAAGATCCACAAATCTTGTGCTTGACCAAAATACAAGATGT  
 TATAGAAAAAGCACATAAGGAATTTAAGAAAAATGAAGAAGAG

SEQ ID NO. 6806

STRAIN M732

GCTAAAGAGAGGGTAGATGTTCTTGCCCTA  
 TAAACAGGGACTTTTGTATACAGAGAGCAAGCGAAACGTGGTGTATGG  
 CAGGACTGGTGATTAACTGTTATCAATGGAGAAGCTTATGATAAACAGGC  
 GAAAAGGTTGCAGACGATACTGAATTAAAACTAAAAGGTGAAAACTAAA  
 ATATGTTAGTAGAGGTGGATTGAAATTAGAAAAAGCTTTACAAGTTTGTG  
 AAATTTTCAGTTGCAGATAAGCTAACTATAGATATTGGCGCCTCTACGGGT  
 GGTTTTACTGATGTTATGCTACAATCAGGAGCGCGTTTAGTTTACGCAGT  
 AGATGTAGGAACAAATCAATTAGTTTGGAAAGTTACGTGAGGATCATCGTG  
 TTCGTTCTATGGAACAAATATAATTTTAGGTATGCCAAAAAGAAAGATTTC  
 AAGGAGGGACTGCCCTGAATTTGCATCGATAGATGTCTCATTATCTCTCT  
 TAATTTGATTTTACAGCTCTAAAAGAAATTTTAGTGGATGGTGGACAAG  
 TAGTGGCATTAAATTAACCACAATTTGAAGCAGGTGCTGAGCAAAATGGT  
 AAAAAATGGTATTGTCAAAGACAAGTTGGTTTATGAAAAGGTTTGGACAAC  
 AGTGACCAATTTACGAAAGATTATGGATATACGGTTAAACATCTTGATT  
 TTTCGCCCATTCAGGTGGACATGGAATATTAGTTTAAATGCAATTTG  
 CAAAAGTGTCAAGATCCACAAATCTTGTGCTTGACCAAAATACAAGATGT  
 TATAGAAAAAGCACATAAGGAATTTAAGAAAAATGAAGAAGAG

SEQ ID NO. 6807

STRAIN COH1

GCTAAAGAGAGGGTAGATGTTCTTGCCCT  
 ATAAACAGGGACTTTTGTATACAGAGAGCAAGCGAAACGTGGTGTATG  
 GCAGGACTGGTGATTAACTGTTATCAATGGAGAAGCTTATGATAAACAGGC  
 CGAAAAGGTTGCAGACGATACTGAATTAAAACTAAAAGGTGAAAACTAA  
 AATATGTTAGTAGAGGTGGATTGAAATTAGAAAAAGCTTTACAAGTTTGT  
 GAAATTTTCAGTTGCAGATAAGCTAACTATAGATATTGGCGCCTCTACGGG  
 TGGTTTACTGATGTTATGCTACAATCAGGAGCGCGTTTAGTTTACGCAG  
 TAGATGTAGGAACAAATCAATTAGTTTGGAAAGTTACGTGAGGATCATCGT  
 GTTCGTTCTATGGAACAAATATAATTTTAGGTATGCCAAAAAGAAAGATTTC  
 CAAGGAGGGACTGCCCTGAATTTGCATCGATAGATGTCTCATTATCTCTC  
 TTAATTTGATTTTACAGCTCTAAAAGAAATTTTAGTGGATGGTGGACA  
 GTAGTGGCATTAAATTAACCACAATTTGAAGCAGGTGCTGAGCAAAATGG  
 TAAAAATGGTATTGTCAAAGACAAGTTGGTTTATGAAAAGGTTTGGACAA  
 CAGTGACCAATTTACGAAAGATTATGGATATACGGTTAAACATCTTGAT  
 TTTCGCCCATTCAGGTGGACATGGAATATTAGTTTAAATGCAATTTG  
 GCAAAAGTGTCAAGATCCACAAATCTTGTGCTTGACCAAAATACAAGATG  
 TTATAGAAAAAGCACATAAGGAATTTAAGAAAAATGAAGAAGAG

SEQ ID NO. 6808

STRAIN M781

GCTAAAGAGAGGGTAGATGTTCTTGCCCT  
 ATAAACAGGGACTTTTGTATACAGAGAGCAAGCGAAACGTGGTGTATG  
 GCAGGACTGGTGATTAACTGTTATCAATGGAGAAGCTTATGATAAACAGGC  
 CGAAAAGGTTGCAGACGATACTGAATTAAAACTAAAAGGTGAAAACTAA  
 AATATGTTAGTAGAGGTGGATTGAAATTAGAAAAAGCTTTACAAGTTTGT  
 GAAATTTTCAGTTGCAGATAAGCTAACTATAGATATTGGCGCCTCTACGGG  
 TGGTTTACTGATGTTATGCTACAATCAGGAGCGCGTTTAGTTTACGCAG  
 TAGATGTAGGAACAAATCAATTAGTTTGGAAAGTTACGTGAGGATCATCGT  
 GTTCGTTCTATGGAACAAATATAATTTTAGGTATGCCAAAAAGAAAGATTTC  
 CAAGGAGGGACTGCCCTGAATTTGCATCGATAGATGTCTCATTATCTCTC  
 TTAATTTGATTTTACAGCTCTAAAAGAAATTTTAGTGGATGGTGGACA  
 GTAGTGGCATTAAATTAACCACAATTTGAAGCAGGTGCTGAGCAAAATGG  
 TAAAAATGGTATTGTCAAAGACAAGTTGGTTTATGAAAAGGTTTGGACAA  
 CAGTGACCAATTTACGAAAGATTATGGATATACGGTTAAACATCTTGAT  
 TTTCGCCCATTCAGGTGGACATGGAATATTAGTTTAAATGCAATTTG  
 GCAAAAGTGTCAAGATCCACAAATCTTGTGCTTGACCAAAATACAAGATG  
 TTATAGAAAAAGCACATAAGGAATTTAAGAAAAATGAAGAAGAG

SEQ ID NO. 6809

STRAIN CJB110

GCTAAAGAGAGGGTAGATGTTCTTGCCCTA  
 TAAACAGGGACTTTTGTATACAGAGAGCAAGCGAAACGTGGTGTATGG  
 CAGGAATGGTGATTAACTGTTATCAATGGAGAAGCTTATGATAAACAGGC  
 GAAAAGGTTGCAGACGATACTGAATTAAAACTAAAAGGTGAAAACTAAA  
 ATATGTTAGTAGAGGTGGATTGAAATTAGAAAAAGCTTTACAAGTTTGTG  
 AAATTTTCAGTTGCAGATAAGCTAACTATAGATATTGGCGCCTCTACGGGT

Table 68: Comparative Sequences relating to SAG 0499

GGTTTACTGATGTTATGCTACAATCAGGAGCGCGTTAGTTTACGCAGT  
 AGATGTAGGAACAAATCAATTAGTTTGAAGTTACGTCAGGATCATCGTG  
 TTCGTTCTATGGAAACATATAATTTAGGTATGCCCAAAAAGAAGATTTC  
 AAGGAGGACTGCCTGAATTTGCATCGATAGATGTCTCATTATCTCTCT  
 TAATTTGATTTTACCAGCTCTAAAAGAAATTTAGTGGATGGTGGACAAG  
 TAGTGGCATTAAATTAACCAAAATTTGAAGCAGGTCGTGAGCAAATTTGGT  
 AAAAATGGTATTGTCAAAGACAAGTTGGTTTATGAAAAGGTTTGGACAAC  
 AGTGACCAATTTACGAAAGATTATGGATATACGGTTAAACATCTTGATT  
 TTTGCGCCATTCAAGGTGGACATGGAAATATTGAGTTTAAATGCATTTG  
 CAAAAGTGTCAAGATCCACAAAATCTTGTGCTTGACCAAATACAAGATGT  
 TATAGAAAAGCACATAAGGAATTTAAGAAAATGAAGAAGAG

SEQ ID NO. 6810

STRAIN 1169NT

GCTAAAGAGAGGGTAGATGTTCTTGCCTA  
 TAAACAGGGACTTTTGTATACAGAGAGCAAGCGAAACGTGGTGTATGG  
 CAGGACTGGTGAATTAACGTTATCAATGGAGAACGTTATGATAAACCCAGGC  
 GAAAAGGTTGCAGACGATCTGAATTAATACTAAAAGGTGAAAACTAAA  
 ATATGTTAGTAGAGGTGGATTGAATTAAGAAAAGCTTTACAAGTTTTTG  
 AAATTTCAAGTTGCAGATAAGCTAACTATAGATATTGGCGCCTCTACGGGT  
 GGTTTACTGATGTTATGCTACAATCAGGAGCGCGTTAGTTTACGCAGT  
 AGATGTAGGAACAAATCAATTAGTTTGAAGTTACGTCAGGATCATCGTG  
 TTCGTTCTATGGAAACATATAATTTAGGTATGCCCAAAAAGAAGATTTC  
 AAGGAGGACTGCCTGAATTTGCATCGATAGATGTCTCATTATCTCTCT  
 TAATTTGATTTTGGCAGCTCTAAAAGAAATTTAGTGGATGGTGGACAAG  
 TAGTGGCATTAAATTAACCAAAATTTGAAGCAGGTCGTGAGCAAATTTGGT  
 AAAAATGGTATTGTCAAAGACAAGTTGGTTTATGAAAAGGTTTGGACAAC  
 AGTGACCAATTTACGAAAGATTATGGATATACGGTTAAACATCTTGATT  
 TTTGCGCCATTCAAGGTGGACATGGAAATATTGAGTTTAAATGCATTTG  
 CAAAAGTGTCAAGATCCACAAAATCTTGTGCTTGACCAAATACAAGATGT  
 TATAGAAAAGCACATAAGGAATTTAAGAAAATGAAGAAGAG

SEQ ID NO. 6811

STRAIN JM9130013

GCTAAAGAGAGGGTAGATGTTCTTGCCTA  
 TAAACAGGGACTTTTGTATACAGAGAGCAAGCGAAACGTGGTGTATGG  
 CAGGAATGGTGAATTAACGTTATCAATGGAGAACGTTATGATAAACCCAGGT  
 GAAAAGGTTGCAGACGATCTGAATTAATACTAAAAGGTGAAAACTAAA  
 ATATGTTAGTAGAGGTGGATTGAATTAAGAAAAGCTTTACAAGTTTTTG  
 AAATTTCAAGTTGCAGATAAGCTAACTATAGATATTGGCGCCTCTACGGGT  
 GGTTTACTGATGTTATGCTACAATCAGGAGCGCGTTAGTTTACGCAGT  
 AGATGTAGGAACAAATCAATTAGTTTGAAGTTACGTCAGGATCATCGTG  
 TTCGTTCTATGGAAACATATAATTTAGGTATGCCCAAAAAGAAGATTTC  
 AAGGAGGACTGCCTGAATTTGCATCGATAGATGTCTCATTATCTCTCT  
 TAATTTGATTTTACCAGCTCTAAAAGAAATTTAGTGGATGGTGGACAAG  
 TAGTGGCATTAAATTAACCAAAATTTGAAGCAGGTCGTGAGCAAATTTGGT  
 AAAAATGGTATTGTCAAAGACAAGTTGGTTTATGAAAAGGTTTGGACAAC  
 AGTGACCAATTTACGAAAGATTATGGATATACGGTTAAACATCTTGATT  
 TTTGCGCCATTCAAGGTGGACATGGAAATATTGAGTTTAAATGCATTTG  
 CAAAAGTGTCAAGATCCACAAAATCTTGTGCTTGACCAAATACAAGATGT  
 TATAGAAAAGCACATAAGGAATTTAAGAAAATGAAGAAGAG

PRETTY of: /biotmp/msa236683.2{\*} May 14, 2003 02:57 ..

	1		50
msa236683.2{310_090}	---GCTAAAG	AGAGGGTAGA	TGTTCTTGCC
msa236683.2{310_18RS21}	---GCTAAAG	AGAGGGTAGA	TGTTCTTGCC
msa236683.2{310_2603}	atgGCTAAAG	AGAGGGTAGA	TGTTCTTGCC
msa236683.2{310_A909}	---GCTAAAG	AGAGGGTAGA	TGTTCTTGCC
msa236683.2{310_CJB110}	---GCTAAAG	AGAGGGTAGA	TGTTCTTGCC
msa236683.2{310_H36B}	---GCTAAAG	AGAGGGTAGA	TGTTCTTGCC
msa236683.2{310_JM9130013}	---GCTAAAG	AGAGGGTAGA	TGTTCTTGCC
msa236683.2{310_COH1}	---GCTAAAG	AGAGGGTAGA	TGTTCTTGCC
msa236683.2{310_M732}	---GCTAAAG	AGAGGGTAGA	TGTTCTTGCC
msa236683.2{310_M781}	---GCTAAAG	AGAGGGTAGA	TGTTCTTGCC
msa236683.2{310_1169NT}	---GCTAAAG	AGAGGGTAGA	TGTTCTTGCC
Consensus	*****	*****	*****

	51		100
msa236683.2{310_090}	TACACGAGAG	CAAGCGAAAC	GTGGTGTAT
msa236683.2{310_18RS21}	TACACGAGAG	CAAGCGAAAC	GTGGTGTAT
msa236683.2{310_2603}	TACACGAGAG	CAAGCGAAAC	GTGGTGTAT
msa236683.2{310_A909}	TACACGAGAG	CAAGCGAAAC	GTGGTGTAT
msa236683.2{310_CJB110}	TACACGAGAG	CAAGCGAAAC	GTGGTGTAT
msa236683.2{310_H36B}	TACACGAGAG	CAAGCGAAAC	GTGGTGTAT
msa236683.2{310_JM9130013}	TACACGAGAG	CAAGCGAAAC	GTGGTGTAT
msa236683.2{310_COH1}	TACACGAGAG	CAAGCGAAAC	GTGGTGTAT
msa236683.2{310_M732}	TACACGAGAG	CAAGCGAAAC	GTGGTGTAT
msa236683.2{310_M781}	TACACGAGAG	CAAGCGAAAC	GTGGTGTAT
msa236683.2{310_1169NT}	TACACGAGAG	CAAGCGAAAC	GTGGTGTAT
Consensus	*****	*****	*****

Table 68: Comparative Sequences relating to SAG 0499

										101											150
msa236683.2{310_090}										TTATCAATGG	AGAACGTTAT	GATAAACCAG	GtGAAAAGGT	TGCAGACGAT							
msa236683.2{310_18RS21}										TTATCAATGG	AGAACGTTAT	GATAAACCAG	GtGAAAAGGT	TGCAGACGAT							
msa236683.2{310_2603}										TTATCAATGG	AGAACGTTAT	GATAAACCAG	GtGAAAAGGT	TGCAGACGAT							
msa236683.2{310_A909}										TTATCAATGG	AGAACGTTAT	GATAAACCAG	GtGAAAAGGT	TGCAGACGAT							
msa236683.2{310_CJB110}										TTATCAATGG	AGAACGTTAT	GATAAACCAG	GtGAAAAGGT	TGCAGACGAT							
msa236683.2{310_H36B}										TTATCAATGG	AGAACGTTAT	GATAAACCAG	GtGAAAAGGT	TGCAGACGAT							
msa236683.2{310_JM9130013}										TTATCAATGG	AGAACGTTAT	GATAAACCAG	GtGAAAAGGT	TGCAGACGAT							
msa236683.2{310_COH1}										TTATCAATGG	AGAACGTTAT	GATAAACCAG	GtGAAAAGGT	TGCAGACGAT							
msa236683.2{310_M732}										TTATCAATGG	AGAACGTTAT	GATAAACCAG	GtGAAAAGGT	TGCAGACGAT							
msa236683.2{310_M781}										TTATCAATGG	AGAACGTTAT	GATAAACCAG	GtGAAAAGGT	TGCAGACGAT							
msa236683.2{310_1169NT}										TTATCAATGG	AGAACGTTAT	GATAAACCAG	GtGAAAAGGT	TGCAGACGAT							
Consensus										*****	*****	*****	*-*****	*****							
										151											200
msa236683.2{310_090}										ACTGAATTAA	AACTAAAAGG	TGAAAACTA	AAATATGTTA	GTAGAGGTGG							
msa236683.2{310_18RS21}										ACTGAATTAA	AACTAAAAGG	TGAAAACTA	AAATATGTTA	GTAGAGGTGG							
msa236683.2{310_2603}										ACTGAATTAA	AACTAAAAGG	TGAAAACTA	AAATATGTTA	GTAGAGGTGG							
msa236683.2{310_A909}										ACTGAATTAA	AACTAAAAGG	TGAAAACTA	AAATATGTTA	GTAGAGGTGG							
msa236683.2{310_CJB110}										ACTGAATTAA	AACTAAAAGG	TGAAAACTA	AAATATGTTA	GTAGAGGTGG							
msa236683.2{310_H36B}										ACTGAATTAA	AACTAAAAGG	TGAAAACTA	AAATATGTTA	GTAGAGGTGG							
msa236683.2{310_JM9130013}										ACTGAATTAA	AACTAAAAGG	TGAAAACTA	AAATATGTTA	GTAGAGGTGG							
msa236683.2{310_COH1}										ACTGAATTAA	AACTAAAAGG	TGAAAACTA	AAATATGTTA	GTAGAGGTGG							
msa236683.2{310_M732}										ACTGAATTAA	AACTAAAAGG	TGAAAACTA	AAATATGTTA	GTAGAGGTGG							
msa236683.2{310_M781}										ACTGAATTAA	AACTAAAAGG	TGAAAACTA	AAATATGTTA	GTAGAGGTGG							
msa236683.2{310_1169NT}										ACTGAATTAA	AACTAAAAGG	TGAAAACTA	AAATATGTTA	GTAGAGGTGG							
Consensus										*****	*****	*****	*****	*****							
										201											250
msa236683.2{310_090}										ATTGAAATTA	GAAAAAGCTT	TACAAGTTTT	TGAAATTTCA	GTTGCAGATA							
msa236683.2{310_18RS21}										ATTGAAATTA	GAAAAAGCTT	TACAAGTTTT	TGAAATTTCA	GTTGCAGATA							
msa236683.2{310_2603}										ATTGAAATTA	GAAAAAGCTT	TACAAGTTTT	TGAAATTTCA	GTTGCAGATA							
msa236683.2{310_A909}										ATTGAAATTA	GAAAAAGCTT	TACAAGTTTT	TGAAATTTCA	GTTGCAGATA							
msa236683.2{310_CJB110}										ATTGAAATTA	GAAAAAGCTT	TACAAGTTTT	TGAAATTTCA	GTTGCAGATA							
msa236683.2{310_H36B}										ATTGAAATTA	GAAAAAGCTT	TACAAGTTTT	TGAAATTTCA	GTTGCAGATA							
msa236683.2{310_JM9130013}										ATTGAAATTA	GAAAAAGCTT	TACAAGTTTT	TGAAATTTCA	GTTGCAGATA							
msa236683.2{310_COH1}										ATTGAAATTA	GAAAAAGCTT	TACAAGTTTT	TGAAATTTCA	GTTGCAGATA							
msa236683.2{310_M732}										ATTGAAATTA	GAAAAAGCTT	TACAAGTTTT	TGAAATTTCA	GTTGCAGATA							
msa236683.2{310_M781}										ATTGAAATTA	GAAAAAGCTT	TACAAGTTTT	TGAAATTTCA	GTTGCAGATA							
msa236683.2{310_1169NT}										ATTGAAATTA	GAAAAAGCTT	TACAAGTTTT	TGAAATTTCA	GTTGCAGATA							
Consensus										*****	*****	*****	*****	*****							
										251											300
msa236683.2{310_090}										AGCTAACTAT	AGATATTGGC	GCCTCTACGG	GTGGTTTTAC	TGATGTTATG							
msa236683.2{310_18RS21}										AGCTAACTAT	AGATATTGGC	GCCTCTACGG	GTGGTTTTAC	TGATGTTATG							
msa236683.2{310_2603}										AGCTAACTAT	AGATATTGGC	GCCTCTACGG	GTGGTTTTAC	TGATGTTATG							
msa236683.2{310_A909}										AGCTAACTAT	AGATATTGGC	GCCTCTACGG	GTGGTTTTAC	TGATGTTATG							
msa236683.2{310_CJB110}										AGCTAACTAT	AGATATTGGC	GCCTCTACGG	GTGGTTTTAC	TGATGTTATG							
msa236683.2{310_H36B}										AGCTAACTAT	AGATATTGGC	GCCTCTACGG	GTGGTTTTAC	TGATGTTATG							
msa236683.2{310_JM9130013}										AGCTAACTAT	AGATATTGGC	GCCTCTACGG	GTGGTTTTAC	TGATGTTATG							
msa236683.2{310_COH1}										AGCTAACTAT	AGATATTGGC	GCCTCTACGG	GTGGTTTTAC	TGATGTTATG							
msa236683.2{310_M732}										AGCTAACTAT	AGATATTGGC	GCCTCTACGG	GTGGTTTTAC	TGATGTTATG							
msa236683.2{310_M781}										AGCTAACTAT	AGATATTGGC	GCCTCTACGG	GTGGTTTTAC	TGATGTTATG							
msa236683.2{310_1169NT}										AGCTAACTAT	AGATATTGGC	GCCTCTACGG	GTGGTTTTAC	TGATGTTATG							
Consensus										*****	*****	*****	*****	*****							
										301											350
msa236683.2{310_090}										CTACAATCAG	GAGCGCGTTT	AGTTTACGCA	GTAGATGTAG	GAACAAATCA							
msa236683.2{310_18RS21}										CTACAATCAG	GAGCGCGTTT	AGTTTACGCA	GTAGATGTAG	GAACAAATCA							
msa236683.2{310_2603}										CTACAATCAG	GAGCGCGTTT	AGTTTACGCA	GTAGATGTAG	GAACAAATCA							
msa236683.2{310_A909}										CTACAATCAG	GAGCGCGTTT	AGTTTACGCA	GTAGATGTAG	GAACAAATCA							
msa236683.2{310_CJB110}										CTACAATCAG	GAGCGCGTTT	AGTTTACGCA	GTAGATGTAG	GAACAAATCA							
msa236683.2{310_H36B}										CTACAATCAG	GAGCGCGTTT	AGTTTACGCA	GTAGATGTAG	GAACAAATCA							
msa236683.2{310_JM9130013}										CTACAATCAG	GAGCGCGTTT	AGTTTACGCA	GTAGATGTAG	GAACAAATCA							
msa236683.2{310_COH1}										CTACAATCAG	GAGCGCGTTT	AGTTTACGCA	GTAGATGTAG	GAACAAATCA							
msa236683.2{310_M732}										CTACAATCAG	GAGCGCGTTT	AGTTTACGCA	GTAGATGTAG	GAACAAATCA							
msa236683.2{310_M781}										CTACAATCAG	GAGCGCGTTT	AGTTTACGCA	GTAGATGTAG	GAACAAATCA							
msa236683.2{310_1169NT}										CTACAATCAG	GAGCGCGTTT	AGTTTACGCA	GTAGATGTAG	GAACAAATCA							
Consensus										*****	*****	*****	*****	*****							
										351											400
msa236683.2{310_090}										ATTAGTTTGG	AAGTTACGTC	AGGATCATCG	TGTTGCTTCT	ATGGAACAAT							
msa236683.2{310_18RS21}										ATTAGTTTGG	AAGTTACGTC	AGGATCATCG	TGTTGCTTCT	ATGGAACAAT							
msa236683.2{310_2603}										ATTAGTTTGG	AAGTTACGTC	AGGATCATCG	TGTTGCTTCT	ATGGAACAAT							
msa236683.2{310_A909}										ATTAGTTTGG	AAGTTACGTC	AGGATCATCG	TGTTGCTTCT	ATGGAACAAT							
msa236683.2{310_CJB110}										ATTAGTTTGG	AAGTTACGTC	AGGATCATCG	TGTTGCTTCT	ATGGAACAAT							
msa236683.2{310_H36B}										ATTAGTTTGG	AAGTTACGTC	AGGATCATCG	TGTTGCTTCT	ATGGAACAAT							
msa236683.2{310_JM9130013}										ATTAGTTTGG	AAGTTACGTC	AGGATCATCG	TGTTGCTTCT	ATGGAACAAT							
msa236683.2{310_COH1}										ATTAGTTTGG	AAGTTACGTC	AGGATCATCG	TGTTGCTTCT	ATGGAACAAT							
msa236683.2{310_M732}										ATTAGTTTGG	AAGTTACGTC	AGGATCATCG	TGTTGCTTCT	ATGGAACAAT							
msa236683.2{310_M781}										ATTAGTTTGG	AAGTTACGTC	AGGATCATCG	TGTTGCTTCT	ATGGAACAAT							
msa236683.2{310_1169NT}										ATTAGTTTGG	AAGTTACGTC	AGGATCATCG	TGTTGCTTCT	ATGGAACAAT							
Consensus										*****	*****	*****	*****	*****							

Table 68: Comparative Sequences relating to SAG 0499

msa236683.2{310_090}	401	ATAATTTTAG	GTATGCCCAA	AAAGAAGATT	TCAAGGAGGG	ACTGCCTGAA	450
msa236683.2{310_18RS21}		ATAATTTTAG	GTATGCCCAA	AAAGAAGATT	TCAAGGAGGG	ACTGCCTGAA	
msa236683.2{310_2603}		ATAATTTTAG	GTATGCCCAA	AAAGAAGATT	TCAAGGAGGG	ACTGCCTGAA	
msa236683.2{310_A909}		ATAATTTTAG	GTATGCCCAA	AAAGAAGATT	TCAAGGAGGG	ACTGCCTGAA	
msa236683.2{310_CJB110}		ATAATTTTAG	GTATGCCCAA	AAAGAAGATT	TCAAGGAGGG	ACTGCCTGAA	
msa236683.2{310_H36B}		ATAATTTTAG	GTATGCCCAA	AAAGAAGATT	TCAAGGAGGG	ACTGCCTGAA	
msa236683.2{310_JM9130013}		ATAATTTTAG	GTATGCCCAA	AAAGAAGATT	TCAAGGAGGG	ACTGCCTGAA	
msa236683.2{310_COH1}		ATAATTTTAG	GTATGCCCAA	AAAGAAGATT	TCAAGGAGGG	ACTGCCTGAA	
msa236683.2{310_M732}		ATAATTTTAG	GTATGCCCAA	AAAGAAGATT	TCAAGGAGGG	ACTGCCTGAA	
msa236683.2{310_M781}		ATAATTTTAG	GTATGCCCAA	AAAGAAGATT	TCAAGGAGGG	ACTGCCTGAA	
msa236683.2{310_1169NT}		ATAATTTTAG	GTATGCCCAA	AAAGAAGATT	TCAAGGAGGG	ACTGCCTGAA	
Consensus		*****	*****	*****	*****	*****	
msa236683.2{310_090}	451	TTTGCATCGA	TAGATGTCTC	ATTTATCTCT	CTTAATTGGA	TTTTaCCAGC	500
msa236683.2{310_18RS21}		TTTGCATCGA	TAGATGTCTC	ATTTATCTCT	CTTAATTGGA	TTTTaCCAGC	
msa236683.2{310_2603}		TTTGCATCGA	TAGATGTCTC	ATTTATCTCT	CTTAATTGGA	TTTTaCCAGC	
msa236683.2{310_A909}		TTTGCATCGA	TAGATGTCTC	ATTTATCTCT	CTTAATTGGA	TTTTaCCAGC	
msa236683.2{310_CJB110}		TTTGCATCGA	TAGATGTCTC	ATTTATCTCT	CTTAATTGGA	TTTTaCCAGC	
msa236683.2{310_H36B}		TTTGCATCGA	TAGATGTCTC	ATTTATCTCT	CTTAATTGGA	TTTTaCCAGC	
msa236683.2{310_JM9130013}		TTTGCATCGA	TAGATGTCTC	ATTTATCTCT	CTTAATTGGA	TTTTaCCAGC	
msa236683.2{310_COH1}		TTTGCATCGA	TAGATGTCTC	ATTTATCTCT	CTTAATTGGA	TTTTaCCAGC	
msa236683.2{310_M732}		TTTGCATCGA	TAGATGTCTC	ATTTATCTCT	CTTAATTGGA	TTTTaCCAGC	
msa236683.2{310_M781}		TTTGCATCGA	TAGATGTCTC	ATTTATCTCT	CTTAATTGGA	TTTTaCCAGC	
msa236683.2{310_1169NT}		TTTGCATCGA	TAGATGTCTC	ATTTATCTCT	CTTAATTGGA	TTTTgCCAGC	
Consensus		*****	*****	*****	*****	*****	
msa236683.2{310_090}	501	TCTAAAAGAA	ATTTTAGTGG	ATGGTGGACA	AGTAGTGGCA	TTAATTA AAC	550
msa236683.2{310_18RS21}		TCTAAAAGAA	ATTTTAGTGG	ATGGTGGACA	AGTAGTGGCA	TTAATTA AAC	
msa236683.2{310_2603}		TCTAAAAGAA	ATTTTAGTGG	ATGGTGGACA	AGTAGTGGCA	TTAATTA AAC	
msa236683.2{310_A909}		TCTAAAAGAA	ATTTTAGTGG	ATGGTGGACA	AGTAGTGGCA	TTAATTA AAC	
msa236683.2{310_CJB110}		TCTAAAAGAA	ATTTTAGTGG	ATGGTGGACA	AGTAGTGGCA	TTAATTA AAC	
msa236683.2{310_H36B}		TCTAAAAGAA	ATTTTAGTGG	ATGGTGGACA	AGTAGTGGCA	TTAATTA AAC	
msa236683.2{310_JM9130013}		TCTAAAAGAA	ATTTTAGTGG	ATGGTGGACA	AGTAGTGGCA	TTAATTA AAC	
msa236683.2{310_COH1}		TCTAAAAGAA	ATTTTAGTGG	ATGGTGGACA	AGTAGTGGCA	TTAATTA AAC	
msa236683.2{310_M732}		TCTAAAAGAA	ATTTTAGTGG	ATGGTGGACA	AGTAGTGGCA	TTAATTA AAC	
msa236683.2{310_M781}		TCTAAAAGAA	ATTTTAGTGG	ATGGTGGACA	AGTAGTGGCA	TTAATTA AAC	
msa236683.2{310_1169NT}		TCTAAAAGAA	ATTTTAGTGG	ATGGTGGACA	AGTAGTGGCA	TTAATTA AAC	
Consensus		*****	*****	*****	*****	*****	
msa236683.2{310_090}	551	CACAATTGGA	AGCAGGTCGT	GAGCAAATTG	GTA AAAATGG	TATTGTCAAA	600
msa236683.2{310_18RS21}		CACAATTGGA	AGCAGGTCGT	GAGCAAATTG	GTA AAAATGG	TATTGTCAAA	
msa236683.2{310_2603}		CACAATTGGA	AGCAGGTCGT	GAGCAAATTG	GTA AAAATGG	TATTGTCAAA	
msa236683.2{310_A909}		CACAATTGGA	AGCAGGTCGT	GAGCAAATTG	GTA AAAATGG	TATTGTCAAA	
msa236683.2{310_CJB110}		CACAATTGGA	AGCAGGTCGT	GAGCAAATTG	GTA AAAATGG	TATTGTCAAA	
msa236683.2{310_H36B}		CACAATTGGA	AGCAGGTCGT	GAGCAAATTG	GTA AAAATGG	TATTGTCAAA	
msa236683.2{310_JM9130013}		CACAATTGGA	AGCAGGTCGT	GAGCAAATTG	GTA AAAATGG	TATTGTCAAA	
msa236683.2{310_COH1}		CACAATTGGA	AGCAGGTCGT	GAGCAAATTG	GTA AAAATGG	TATTGTCAAA	
msa236683.2{310_M732}		CACAATTGGA	AGCAGGTCGT	GAGCAAATTG	GTA AAAATGG	TATTGTCAAA	
msa236683.2{310_M781}		CACAATTGGA	AGCAGGTCGT	GAGCAAATTG	GTA AAAATGG	TATTGTCAAA	
msa236683.2{310_1169NT}		CACAATTGGA	AGCAGGTCGT	GAGCAAATTG	GTA AAAATGG	TATTGTCAAA	
Consensus		*****	*****	*****	*****	*****	
msa236683.2{310_090}	601	GACAAGTTGG	TTCATGAAAA	GGTTTGGACA	ACAGTGACCA	ATTTCAAGGAA	650
msa236683.2{310_18RS21}		GACAAGTTGG	TTCATGAAAA	GGTTTGGACA	ACAGTGACCA	ATTTCAAGGAA	
msa236683.2{310_2603}		GACAAGTTGG	TTCATGAAAA	GGTTTGGACA	ACAGTGACCA	ATTTCAAGGAA	
msa236683.2{310_A909}		GACAAGTTGG	TTCATGAAAA	GGTTTGGACA	ACAGTGACCA	ATTTCAAGGAA	
msa236683.2{310_CJB110}		GACAAGTTGG	TTCATGAAAA	GGTTTGGACA	ACAGTGACCA	ATTTCAAGGAA	
msa236683.2{310_H36B}		GACAAGTTGG	TTCATGAAAA	GGTTTGGACA	ACAGTGACCA	ATTTCAAGGAA	
msa236683.2{310_JM9130013}		GACAAGTTGG	TTCATGAAAA	GGTTTGGACA	ACAGTGACCA	ATTTCAAGGAA	
msa236683.2{310_COH1}		GACAAGTTGG	TTCATGAAAA	GGTTTGGACA	ACAGTGACCA	ATTTCAAGGAA	
msa236683.2{310_M732}		GACAAGTTGG	TTCATGAAAA	GGTTTGGACA	ACAGTGACCA	ATTTCAAGGAA	
msa236683.2{310_M781}		GACAAGTTGG	TTCATGAAAA	GGTTTGGACA	ACAGTGACCA	ATTTCAAGGAA	
msa236683.2{310_1169NT}		GACAAGTTGG	TTCATGAAAA	GGTTTGGACA	ACAGTGACCA	ATTTCAAGGAA	
Consensus		*****	*****	*****	*****	*****	
msa236683.2{310_090}	651	AGATTATGGA	TATACGGTTA	AACATCTTGA	TTTTTCGCCC	aTTCAAGGTG	700
msa236683.2{310_18RS21}		AGATTATGGA	TATACGGTTA	AACATCTTGA	TTTTTCGCCC	aTTCAAGGTG	
msa236683.2{310_2603}		AGATTATGGA	TATACGGTTA	AACATCTTGA	TTTTTCGCCC	aTTCAAGGTG	
msa236683.2{310_A909}		AGATTATGGA	TATACGGTTA	AACATCTTGA	TTTTTCGCCC	aTTCAAGGTG	
msa236683.2{310_CJB110}		AGATTATGGA	TATACGGTTA	AACATCTTGA	TTTTTCGCCC	aTTCAAGGTG	
msa236683.2{310_H36B}		AGATTATGGA	TATACGGTTA	AACATCTTGA	TTTTTCGCCC	aTTCAAGGTG	
msa236683.2{310_JM9130013}		AGATTATGGA	TATACGGTTA	AACATCTTGA	TTTTTCGCCC	aTTCAAGGTG	
msa236683.2{310_COH1}		AGATTATGGA	TATACGGTTA	AACATCTTGA	TTTTTCGCCC	aTTCAAGGTG	
msa236683.2{310_M732}		AGATTATGGA	TATACGGTTA	AACATCTTGA	TTTTTCGCCC	aTTCAAGGTG	
msa236683.2{310_M781}		AGATTATGGA	TATACGGTTA	AACATCTTGA	TTTTTCGCCC	aTTCAAGGTG	
msa236683.2{310_1169NT}		AGATTATGGA	TATACGGTTA	AACATCTTGA	TTTTTCGCCC	aTTCAAGGTG	

Table 68: Comparative Sequences relating to SAG 0499

Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
	701				750
msa236683.2{310_090}	GACATGGAAA	TATTGAGTTT	TTAATGCATT	TGCAAAAGTG	TCAAGATCCA
msa236683.2{310_18RS21}	GACATGGAAA	TATTGAGTTT	TTAATGCATT	TGCAAAAGTG	TCAAGATCCA
msa236683.2{310_2603}	GACATGGAAA	TATTGAGTTT	TTAATGCATT	TGCAAAAGTG	TCAAGATCCA
msa236683.2{310_A909}	GACATGGAAA	TATTGAGTTT	TTAATGCATT	TGCAAAAGTG	TCAAGATCCA
msa236683.2{310_CJB110}	GACATGGAAA	TATTGAGTTT	TTAATGCATT	TGCAAAAGTG	TCAAGATCCA
msa236683.2{310_H36B}	GACATGGAAA	TATTGAGTTT	TTAATGCATT	TGCAAAAGTG	TCAAGATCCA
msa236683.2{310_JM9130013}	GACATGGAAA	TATTGAGTTT	TTAATGCATT	TGCAAAAGTG	TCAAGATCCA
msa236683.2{310_COH1}	GACATGGAAA	TATTGAGTTT	TTAATGCATT	TGCAAAAGTG	TCAAGATCCA
msa236683.2{310_M732}	GACATGGAAA	TATTGAGTTT	TTAATGCATT	TGCAAAAGTG	TCAAGATCCA
msa236683.2{310_M781}	GACATGGAAA	TATTGAGTTT	TTAATGCATT	TGCAAAAGTG	TCAAGATCCA
msa236683.2{310_1169NT}	GACATGGAAA	TATTGAGTTT	TTAATGCATT	TGCAAAAGTG	TCAAGATCCA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
	751				800
msa236683.2{310_090}	CAAAATCTTG	TGCTTGACCA	AATACAAGAT	GTTATAGAAA	AAGCACATAA
msa236683.2{310_18RS21}	CAAAATCTTG	TGCTTGACCA	AATACAAGAT	GTTATAGAAA	AAGCACATAA
msa236683.2{310_2603}	CAAAATCTTG	TGCTTGACCA	AATACAAGAT	GTTATAGAAA	AAGCACATAA
msa236683.2{310_A909}	CAAAATCTTG	TGCTTGACCA	AATACAAGAT	GTTATAGAAA	AAGCACATAA
msa236683.2{310_CJB110}	CAAAATCTTG	TGCTTGACCA	AATACAAGAT	GTTATAGAAA	AAGCACATAA
msa236683.2{310_H36B}	CAAAATCTTG	TGCTTGACCA	AATACAAGAT	GTTATAGAAA	AAGCACATAA
msa236683.2{310_JM9130013}	CAAAATCTTG	TGCTTGACCA	AATACAAGAT	GTTATAGAAA	AAGCACATAA
msa236683.2{310_COH1}	CAAAATCTTG	TGCTTGACCA	AATACAAGAT	GTTATAGAAA	AAGCACATAA
msa236683.2{310_M732}	CAAAATCTTG	TGCTTGACCA	AATACAAGAT	GTTATAGAAA	AAGCACATAA
msa236683.2{310_M781}	CAAAATCTTG	TGCTTGACCA	AATACAAGAT	GTTATAGAAA	AAGCACATAA
msa236683.2{310_1169NT}	CAAAATCTTG	TGCTTGACCA	AATACAAGAT	GTTATAGAAA	AAGCACATAA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
	801				825
msa236683.2{310_090}	GGAATTTAAG	AAAAATGAAG	AAGAG		
msa236683.2{310_18RS21}	GGAATTTAAG	AAAAATGAAG	AAGAG		
msa236683.2{310_2603}	GGAATTTAAG	AAAAATGAAG	AAGAG		
msa236683.2{310_A909}	GGAATTTAAG	AAAAATGAAG	AAGAG		
msa236683.2{310_CJB110}	GGAATTTAAG	AAAAATGAAG	AAGAG		
msa236683.2{310_H36B}	GGAATTTAAG	AAAAATGAAG	AAGAG		
msa236683.2{310_JM9130013}	GGAATTTAAG	AAAAATGAAG	AAGAG		
msa236683.2{310_COH1}	GGAATTTAAG	AAAAATGAAG	AAGAG		
msa236683.2{310_M732}	GGAATTTAAG	AAAAATGAAG	AAGAG		
msa236683.2{310_M781}	GGAATTTAAG	AAAAATGAAG	AAGAG		
msa236683.2{310_1169NT}	GGAATTTAAG	AAAAATGAAG	AAGAG		
Consensus	*****	*****	*****		
SEQ ID NO. 6812					
STRAIN 2603 frame: 1					
MAKERVDVLAYKQGLFDTREQAKRGVMAGMVINVINGERYDKPGEKVADDTTELKLGKGLK					
YVSRGGLKLEKALQVFEISVADKLTIDIGASTGGFTDVMLQSGARLVYAVDVGNTQLVWK					
LRQDHRVRSMEQYNFRYAQKEDFKEGLPEFASIDVSFISLNLILPALKEILVDGGQVVAL					
IKPQFEAGREIQKNGIVKDKLVHEKVLTTVTNFTKDYGYTVKHLDFSP IQGGHGNIEFL					
MHLQKCQDPQNLVLDQIQDVIEKAHKEFKKNEEB					
SEQ ID NO. 6813					
STRAIN 090 frame: 1					
AKERVDVLAYKQGLFDTREQAKRGVMAGMVINVINGERYDKPGEKVADDTTELKLGKGLK					
YVSRGGLKLEKALQVFEISVADKLTIDIGASTGGFTDVMLQSGARLVYAVDVGNTQLVWK					
LRQDHRVRSMEQYNFRYAQKEDFKEGLPEFASIDVSFISLNLILPALKEILVDGGQVVAL					
IKPQFEAGREIQKNGIVKDKLVHEKVLTTVTNFTKDYGYTVKHLDFSP IQGGHGNIEFL					
MHLQKCQDPQNLVLDQIQDVIEKAHKEFKKNEEB					
SEQ ID NO. 6814					
STRAIN A909 frame: 1					
AKERVDVLAYKQGLFDTREQAKRGVMAGMVINVINGERYDKPGEKVADDTTELKLGKGLK					
YVSRGGLKLEKALQVFEISVADKLTIDIGASTGGFTDVMLQSGARLVYAVDVGNTQLVWK					
LRQDHRVRSMEQYNFRYAQKEDFKEGLPEFASIDVSFISLNLILPALKEILVDGGQVVAL					
IKPQFEAGREIQKNGIVKDKLVHEKVLTTVTNFTKDYGYTVKHLDFSP IQGGHGNIEFL					
MHLQKCQDPQNLVLDQIQDVIEKAHKEFKKNEEB					
SEQ ID NO. 6815					
STRAIN 18RS21 frame: 1					
AKERVDVLAYKQGLFDTREQAKRGVMAGMVINVINGERYDKPGEKVADDTTELKLGKGLK					
YVSRGGLKLEKALQVFEISVADKLTIDIGASTGGFTDVMLQSGARLVYAVDVGNTQLVWK					
LRQDHRVRSMEQYNFRYAQKEDFKEGLPEFASIDVSFISLNLILPALKEILVDGGQVVAL					
IKPQFEAGREIQKNGIVKDKLVHEKVLTTVTNFTKDYGYTVKHLDFSP IQGGHGNIEFL					
MHLQKCQDPQNLVLDQIQDVIEKAHKEFKKNEEB					
SEQ ID NO. 6816					
STRAIN M732 frame: 1					
AKERVDVLAYKQGLFDTREQAKRGVMAGMVINVINGERYDKPGEKVADDTTELKLGKGLK					
YVSRGGLKLEKALQVFEISVADKLTIDIGASTGGFTDVMLQSGARLVYAVDVGNTQLVWK					
LRQDHRVRSMEQYNFRYAQKEDFKEGLPEFASIDVSFISLNLILPALKEILVDGGQVVAL					

Table 68: Comparative Sequences relating to SAG 0499

IKPQFEAGREQIGKNGIVKDKLVHEKVLTTVTNFTKDYGYTVKHLDFSPVQGGHGNIEFL  
MHLQKCQDPQNLVLDQIQDVIEKAHKEFKKNEEB

SEQ ID NO. 6817

STRAIN COH1 frame: 1

AKERVDVLAAYKQGLFDTREQAKRGVMAGLVINVINGERYDKPGEKVADDTELKLGKGLK  
YVSRGGLKLEKALQVFEISVADKLTIDIGASTGGFTDVMLQSGARLVYAVDVGNTQLVWK  
LRQDHRVRSMEQYNFRYAQKEDFKGGLPEFASIDVSFISLNLILPALKEILVDGGQVVAL  
IKPQFEAGREQIGKNGIVKDKLVHEKVLTTVTNFTKDYGYTVKHLDFSPVQGGHGNIEFL  
MHLQKCQDPQNLVLDQIQDVIEKAHKEFKKNEEB

SEQ ID NO. 6818

STRAIN M781 frame: 1

AKERVDVLAAYKQGLFDTREQAKRGVMAGLVINVINGERYDKPGEKVADDTELKLGKGLK  
YVSRGGLKLEKALQVFEISVADKLTIDIGASTGGFTDVMLQSGARLVYAVDVGNTQLVWK  
LRQDHRVRSMEQYNFRYAQKEDFKGGLPEFASIDVSFISLNLILPALKEILVDGGQVVAL  
IKPQFEAGREQIGKNGIVKDKLVHEKVLTTVTNFTKDYGYTVKHLDFSPVQGGHGNIEFL  
MHLQKCQDPQNLVLDQIQDVIEKAHKEFKKNEEB

SEQ ID NO. 6819

STRAIN CJB110 frame: 1

AKERVDVLAAYKQGLFDTREQAKRGVMAGLVINVINGERYDKPGEKVADDTELKLGKGLK  
YVSRGGLKLEKALQVFEISVADKLTIDIGASTGGFTDVMLQSGARLVYAVDVGNTQLVWK  
LRQDHRVRSMEQYNFRYAQKEDFKGGLPEFASIDVSFISLNLILPALKEILVDGGQVVAL  
IKPQFEAGREQIGKNGIVKDKLVHEKVLTTVTNFTKDYGYTVKHLDFSPVQGGHGNIEFL  
MHLQKCQDPQNLVLDQIQDVIEKAHKEFKKNEEB

SEQ ID NO. 6820

STRAIN 1169NT frame: 1

AKERVDVLAAYKQGLFDTREQAKRGVMAGLVINVINGERYDKPGEKVADDTELKLGKGLK  
YVSRGGLKLEKALQVFEISVADKLTIDIGASTGGFTDVMLQSGARLVYAVDVGNTQLVWK  
LRQDHRVRSMEQYNFRYAQKEDFKGGLPEFASIDVSFISLNLILPALKEILVDGGQVVAL  
IKPQFEAGREQIGKNGIVKDKLVHEKVLTTVTNFTKDYGYTVKHLDFSPVQGGHGNIEFL  
MHLQKCQDPQNLVLDQIQDVIEKAHKEFKKNEEB

SEQ ID NO. 6821

STRAIN JM9130013 frame: 1

AKERVDVLAAYKQGLFDTREQAKRGVMAGLVINVINGERYDKPGEKVADDTELKLGKGLK  
YVSRGGLKLEKALQVFEISVADKLTIDIGASTGGFTDVMLQSGARLVYAVDVGNTQLVWK  
LRQDHRVRSMEQYNFRYAQKEDFKGGLPEFASIDVSFISLNLILPALKEILVDGGQVVAL  
IKPQFEAGREQIGKNGIVKDKLVHEKVLTTVTNFTKDYGYTVKHLDFSPVQGGHGNIEFL  
MHLQKCQDPQNLVLDQIQDVIEKAHKEFKKNEEB

SEQ ID NO. 6822

STRAIN H36B frame: 1

AKERVDVLAAYKQGLFDTREQAKRGVMAGLVINVINGERYDKPGEKVADDTELKLGKGLK  
YVSRGGLKLEKALQVFEISVADKLTIDIGASTGGFTDVMLQSGARLVYAVDVGNTQLVWK  
LRQDHRVRSMEQYNFRYAQKEDFKGGLPEFASIDVSFISLNLILPALKEILVDGGQVVAL  
IKPQFEAGREQIGKNGIVKDKLVHEKVLTTVTNFTKDYGYTVKHLDFSPVQGGHGNIEFL  
MHLQKCQDPQNLVLDQIQDVIEKAHKEFKKNEEB

PRETTY of: /biotmp/msa236800.2{\*} May 14, 2003 02:58 ..

	1		50
msa236800.2{310_090}	-AKERVDVLA	YKQGLFDTRE	QAKRGVMAGm
msa236800.2{310_18RS21}	-AKERVDVLA	YKQGLFDTRE	QAKRGVMAGm
msa236800.2{310_2603}	MAKERVDVLA	YKQGLFDTRE	QAKRGVMAGm
msa236800.2{310_A909}	-AKERVDVLA	YKQGLFDTRE	QAKRGVMAGm
msa236800.2{310_CJB110}	-AKERVDVLA	YKQGLFDTRE	QAKRGVMAGm
msa236800.2{310_H36B}	-AKERVDVLA	YKQGLFDTRE	QAKRGVMAGm
msa236800.2{310_JM9130013}	-AKERVDVLA	YKQGLFDTRE	QAKRGVMAGm
msa236800.2{310_COH1}	-AKERVDVLA	YKQGLFDTRE	QAKRGVMAGl
msa236800.2{310_M732}	-AKERVDVLA	YKQGLFDTRE	QAKRGVMAGl
msa236800.2{310_M781}	-AKERVDVLA	YKQGLFDTRE	QAKRGVMAGl
msa236800.2{310_1169NT}	-AKERVDVLA	YKQGLFDTRE	QAKRGVMAGl
Consensus	*****	*****	*****
	51		100
msa236800.2{310_090}	TELKLGKGL	KYVSRGGLKL	EKALQVFEIS
msa236800.2{310_18RS21}	TELKLGKGL	KYVSRGGLKL	EKALQVFEIS
msa236800.2{310_2603}	TELKLGKGL	KYVSRGGLKL	EKALQVFEIS
msa236800.2{310_A909}	TELKLGKGL	KYVSRGGLKL	EKALQVFEIS
msa236800.2{310_CJB110}	TELKLGKGL	KYVSRGGLKL	EKALQVFEIS
msa236800.2{310_H36B}	TELKLGKGL	KYVSRGGLKL	EKALQVFEIS
msa236800.2{310_JM9130013}	TELKLGKGL	KYVSRGGLKL	EKALQVFEIS
msa236800.2{310_COH1}	TELKLGKGL	KYVSRGGLKL	EKALQVFEIS
msa236800.2{310_M732}	TELKLGKGL	KYVSRGGLKL	EKALQVFEIS
msa236800.2{310_M781}	TELKLGKGL	KYVSRGGLKL	EKALQVFEIS
msa236800.2{310_1169NT}	TELKLGKGL	KYVSRGGLKL	EKALQVFEIS
Consensus	*****	*****	*****

101

150



Table 68: Comparative Sequences relating to SAG 0499

msa236800.2{310_090}	LQSGARLVYA	VDVGTNQLVW	KLRQDHRVRS	MEQYNFRYAQ	KEDFKEGGLPE
msa236800.2{310_18RS21}	LQSGARLVYA	VDVGTNQLVW	KLRQDHRVRS	MEQYNFRYAQ	KEDFKEGGLPE
msa236800.2{310_2603}	LQSGARLVYA	VDVGTNQLVW	KLRQDHRVRS	MEQYNFRYAQ	KEDFKEGGLPE
msa236800.2{310_A909}	LQSGARLVYA	VDVGTNQLVW	KLRQDHRVRS	MEQYNFRYAQ	KEDFKEGGLPE
msa236800.2{310_CJB110}	LQSGARLVYA	VDVGTNQLVW	KLRQDHRVRS	MEQYNFRYAQ	KEDFKEGGLPE
msa236800.2{310_H36B}	LQSGARLVYA	VDVGTNQLVW	KLRQDHRVRS	MEQYNFRYAQ	KEDFKEGGLPE
msa236800.2{310_JM9130013}	LQSGARLVYA	VDVGTNQLVW	KLRQDHRVRS	MEQYNFRYAQ	KEDFKEGGLPE
msa236800.2{310_COH1}	LQSGARLVYA	VDVGTNQLVW	KLRQDHRVRS	MEQYNFRYAQ	KEDFKEGGLPE
msa236800.2{310_M732}	LQSGARLVYA	VDVGTNQLVW	KLRQDHRVRS	MEQYNFRYAQ	KEDFKEGGLPE
msa236800.2{310_M781}	LQSGARLVYA	VDVGTNQLVW	KLRQDHRVRS	MEQYNFRYAQ	KEDFKEGGLPE
msa236800.2{310_1169NT}	LQSGARLVYA	VDVGTNQLVW	KLRQDHRVRS	MEQYNFRYAQ	KEDFKEGGLPE
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
151					
msa236800.2{310_090}	FASIDVSFIS	LNLILPALKE	ILVDGGQVVA	LIKPFQFAGR	EQIGKNGIVK
msa236800.2{310_18RS21}	FASIDVSFIS	LNLILPALKE	ILVDGGQVVA	LIKPFQFAGR	EQIGKNGIVK
msa236800.2{310_2603}	FASIDVSFIS	LNLILPALKE	ILVDGGQVVA	LIKPFQFAGR	EQIGKNGIVK
msa236800.2{310_A909}	FASIDVSFIS	LNLILPALKE	ILVDGGQVVA	LIKPFQFAGR	EQIGKNGIVK
msa236800.2{310_CJB110}	FASIDVSFIS	LNLILPALKE	ILVDGGQVVA	LIKPFQFAGR	EQIGKNGIVK
msa236800.2{310_H36B}	FASIDVSFIS	LNLILPALKE	ILVDGGQVVA	LIKPFQFAGR	EQIGKNGIVK
msa236800.2{310_JM9130013}	FASIDVSFIS	LNLILPALKE	ILVDGGQVVA	LIKPFQFAGR	EQIGKNGIVK
msa236800.2{310_COH1}	FASIDVSFIS	LNLILPALKE	ILVDGGQVVA	LIKPFQFAGR	EQIGKNGIVK
msa236800.2{310_M732}	FASIDVSFIS	LNLILPALKE	ILVDGGQVVA	LIKPFQFAGR	EQIGKNGIVK
msa236800.2{310_M781}	FASIDVSFIS	LNLILPALKE	ILVDGGQVVA	LIKPFQFAGR	EQIGKNGIVK
msa236800.2{310_1169NT}	FASIDVSFIS	LNLILPALKE	ILVDGGQVVA	LIKPFQFAGR	EQIGKNGIVK
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
201					
msa236800.2{310_090}	DKLVHEKVLT	TVTNFTKDYG	YTVKHLDFSP	IQGGHGNIEF	LMHLQKCQDP
msa236800.2{310_18RS21}	DKLVHEKVLT	TVTNFTKDYG	YTVKHLDFSP	IQGGHGNIEF	LMHLQKCQDP
msa236800.2{310_2603}	DKLVHEKVLT	TVTNFTKDYG	YTVKHLDFSP	IQGGHGNIEF	LMHLQKCQDP
msa236800.2{310_A909}	DKLVHEKVLT	TVTNFTKDYG	YTVKHLDFSP	IQGGHGNIEF	LMHLQKCQDP
msa236800.2{310_CJB110}	DKLVHEKVLT	TVTNFTKDYG	YTVKHLDFSP	IQGGHGNIEF	LMHLQKCQDP
msa236800.2{310_H36B}	DKLVHEKVLT	TVTNFTKDYG	YTVKHLDFSP	IQGGHGNIEF	LMHLQKCQDP
msa236800.2{310_JM9130013}	DKLVHEKVLT	TVTNFTKDYG	YTVKHLDFSP	IQGGHGNIEF	LMHLQKCQDP
msa236800.2{310_COH1}	DKLVHEKVLT	TVTNFTKDYG	YTVKHLDFSP	IQGGHGNIEF	LMHLQKCQDP
msa236800.2{310_M732}	DKLVHEKVLT	TVTNFTKDYG	YTVKHLDFSP	IQGGHGNIEF	LMHLQKCQDP
msa236800.2{310_M781}	DKLVHEKVLT	TVTNFTKDYG	YTVKHLDFSP	IQGGHGNIEF	LMHLQKCQDP
msa236800.2{310_1169NT}	DKLVHEKVLT	TVTNFTKDYG	YTVKHLDFSP	IQGGHGNIEF	LMHLQKCQDP
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
251					
msa236800.2{310_090}	QNLVLDQIQD	VIEKAHKEFK	KNEEE		
msa236800.2{310_18RS21}	QNLVLDQIQD	VIEKAHKEFK	KNEEE		
msa236800.2{310_2603}	QNLVLDQIQD	VIEKAHKEFK	KNEEE		
msa236800.2{310_A909}	QNLVLDQIQD	VIEKAHKEFK	KNEEE		
msa236800.2{310_CJB110}	QNLVLDQIQD	VIEKAHKEFK	KNEEE		
msa236800.2{310_H36B}	QNLVLDQIQD	VIEKAHKEFK	KNEEE		
msa236800.2{310_JM9130013}	QNLVLDQIQD	VIEKAHKEFK	KNEEE		
msa236800.2{310_COH1}	QNLVLDQIQD	VIEKAHKEFK	KNEEE		
msa236800.2{310_M732}	QNLVLDQIQD	VIEKAHKEFK	KNEEE		
msa236800.2{310_M781}	QNLVLDQIQD	VIEKAHKEFK	KNEEE		
msa236800.2{310_1169NT}	QNLVLDQIQD	VIEKAHKEFK	KNEEE		
Consensus	*****	*****	*****		
275					

Table 69: Comparative Sequences relating to SAG0032

SEQ ID NO. 6901

STRAIN 2603

ATGAATAAAAAGTACTATTGACATCGACAATGGCAGCTTCGCTATTATCAGTCGCAAGT  
 GTTCAAGCACAAGAAACAGATACGACGTGGACAGCAGTACTGTTTCAGAGGTAAAGGCT  
 GATTGTTGTAAGCAAGCAATAAATCATCATATCTGTGAAATATGGTGATACACTAAGC  
 GTTATTTTCAGAAGCAATGTCAATTGATATGAATGTCTTAGCAAAAATAAATAACATTGCA  
 GATATCAATCTTATTATCTGAGACAACA CTGACAGTAACCTACGATCAGAAGAGTCAT  
 ACTGCCACTTCAATGAAAATAGAAACACCAGCAACAATGCTGCTGGTCAAAACACAGCT  
 ACTGTGGATTGAAAACCAATCAAGTTTCTGTTGAGACCAAAAAGTTTCTCTCAATACA  
 ATTTGGAAGGTATGACACCAGAAGCAGCAACAACGATTGTTTCGCCAATGAAGACATAT  
 TCTTCTGCGCCAGCTTTGAAATCAAAAGAAGTATTAGCACAAGAGCAAGCTGTTAGTCAA  
 GCAGCAGCTAATGAACAGGTATCACCAGCTCCTGTGAAGTCGATTACTTCAGAAGTTCCA  
 GCAGCTAAGAGGAGGATTAACCAACTCAGACGTGAGTCAGTCAGTCAACCAACAGTATCA  
 CCAGCTTCTGTTGCGCTGAAACACCAGCTCCAGTAGCTAAAGTAGCACCGGTAAGAACT  
 GTAGCAGCCCTAGAGTGGCAAGTGTAAAGTAGTCACTCCTAAAGTAGAACTGGTGCA  
 TCACCAGAGCATGTATCAGCTCCAGCAGTTCTGTGACTACGACTTCACCAGCTACAGAC  
 AGTAAGTTACAAGCGACTGAAGTTAAGAGCGTTCCGGTAGCACAAAAGCTCCAACAGCA  
 ACACCGGTAGCACAAACAGCTTCAACAACAAGTGCAGTAGCTGCACATCTGAAAATGCA  
 GGGCTCCAACCTCATGTTGAGCTTATAAAGAAAAGTAGCGTCAACTTATGGAGTTAAT  
 GAATTCAGTACATACCGTGGGAGATCCAGGTGATCATGTTAAAGGTTTAGCAGTTGAC  
 TTTATTGTAGGTACTAATCAAGCACTTGGTAATAAAGTTGCACAGTACTCTACACAAAAT  
 ATGGCAGCAAAATAACATTTCATATGTTATCTGGCAACAAAAGTTTACTCAAAATACAAAC  
 AGTATTTATGGAGCTGCTAATCTTGAAGTCAATGCCAGATCGTGGTGGCGTTACTGCC  
 AACCATATGACACAGTTCACGTATCATTTAACAATAATATAAAAAAGGAAGCTATTG  
 GCTTCTTTTTATATGCTTGAATAGACTTTCAGGTTCTTATATAATTTTTATTA

SEQ ID NO. 6902

STRAIN 090

TGAGACAACACTGACAGTAACCTACGATCAGAAGAGTCATCTGCCACTT  
 CAATGAAAATAGAAAACACCAGCAACAATGCTGCTGGTCAAAACACCAGCT  
 ACTGTGGATTGAAAACCAATCAAGTTTCTGTTGACAGCAAAAAGTTTCT  
 TCTCAATACAATTTGGAAGGTATGACACCAGAAGCAGCAACAACGATTG  
 TTTGCCAATGAAGACATATTCTTCTGCGCCAGCTTTGAAATCAAAAGAA  
 GTATTAGCAAGAGCAGCTGTTAGTCAAGCAGCAGCTAATGAACAGGT  
 ATCAACAGCTCCTGTGAAGTCGATTACTTCAGAAGTTCCAGCAGCTAAAG  
 AGGAAGTTAAACCAACTCAGACGTGAGTCAGTCAGTCAACCAACAGTATCA  
 CCAGCTTCTGTTGCGCTGAAAACACCAGCTCCAGTAGCTAAAGTAGCACCC  
 GGTAAGAACTGTAGCAGCCCTAGAGTGGCAAGTGTAAAGTAGTCACTC  
 CTAAAGTAGAACTGGTGATCACCAGAGCATGTATCAGCTCCAGCAGTT  
 CCTGTGACTACGACTTCAACAGCTACAGACAGTAAGTTACAAGCGACTGA  
 AGTTAAGAGCGTTCCGGTAGCACAAAAGCTCCAACAGCAACACCGGTAG  
 CACAACCAGCTTCAACAACAATGCAGTAGCTGCACATCTGAAAATGCA  
 GGGCTCCAACCTCATGTTGAGCTTATAAAGAAAAGTAGCGTCAACTTA  
 TGGAGTTAATGAATTCAGTACATACCGTGCAGGTGATCCAGGTGATCATG  
 TAAAGGTTTAGCAGTCACTTTATTGTAGTAAAAACCAAGCACTTGGT  
 AATGAAGTTGCAAGTACTCTACAAAATATGGCAGCAAAATAACATTTC  
 ATATGTTATCTGGCAACAAAAGTTTACTCAAAATCAAAATAGTATTTATG  
 GACCTGCTAATCTTGAAGTCAATGCCAGATCGTGGTGGCGTTACTGCC  
 AACCATATGACCATGTTCAAGTATCATTTAACAATAATATAAAAAAGG  
 AAGCTATTGGCTTCTTTTTATATGCTTGAATAGACTTTCAGGTTCT  
 TATATAATTTTTATTA

SEQ ID NO. 6903

STRAIN A909

CTGATTGGTAAAGCAAGCAATAAATCATCATATCTGTGAA  
 ATATGGGTATACACTAAGCGTTATTTTCAGAAGCAATGTCAATTGATATGA  
 ATGCTTAGCAAAAATTAATAACATTGCAGATATCAATCTTATTATCTcT  
 GAGACAACACTGaCAGTAACCTTACGATCAGAAGAGTCATCTGCTACTTC  
 AATGAAAATAGAAACACCAGCAACAATGCTGCTGGTCAAAACaCAGcTA  
 CTGTCGATTGAAAACCAATCAAGTTTCTGTTGACAGCAAAAAGTTTCT  
 CTCAATACAATTTGGAAGGTATGACACCAGAAGCAGCAACAACGATTGT  
 TTGCGCAATGAAGACATATCTTCTGCGCCAGCTTTGAAATCAAAAGAAG  
 TATTAGCAACAAGGCaAGCTGTTAGTCAAGCAGCAGCTAATGAACAGGTA  
 TCACcAGCTcCTGTGAAGTCGATTACTTCAGAAGTTCCAGCAGCTAAAGA  
 GGAAGTTAAACCAaCTCAGAGCTCAGTCAGTCAGTCAACAACAGTATCAC  
 CAgCTTCTGTTGCGCTGAAAACACCAGCTCCAGTAGCTAAaGTAGCACCG  
 GTAAGAATCTGACAGCCCTAGAGTGGCAAGTGTAAAGTAGTCACTCC  
 TAAAGTAGAACTGGTGATCACCAGAGCATGTATCAGCTCCAGCAGTTC  
 CTGTGACTACGACTTCAACAGCTACAGACAGTAAGTTACAAGCGACTGAA  
 GTTAAGAGCGTTCCGGTAGCACAAAAGCTCCAACAGCAACAACCGGTAGC  
 ACAACAGCTTCAACAACAATGCAGTAGCTGCACATCTGAAAATGCAA  
 GGCTCCAACCTCATGTTGAGCTTATAAAGAAAAGTAGCGTCAACTTAT  
 GGAGTTAATGAATTcAGTACATACCGTGGGAGATCCAGGTGATCATGG  
 TAAAGGTTTAGCAGTTGACTTTATTGTAGGTAaaaaCCAAGCACTTGGTA  
 ATGAAGTTGCACAGTACTCTACAAAATATGGCAGCaAATAACATTTCa  
 TATGTTATCTGGCAACAAAAGTTTACTCAAAATaCAAATAGTATTTATGG  
 ACcTGCTAATACTTGAAGTCAATGCCAGATCGTGGTGGCGTTACTGCCA  
 ACCaCTATGACCAAGTTCACGTATCATTTAACAATAATATAAAAAAGGA  
 AGCTaTTTGGCTTCTTTTTATATGCTTGAATAGACTTTCAGGTTCTT  
 ATATAATTTTTATTA

SEQ ID NO. 6904

STRAIN H36B

Table 69: Comparative Sequences relating to SAG0032

CTGATTGGTAAAGCAAGACAATAAATCATCATATACGTGAAATA  
 TGGTGATACaCTAAGCGTTATTTAGAGCAATGTcaATTGATATGAATG  
 TCTTAGCAAAAATTAATAACATTGCAGATATCAATCTTATTTATCCTGAG  
 ACAACaCTGaCAGTaCTTACGATCAGAAGAGTCATCTGCTACTTCAAT  
 GAAAAATAGAAACACCAGCAACAAATGCTGCTGGTCAACCAACAGCTACTG  
 TCGATTGAAAAACCAATCAAGTTTCTGTTGCAGACCAAAAAGTTTCTCTC  
 AATACAATTTCCGAAGGTATGACACCAGAGCAGCAACAAAGATTGTTTC  
 GCCAATGAAGACATATTCTTCTGCGCCAGCTTGAAATCAAAAGAAGTAT  
 TAGCACAAGGGCAAGCTGTTAGTCAAGCAGCAGCTAATGAACAGGTATCA  
 CCAGCTCCTGTGAAGTCGATTACTTCAGAAAGTTCCAGCAGCTAAAGAGGA  
 AGTTAAACCAACTCAGACGTCAGTCAGTCAGTCAACCAACAGTATCACCG  
 CTTCTGTTGCGCTGAAACACCAGCTCCAGTAGCTAAAGTAGCACCGGTA  
 AGAAGTGTAGCAGCCCCTAGAGTGGCAAGTGTAAAGTAGTCACTCCTAA  
 AGTAGAAACTGGTGCATCACCGAGCATGTATCAGCTCCAGCAGTTCTCTG  
 TGACTACGACTTCAACAGCTACAGACAGTAAGTTACAAGCGACTGAAGTT  
 AAGAGCGTTCCGGTAGCACAAAAAGCTCCAACGCAACACCGGTAGCACA  
 ACCAGCTTCAACCAACAAATGCAGTAGCTGCACATCCTGAAAAATGCAGGC  
 TCCAACCTCATGTTGCAGCTTATAAGAAAAAGTAGCGTCAACTTATGGA  
 GTTAATGAATTCAGTACATACCGTGGGGAGATCCAGGTGATCATGGTAA  
 AGGTTTAGCAGTTGACTTATTTAGTAAAGTAAACCAAGCACTGGTAAAG  
 AAGTTGCAGTACTCTACACAAAATaTGGCAGCAATAACATTTTATAT  
 GTTATCTGGCaaCAAAAAGTTTACTCAAAATACAAATAGTATTTATGGACC  
 TGCTAATACTTGAAGTGAATGCCAGATCGTGGTGGCGTTACTGCCAACC  
 ACTATGACCAAGTTTACGTTATCATTTAAACAAATAATAAAAAAGGAAGC  
 TATTTGGCTTCTTTTATATGCCTTGCATAGACTTCAAGGTTCTTATA  
 TAATTTTATTA

SEQ ID NO. 6905

STRAIN 18RS21

CTGATTGGTAAAGCAAGACAAT  
 AAATCATCATATACGTGAAATATGGTGATACaCTAAGcGTTATTTAGAA  
 AGCAATGTCAATTGATATGAATGTCTTAGCAAAAaTAAATAACATTGCAG  
 ATATCAATCTTATTTATCCTGAGACAACTGaCAGTAACTTACGATCAG  
 AAGAGTCATCTGCCaCTTCAATGAAATAGAAACACCAGCAaCAAAATGC  
 TGCTGGTCAaACaCAGCTACTGTGGATTGAAACCAATCaaGTTTCTG  
 TTGCAGACCAAAAAGTTTCTCTCAATCAAAATTCGGAAGGTATGACACCA  
 GAAGCAGCAACAAACGATTGTTTCCGCAATGAAGCaTATTCTTCTGCGCC  
 AGCTTTGAAaTCAAAAGAAGTATTAGCACAAGAGCAAGCTGTTAGTCAAG  
 CAGCAGCTAATGAACAGGTATCACCGCTCCTGTGAAGTCGATTACTTCA  
 GAAAGTTCCAGCAGCTAAAGAGGAAGTTAAACCAACTCAGACGTCAGTCAG  
 TCAGTCAACAAACAGTATCACCGCTTCTGTTGCGCTGAAACACCAGCTC  
 CAGTAGCTAAAGTAGCACCGGTAAGAACTGTAGCAGCCCTAGAGTGGCA  
 AGTGTAAAGTAGTCACTCCTAAAGTAGAACTGGTGCATCACCGAGCA  
 TGATCAGCTCCAGCAGTCTCTGTGACTACGACTTCAACAGCTACAGACA  
 GTAAAGTTCAAGCGACTGAAGTTAAGAGCGTTCCGGTAGCACAAAAAGCT  
 CCAACAGCAACACCGGTAGCACAAACAGCTTCAACAACAATGCAGTAGC  
 TGCACATCCTGAAATGCAGGGCTCCAACCTCATGTTGCAGCTTATAAAG  
 AAAAAAGTAGCGTCAACTTATGGAGTTAATGAATTAGTACATACCGTGGC  
 GGAGATCCAGGTGATCATGGTAAAGGTTAGCAGTTGACTTTATTTAGTGG  
 TACTAATCAAGCACTTGGTAAATGAAGTTGCACAGTACTCTACACAAATA  
 TGGCAGCAAAATAACATTTTATATGTTATCTGGCAACAAAAGTTTACTCA  
 AATACAAACAGTATTTATGGACCTGCTAATACTTGAATGCAATGCCAGA  
 TCGTGGTGGCGTTACTGCCAACCACTATGACCAAGCTTCAAGTATCATTTA  
 ACAAAATATATAAAAAAGGAAGCTATTGGCTTCTTTTATATGCCTTG  
 AATAGACTTCAAGGTTCTTATATAATTTTATTA

SEQ ID NO. 6906

STRAIN COH1

CTGATTT

GGTAAAGCAAGACAATAAATCATCATATACGTGAAATATGGTGATACAC  
 TAAGCGTTATTTAGAGCAATGTCAATTGATATGAATGTCTTAGCAAAA  
 ATTAATAACATTGCAGATATCAATCTTATTTATCCTGAGACAACTGAC  
 AGTAACTTACGATCAGAAGAGTCATCTGCCACTTCAATGAAATAGAAA  
 CACCAGCAACAAATGCTGCTGGTCAACCAACAGcTACTGTGATTTGAAA  
 ACCAATCAAGTTTGTGTCAGACCAAAAAGTTCTCTCAATACAATTTT  
 GGAAGGTATGACACCAGaaCAGCAACAAACGATTGTTTCCGCAATGAAGA  
 CaTATTCTTCTGCGCCAGCTTTGAAATCAAAAGAAGTATTAGCACAAGAG  
 CAAGCTGTTAGTCAAGTAGCAGCTAATGAACAGGTATCACCGCTCCTGT  
 GAAGTGGATTACTTCAAGAGTTCCAGCAGCTAAAGAGGAAGTTAAACCA  
 CTCAGACGTCAGTCAGTCAAGTAAACCAAGTATCACCGCTTCTGTTGCC  
 GCTGAAACACCAGCTCCAGTAGCTAAAGTAGCACCGGTAAGAACTGTAGC  
 AGCCCTTAGAGTGGCAAGTGCTAAAGTAGTCACTCCTAAAGTAGAACTG  
 GTGCATCACCGAGCATGTATCAGCTCCAGCAGTCTCTGTGACTACGACT  
 TCACCGCTACAGACAGTAAGTTAAGCGACTGAAGTTAAGAGCGTTCC  
 GGTAGCACA AAAAGCTCCAACAGCAACACCGGTAGCACAACAGCTTCAA  
 CAACAAATGCAGTAGCTGCACATCTGAAATGCAGGGCTCCAACCTCAT  
 GTTGCAGCTTATAAAGAAAAAGTAGCGTCAACTTATGGAGTTAATGAAT  
 CAGTACATACCGTGGGGAGATCCAGGTGATCATGGTAAAGGTTTAGCAG  
 TTGACTTATTTAGTAAAGTAAACCAAGCACTTGGTAAAGTGAAGTTGCACAG  
 TaCTCTACACAAATATGGCAGCAATAACATTTATATGTTATCTGGCA  
 ACAAAGTTTATTCAAATACAAATAGTATTTATGGACCTGCTAATACTT  
 GGAATGCAATGCCAGATCGTGGTGGCGTTACTGCCAACCACTATGACCA  
 GTTCAAGTATCATTTAAACAAATAATAAAAAAGGAAGCTATTGGCTTC

Table 69: Comparative Sequences relating to SAG0032

TTTTTTATATGCCTTGAATAGACTTTCAAGGTTCTTATATAATTTTTATT  
A

SEQ ID NO. 6907

STRAIN M732

CTGATTGGTAAAGCAAGACAATAAATCATCATATACTGTGAAATATGGT  
GATACAnTAAGCGTTATTTCAAGCAATGTCAATTGATATGAATGTCTT  
AGCAAAAATTAATAACATTGCAGATATCAATCTTATTTATCCTGAGACAA  
CACTGACAGTAACCTTACGATCAGAAGAGTCATCTGCCACTTCAATGAAA  
ATAGAAACACCAGCAACAAATGCTGCTGGTCAAAACACAGCTACTGTcGA  
TTTGAAAACCAATCAAGTTTGTGTCAGACCAAAAAGTTTCTCTCAATA  
CAATTTCCGAAGGTATGACACCAGAAGCAGCAACACGATTGTTTCGCCA  
ATGAAGACATATTTCTGCGCCAGCTTTGAAATCAAAAGAAGTATTAGC  
ACAAGAGCAAGCTGTTAGTCAAGTAGCAGCTAATGAACAGGTATCACCAG  
CTCCTGTGAAGTCGATTACTTCAGAAGTTCCAGCAGCTAAAGAGGAAGTT  
AAACCAACTCAGACGTCAAGTCAGTCAGTTAACAACAGTATCACCAGCTTC  
TGTGCGCGCTGAAACACCAGCTCCAGTAGCTAAAGTAGCACCGGTAAAGAA  
CTGTAGCAGCCCCTAGAGTGGCAAGTGCTAAAGTAGTCACTCTAAAGTA  
GAAACTGGTGATCACCAGAGCATGTATCAGCTCCAGCAGTTCTCTGTGAC  
TAGCACTTCACCAGCTACAGACAGTAAGTTACAAGCGACTGAAGTTAAGA  
GCGTTCCGGTAGCACAAAAGCTCCAACAGCAaCACCGGTAGCACAAACCA  
GCTTCAACAACAAATGCAGTAGCTGCACATCTGAAAATGCAGGGCTCCA  
ACCTCATGTTGCAGCTTATAAAGAAAAAGTAGCGTCAACTTATGGAGTTA  
ATGAATTCAGTACATACCGTGGCGGAGATCCAGGTGATCATGGTAAAGGT  
TTAGCAGTTGACTTTAttgtaggtaaaacacAAGCACTTGGTAATGAAGT  
TGCACAGTACTcTACACAAAATATGGCAGCAAAATAACATTTTCATATGTTA  
TCTGGCAACAAAAGTTTATTCAAATACAAATAGTATTATGGACCTGCT  
AATACTTGGAAATGCAATGCCAGATCGTGGTGGCGTTACTGCCAACCACTA  
TGACCACGTTCAAGTATCATTTAACAATAATATAAAAAAGGAAGCTATT  
TGGCTTCTTTTTTATATGCCTTGAATAGACTTTCAAGGTTCTTATATAAT  
TTTTATTA

SEQ ID NO. 6908

STRAIN M781

CTGATTGGTAAAGCAAGACAATAAATCATCATATACTGTGAAATATGGT  
GATACACTAAGCGTTATTTCAAGCAATGTCAATTGATATGAATGTCTT  
AGCAAAAATTAATAACATTGCAGATATCAATCTTATTTATCCTGAGACAA  
CACTGACAGTAACCTTACGATCAGAAGAGTCATCTGCCACTTCAATGAAA  
ATAGAAACACCAGCAACAAATGCTGCTGGTCAAAACACAGCTACTGTGGA  
TTTGAAAACCAATCAAGTTTGTGTCAGACCAAAAAGTTTCTCTCAATA  
CAATTTCCGAAGGTATGACACCAGAAGCAGCAACACGATTGTTTCGCCA  
ATGAAGACATATTTCTTCTGCGCCAGCTTTGAAATCAAAAGAAGTATTAGC  
ACAAGAGCAAGCTGTTAGTCAAGTAGCAGCTAATGAACAGGTATCACCAG  
CTCCTGTGAAGTCGATTACTTCAGAAGTTCCAGCAGCTAAAGAGGAAGTT  
AAACCAACTCAGACGTCAAGTCAGTCAGTTAACAACAGTATCACCAGCTTC  
TGTGCGCGCTGAAACACCAGCTCCAGTAGCTAAAGTAGCACCGGTAAAGAA  
CTGTAGCAGCCCCTAGAGTGGCAAGTGCTAAAGTAGTCACTCTTAAAGTA  
GAAACTGGTGATCACCAGAGCATGTATCAGCTCCAGCAGTTCTCTGTGAC  
TAGCACTTCACCAGCTACAGACAGTaaGTTACAAGCGACTGAAGTTAAGA  
GCGTTCCGGTAGCACAAAAGCTCCAACAGCAACACCGGTAGCACAAACCA  
GCTTCAACAACAAATGCAGTAGCTGCACATCTGAAAATGCAGGGCTCCA  
ACCTCATGTTGCAGCTTATAAAGAAAAAGTAGCGTCAACTTATGGAGTTA  
ATGAATTCAGTACATACCGTGGCGGAGATCCAGGTGATCATGGTAAAGGT  
TTAGCAGTTGACTTTATTGTAGGTAAAAACCAAGCACTTGGTAATGAAGT  
TGCAAGTACTCTACACAAAATATGGCAGCAAAATAACATTTTCATATGTTA  
TCTGGCAACAAAAGTTTATTCAAATACAAATAGTATTATGGACCTGCT  
AATACTTGGAAATGCAATGCCAGATCGTGGTGGCGTTACTGCCAACCACTA  
TGACCACGTTCAAGTATCATTTAACAATAATATAAAAAAGGAAGCTATT  
TGGCTTCTTTTTTATATGCCTTGAATAGACTTTCAAGGTTCTTATATAAT  
TTTTATTA

SEQ ID NO. 6909

STRAIN CJB110

CTGATTGGTAAAGCAAGACAATAAATCATCATATACTGTGAAA  
TATGGTGATACACTAAGCGTTATTTCAAGCAATGTCAATTGATATGAA  
TGTCTTAGCAAAAATTAATAACATTGCAGATATCAATCTTATTTATCCTG  
AGACAACACTGACAGTAACCTTACGATCAGAAGAGTCATCTGCCACTTCA  
ATGAAAATAGAAAACACCAGCAACAAATGCTGCTGGTCAAAACACAGCTAC  
TGTGGATTGAAAACCAATCAAGTTTCTGTTGCAGACCAAAAAGTTTCTC  
TCAATACAAATTCGGGAAGGTATGACACCAGAAGCAGCAACACGATTGTT  
TCGCCAATGAAGACATATTTCTGCGCCAGCTTTGAAATCAAAAGAAGT  
ATTAGCACAGAGCAAGCTGTTAGTCAAGCAGCAGCTAATGAACAGGTAT  
CAACAGCTCCTGTGAAGTCGATTACTTCAGAAGTTCCAGCAGCTAAAGAG  
GAAGTTAAACCAACTCAGACGTCAAGTCAGTCAGTCAACAACAGTATCACC  
AGCTTCTGTTGCGCGTGAACACCAGCTCCAGTAGCTAAAGTAGCACCGG  
TAAGAACTGTAGCAGCCCCTAGAGTGGCAAGTGTAAAGTAGTCACTCCT  
AAAGTAGAACTGGTGATCACCAGAGCATGTATCAGCTCCAGCAGTTCC  
TGTGACTACGACTTCAACAGcTACAGACAGTaAGTTaCAAGCGACTGAAG  
TTAAGAGCGTTCCGGTAGCACAAAAGCTCCAACAGCAACACCGGTAGCA  
CAACCAGCTTCAACAACAAATGCAGTAGCTGCACATCTGAAAATGCAGG  
GCTCCAACCTCATGTTGCAGCTTATAAAGAAAAAGTAGCGTCAACTTATG  
GAGTTAATGAATTCAGTACATaCCGTGAGGTGATCCAGGTGATCATGGT  
AAAGGTTTAGCAGTcGACTTTATTGTAGTgTAAAAACCAAGCACTTGGTAA

Table 69: Comparative Sequences relating to SAG0032

TGAAGTTGCACAGTACTCTACACAAAATATGGCAGCAAATAACATTTTCAT  
ATGTTATCTGGCAACAAAAGTTTTACTCAAATACAAATAGTATTATGGA  
CCTGCTAATACTTGGAAATGCAATGCCAGATCGTGGTGGCGTTACTGCCAA  
CCATTATGACCATGTTACGTATCATTTAACAAATATATAAAAAGGAA  
GCTATTTGGCTTCTTTTTATATGCCTTGAATAGACTTCAAGGTTCTTA  
TATAATTTTATTA

SEQ ID NO. 6910

STRAIN 1169NT

CTGATTTG

GTAAAGCAAGACAATAAATCATATATACTGTGAAATATGGTGATACACT  
AAGCGTTATTTTCAGAACCAATGTCAATTGATATGAATGTCTTAGCAAAAA  
TTAATAACATTGCAGATATCAATCTTATTATCTTGAGACAACACTGACA  
GTAACCTTACGATCAGAGAGTCATACTGCCACTTCAATGAAAATAGAAAC  
ACCAGCAACAAATGCTGCTGGTCAAACACAGCTACTGTGGATTGAAAA  
CCAATCAAGTTTCTGTGACAGCAAAAAAGTTTCTCTCAATACAATTTG  
GAAGGTATGACACCAGAAGCAGCAACACGATTTGTTTGGCCAATGAAGAC  
ATATTCTTCTGCGCCAGCTTTGAAATCAAAGAGAGTATTAGCACAAGAGC  
AAGCTGTTAGTCAAGCAGCAGCTAATGAACAGGTATCACCAGCTCCTGTG  
AAGTCGATTACTTCAGAGTTCCAGCAGCTAAAGAGGAAGTTAGACCAAC  
TCAGAGCTCAGTCAGTCAGTCAACACAGTATCACCAGCTTCTGTGTCGG  
CTGAAACACCAGCTCCAGTAGCTAAAGTAGCACCGGTAAGAACTGTAGCA  
GCCCCAGCCCTAGAGTGGCAAGTGCTAAAGTAGTCACTCTTAAAGTAGA  
AACTGGTGATCACCAGAGCATGTACCAGCTCCAGCAGTTCTGTGACTA  
CGACTTCAACAGCTACAGACAaTaAGTTACAAGCGACTGAAGTTAAAGAGC  
GTCTCGGTTGCAAAAAAGCTCCACAGCAACACCGGTAGCACAACCCAGC  
TTCAACCAACAAATGCAGTAGCTGCACATCTGAAAATGCAGGACTCCAAC  
CTCATGTTGCAGCTTATAAGAAAAAGTAGCGTCAACTTATGGAGTTAAT  
GAATTCAGTACATACCGTGGGAGATCCAGGTGATCATGGTAAAGGTTT  
AGCAGTTGACTTTATTGTAGTAAACCAAGCACTTGGTAATGAAGTTG  
CAGCAGTACTCTACACAAATATGGCAGCAAATAACATTTTCATATGTTATC  
TGGCAACAAAAGTTTACTCAAATACAAATAGTATTTATGGACCTGCTAA  
TACTTGGAAATGCAATGCCAGATCGTGGTGGCGTTACTGCCAACCATATG  
ACCACGTTACGATATCATTTAACAAATATATAAAAAGGAAGCTATTTG  
GCTCTTTTTATATGCCTTGAATAGACTTCAAGGTCTTATATAATTT  
TTATTA

SEQ ID NO. 6911

STRAIN JM9130013

CTGATTTGGTAAAGCAAGACAATAAATCATATATACT

GTGAAATATGGTGATACACTAAGCGTTATTTTCAGAAAGCAATGTCAATTGA  
TATGAATGTCTTAGCAAAAAATAAATCAATTCAGATATCAATCTTATTT  
ATCTGAGACAACACTGCAGTAACCTTACGATCAGAAGAGTCATCTGCC  
ACTTCAATGAAAATAGAAACACCAGCAACAAATGCTGCTGGTCAAACAA  
AGCTACTGTGGATTGAAAACCAATCAAGTTTCTGTTGCAGACCAAAAAG  
TTTCTCTCAATACAATTTGGAAGGTATGACACCAGAAGCAGCAACACG  
ATTGTTTGGCAATGAAGACATATTTCTGCGCCAGCTTTGAAATCAAA  
AGAAATATTAGCACAAGAGCAAGCTGTTAGTCAAGCAGCAGCTAATGAAC  
AGGTATCACCAGCTCCTGTGAAGTTCGATTACTTCAGAAGTTCCAGCAGCT  
AAAGAGGAAGTTAAACCAACTCAGACGTCAGTCAGTCAGTCAACACAGT  
ATCACCAGCTTCTGTTGCGGCTGAAACACCAGCTCCAGTAGCTAAAGTAG  
CACCGGTAAAGACTGTAGCAGCCCTAGAGTGGCAAGTGTAAAGTAGTC  
ACTCTAAAGTAGAACTGGTGATCACCAGAGCATGTATCAGCTCCAGC  
AGTTCTGTGACTACGACTTCACCAGCTACAGACAGTAAGTTACAAGCGA  
CTGAAGTTAAGAGCGTTCCGGTAGCACAAAAGCTCCAACAGCAACACCG  
GTAGCAACACCAGCTTCAACCAAAATGCAGTAGCTGCACATCTGAAAA  
TGCAGGGCTCCAACCTCATGTTGCAGCTTATAAGAAAAAGTAGCGTCAA  
CTTATGGAGTTAATGAATTCAGTACATACCGTGGGAGATCCAGGTGAT  
CATGGTAAAGGTTTAGCAGTTGACTTTATTGTAGGTACTAATCAAGCACT  
TGGTAATAAGTTGCACAGTACTCTACACAAATATGGCAGCAAATAACA  
TTTATATGTTATCTGGCAACAAAAGTTTACTCAAATACAAACAGTATT  
TATGGACCTGCTAATACTTGAATGCAATGCCAGATCGTGGTGGCGTTAC  
TGCCAACCACTATGACCAAGTTTACGTATCATTTAACAAATATATAAAA  
AAGGAAGCTATTTGGCTTCTTTTTATATGCCTTGAATAGACTTCAAGG  
TTCTATATAATTTTATTA

PRETTY of: /biotmp/msa167919.2(\*) March 11, 2003 08:55 ..

	1					50
msa167919.2{322_COH1}	-----	-----	-----	-----	-----	-----
msa167919.2{322_M781}	-----	-----	-----	-----	-----	-----
msa167919.2{322_M732}	-----	-----	-----	-----	-----	-----
msa167919.2{322_18RS21}	-----	-----	-----	-----	-----	-----
msa167919.2{322_2603}	atgaataaaa	aggctactatt	gacatcgaca	atggcagctt	cgctattatc	
msa167919.2{322_JM9130013}	-----	-----	-----	-----	-----	-----
msa167919.2{322_090}	-----	-----	-----	-----	-----	-----
msa167919.2{322_CJB110}	-----	-----	-----	-----	-----	-----
msa167919.2{322_A909}	-----	-----	-----	-----	-----	-----
msa167919.2{322_H36B}	-----	-----	-----	-----	-----	-----
msa167919.2{322_1169NT}	-----	-----	-----	-----	-----	-----
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****	*****

51

100

Table 69: Comparative Sequences relating to SAG0032

msa167919.2{322_COH1}	-----	-----	-----	-----	-----
msa167919.2{322_M781}	-----	-----	-----	-----	-----
msa167919.2{322_M732}	-----	-----	-----	-----	-----
msa167919.2{322_18RS21}	-----	-----	-----	-----	-----
msa167919.2{322_2603}	agtcgcaagt	gttcaagcac	aagaaacaga	tacgacgtgg	acagcacgta
msa167919.2{322_JM9130013}	-----	-----	-----	-----	-----
msa167919.2{322_090}	-----	-----	-----	-----	-----
msa167919.2{322_CJB110}	-----	-----	-----	-----	-----
msa167919.2{322_A909}	-----	-----	-----	-----	-----
msa167919.2{322_H36B}	-----	-----	-----	-----	-----
msa167919.2{322_1169NT}	-----	-----	-----	-----	-----
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
101					
msa167919.2{322_COH1}	-----	-----ct	gatttggttaa	agcaagacaa	taaatacatca
msa167919.2{322_M781}	-----	-----ct	gatttggttaa	agcaagacaa	taaatacatca
msa167919.2{322_M732}	-----	-----ct	gatttggttaa	agcaagacaa	taaatacatca
msa167919.2{322_18RS21}	-----	-----ct	gatttggttaa	agcaagacaa	taaatacatca
msa167919.2{322_2603}	ctggttcaga	ggtaaaagct	gatttggttaa	agcaagacaa	taaatacatca
msa167919.2{322_JM9130013}	-----	-----ct	gatttggttaa	agcaagacaa	taaatacatca
msa167919.2{322_090}	-----	-----	-----	-----	-----
msa167919.2{322_CJB110}	-----	-----ct	gatttggttaa	agcaagacaa	taaatacatca
msa167919.2{322_A909}	-----	-----ct	gatttggttaa	agcaagacaa	taaatacatca
msa167919.2{322_H36B}	-----	-----ct	gatttggttaa	agcaagacaa	taaatacatca
msa167919.2{322_1169NT}	-----	-----ct	gatttggttaa	agcaagacaa	taaatacatca
Consensus	*****	*****	-----	-----	-----
151					
msa167919.2{322_COH1}	tatactgtga	aatatgggtga	tacactaagc	gttatttcag	aagcaatgtc
msa167919.2{322_M781}	tatactgtga	aatatgggtga	tacactaagc	gttatttcag	aagcaatgtc
msa167919.2{322_M732}	tatactgtga	aatatgggtga	tacantaagc	gttatttcag	aagcaatgtc
msa167919.2{322_18RS21}	tatactgtga	aatatgggtga	tacactaagc	gttatttcag	aagcaatgtc
msa167919.2{322_2603}	tatactgtga	aatatgggtga	tacactaagc	gttatttcag	aagcaatgtc
msa167919.2{322_JM9130013}	tatactgtga	aatatgggtga	tacactaagc	gttatttcag	aagcaatgtc
msa167919.2{322_090}	-----	-----	-----	-----	-----
msa167919.2{322_CJB110}	tatactgtga	aatatgggtga	tacactaagc	gttatttcag	aagcaatgtc
msa167919.2{322_A909}	tatactgtga	aatatgggtga	tacactaagc	gttatttcag	aagcaatgtc
msa167919.2{322_H36B}	tatactgtga	aatatgggtga	tacactaagc	gttatttcag	aagcaatgtc
msa167919.2{322_1169NT}	tatactgtga	aatatgggtga	tacactaagc	gttatttcag	aagcaatgtc
Consensus	-----	-----	-----	-----	-----
201					
msa167919.2{322_COH1}	aattgatatg	aatgtccttag	caaaaattaa	taacattgca	gatatcaatc
msa167919.2{322_M781}	aattgatatg	aatgtccttag	caaaaattaa	taacattgca	gatatcaatc
msa167919.2{322_M732}	aattgatatg	aatgtccttag	caaaaattaa	taacattgca	gatatcaatc
msa167919.2{322_18RS21}	aattgatatg	aatgtccttag	caaaaataaa	taacattgca	gatatcaatc
msa167919.2{322_2603}	aattgatatg	aatgtccttag	caaaaataaa	taacattgca	gatatcaatc
msa167919.2{322_JM9130013}	aattgatatg	aatgtccttag	caaaaataaa	taacattgca	gatatcaatc
msa167919.2{322_090}	-----	-----	-----	-----	-----
msa167919.2{322_CJB110}	aattgatatg	aatgtccttag	caaaaattaa	taacattgca	gatatcaatc
msa167919.2{322_A909}	aattgatatg	aatgtccttag	caaaaattaa	taacattgca	gatatcaatc
msa167919.2{322_H36B}	aattgatatg	aatgtccttag	caaaaattaa	taacattgca	gatatcaatc
msa167919.2{322_1169NT}	aattgatatg	aatgtccttag	caaaaattaa	taacattgca	gatatcaatc
Consensus	-----	-----	-----	-----	-----
251					
msa167919.2{322_COH1}	ttatttatcc	TGAGACAACA	CTGACAGTAA	CTTACGATCA	GAAGAGTCAT
msa167919.2{322_M781}	ttatttatcc	TGAGACAACA	CTGACAGTAA	CTTACGATCA	GAAGAGTCAT
msa167919.2{322_M732}	ttatttatcc	TGAGACAACA	CTGACAGTAA	CTTACGATCA	GAAGAGTCAT
msa167919.2{322_18RS21}	ttatttatcc	TGAGACAACA	CTGACAGTAA	CTTACGATCA	GAAGAGTCAT
msa167919.2{322_2603}	ttatttatcc	TGAGACAACA	CTGACAGTAA	CTTACGATCA	GAAGAGTCAT
msa167919.2{322_JM9130013}	ttatttatcc	TGAGACAACA	CTGACAGTAA	CTTACGATCA	GAAGAGTCAT
msa167919.2{322_090}	-----	-----	-----	-----	-----
msa167919.2{322_CJB110}	ttatttatcc	TGAGACAACA	CTGACAGTAA	CTTACGATCA	GAAGAGTCAT
msa167919.2{322_A909}	ttatttatcc	TGAGACAACA	CTGACAGTAA	CTTACGATCA	GAAGAGTCAT
msa167919.2{322_H36B}	ttatttatcc	TGAGACAACA	CTGACAGTAA	CTTACGATCA	GAAGAGTCAT
msa167919.2{322_1169NT}	ttatttatcc	TGAGACAACA	CTGACAGTAA	CTTACGATCA	GAAGAGTCAT
Consensus	-----	*****	*****	*****	*****
301					
msa167919.2{322_COH1}	ACTGCcACTT	CAATGAAAAT	AGAAACACCA	GCAACAAATG	CTGCTGGTCA
msa167919.2{322_M781}	ACTGCcACTT	CAATGAAAAT	AGAAACACCA	GCAACAAATG	CTGCTGGTCA
msa167919.2{322_M732}	ACTGCcACTT	CAATGAAAAT	AGAAACACCA	GCAACAAATG	CTGCTGGTCA
msa167919.2{322_18RS21}	ACTGCcACTT	CAATGAAAAT	AGAAACACCA	GCAACAAATG	CTGCTGGTCA
msa167919.2{322_2603}	ACTGCcACTT	CAATGAAAAT	AGAAACACCA	GCAACAAATG	CTGCTGGTCA
msa167919.2{322_JM9130013}	ACTGCcACTT	CAATGAAAAT	AGAAACACCA	GCAACAAATG	CTGCTGGTCA
msa167919.2{322_090}	ACTGCcACTT	CAATGAAAAT	AGAAACACCA	GCAACAAATG	CTGCTGGTCA
msa167919.2{322_CJB110}	ACTGCcACTT	CAATGAAAAT	AGAAACACCA	GCAACAAATG	CTGCTGGTCA
msa167919.2{322_A909}	ACTGCcACTT	CAATGAAAAT	AGAAACACCA	GCAACAAATG	CTGCTGGTCA
msa167919.2{322_H36B}	ACTGCcACTT	CAATGAAAAT	AGAAACACCA	GCAACAAATG	CTGCTGGTCA
msa167919.2{322_1169NT}	ACTGCcACTT	CAATGAAAAT	AGAAACACCA	GCAACAAATG	CTGCTGGTCA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
350					
msa167919.2{322_COH1}	ACTGCcACTT	CAATGAAAAT	AGAAACACCA	GCAACAAATG	CTGCTGGTCA
msa167919.2{322_M781}	ACTGCcACTT	CAATGAAAAT	AGAAACACCA	GCAACAAATG	CTGCTGGTCA
msa167919.2{322_M732}	ACTGCcACTT	CAATGAAAAT	AGAAACACCA	GCAACAAATG	CTGCTGGTCA
msa167919.2{322_18RS21}	ACTGCcACTT	CAATGAAAAT	AGAAACACCA	GCAACAAATG	CTGCTGGTCA
msa167919.2{322_2603}	ACTGCcACTT	CAATGAAAAT	AGAAACACCA	GCAACAAATG	CTGCTGGTCA
msa167919.2{322_JM9130013}	ACTGCcACTT	CAATGAAAAT	AGAAACACCA	GCAACAAATG	CTGCTGGTCA
msa167919.2{322_090}	ACTGCcACTT	CAATGAAAAT	AGAAACACCA	GCAACAAATG	CTGCTGGTCA
msa167919.2{322_CJB110}	ACTGCcACTT	CAATGAAAAT	AGAAACACCA	GCAACAAATG	CTGCTGGTCA
msa167919.2{322_A909}	ACTGCcACTT	CAATGAAAAT	AGAAACACCA	GCAACAAATG	CTGCTGGTCA
msa167919.2{322_H36B}	ACTGCcACTT	CAATGAAAAT	AGAAACACCA	GCAACAAATG	CTGCTGGTCA
msa167919.2{322_1169NT}	ACTGCcACTT	CAATGAAAAT	AGAAACACCA	GCAACAAATG	CTGCTGGTCA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****

Table 69: Comparative Sequences relating to SAG0032

		351			400
msa167919.2{322_COH1}	AACaACAGCT	ACTGTcGATT	TGAAAACCAA	TCAAGTTTtT	GTTGCAGACC
msa167919.2{322_M781}	AACaACAGCT	ACTGTcGATT	TGAAAACCAA	TCAAGTTTtT	GTTGCAGACC
msa167919.2{322_M732}	AACaACAGCT	ACTGTcGATT	TGAAAACCAA	TCAAGTTTtT	GTTGCAGACC
msa167919.2{322_18RS21}	AACaACAGCT	ACTGTgGATT	TGAAAACCAA	TCAAGTTTtT	GTTGCAGACC
msa167919.2{322_2603}	AACaACAGCT	ACTGTgGATT	TGAAAACCAA	TCAAGTTTtT	GTTGCAGACC
msa167919.2{322_JM9130013}	AACaACAGCT	ACTGTgGATT	TGAAAACCAA	TCAAGTTTtT	GTTGCAGACC
msa167919.2{322_090}	AACaACAGCT	ACTGTgGATT	TGAAAACCAA	TCAAGTTTtT	GTTGCAGACC
msa167919.2{322_CJB110}	AACaACAGCT	ACTGTgGATT	TGAAAACCAA	TCAAGTTTtT	GTTGCAGACC
msa167919.2{322_A909}	AACaACAGCT	ACTGTcGATT	TGAAAACCAA	TCAAGTTTtT	GTTGCAGACC
msa167919.2{322_H36B}	AACaACAGCT	ACTGTcGATT	TGAAAACCAA	TCAAGTTTtT	GTTGCAGACC
msa167919.2{322_1169NT}	AACaACAGCT	ACTGTgGATT	TGAAAACCAA	TCAAGTTTtT	GTTGCAGACC
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
		401			450
msa167919.2{322_COH1}	AAAAAGTTTC	TCtCAATACA	ATTTCGGAAG	GTATGACACC	AGAAGCAGCA
msa167919.2{322_M781}	AAAAAGTTTC	TCtCAATACA	ATTTCGGAAG	GTATGACACC	AGAAGCAGCA
msa167919.2{322_M732}	AAAAAGTTTC	TCtCAATACA	ATTTCGGAAG	GTATGACACC	AGAAGCAGCA
msa167919.2{322_18RS21}	AAAAAGTTTC	TCtCAATACA	ATTTCGGAAG	GTATGACACC	AGAAGCAGCA
msa167919.2{322_2603}	AAAAAGTTTC	TCtCAATACA	ATTTCGGAAG	GTATGACACC	AGAAGCAGCA
msa167919.2{322_JM9130013}	AAAAAGTTTC	TCtCAATACA	ATTTCGGAAG	GTATGACACC	AGAAGCAGCA
msa167919.2{322_090}	AAAAAGTTTC	TCtCAATACA	ATTTCGGAAG	GTATGACACC	AGAAGCAGCA
msa167919.2{322_CJB110}	AAAAAGTTTC	TCtCAATACA	ATTTCGGAAG	GTATGACACC	AGAAGCAGCA
msa167919.2{322_A909}	AAAAAGTTTC	TCtCAATACA	ATTTCGGAAG	GTATGACACC	AGAAGCAGCA
msa167919.2{322_H36B}	AAAAAGTTTC	TCtCAATACA	ATTTCGGAAG	GTATGACACC	AGAAGCAGCA
msa167919.2{322_1169NT}	AAAAAGTTTC	TCtCAATACA	ATTTCGGAAG	GTATGACACC	AGAAGCAGCA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
		451			500
msa167919.2{322_COH1}	ACAACGATTG	TTTCGCCAAT	GAAGACATAT	TCTTCTGCGC	CAGCTTTGAA
msa167919.2{322_M781}	ACAACGATTG	TTTCGCCAAT	GAAGACATAT	TCTTCTGCGC	CAGCTTTGAA
msa167919.2{322_M732}	ACAACGATTG	TTTCGCCAAT	GAAGACATAT	TCTTCTGCGC	CAGCTTTGAA
msa167919.2{322_18RS21}	ACAACGATTG	TTTCGCCAAT	GAAGACATAT	TCTTCTGCGC	CAGCTTTGAA
msa167919.2{322_2603}	ACAACGATTG	TTTCGCCAAT	GAAGACATAT	TCTTCTGCGC	CAGCTTTGAA
msa167919.2{322_JM9130013}	ACAACGATTG	TTTCGCCAAT	GAAGACATAT	TCTTCTGCGC	CAGCTTTGAA
msa167919.2{322_090}	ACAACGATTG	TTTCGCCAAT	GAAGACATAT	TCTTCTGCGC	CAGCTTTGAA
msa167919.2{322_CJB110}	ACAACGATTG	TTTCGCCAAT	GAAGACATAT	TCTTCTGCGC	CAGCTTTGAA
msa167919.2{322_A909}	ACAACGATTG	TTTCGCCAAT	GAAGACATAT	TCTTCTGCGC	CAGCTTTGAA
msa167919.2{322_H36B}	ACAACGATTG	TTTCGCCAAT	GAAGACATAT	TCTTCTGCGC	CAGCTTTGAA
msa167919.2{322_1169NT}	ACAACGATTG	TTTCGCCAAT	GAAGACATAT	TCTTCTGCGC	CAGCTTTGAA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
		501			550
msa167919.2{322_COH1}	ATCAAAAGAA	GTATTAGCAC	AAGaGCAAGC	TGTTAGTCAA	GtAGCAGCTA
msa167919.2{322_M781}	ATCAAAAGAA	GTATTAGCAC	AAGaGCAAGC	TGTTAGTCAA	GtAGCAGCTA
msa167919.2{322_M732}	ATCAAAAGAA	GTATTAGCAC	AAGaGCAAGC	TGTTAGTCAA	GtAGCAGCTA
msa167919.2{322_18RS21}	ATCAAAAGAA	GTATTAGCAC	AAGaGCAAGC	TGTTAGTCAA	GcAGCAGCTA
msa167919.2{322_2603}	ATCAAAAGAA	GTATTAGCAC	AAGaGCAAGC	TGTTAGTCAA	GcAGCAGCTA
msa167919.2{322_JM9130013}	ATCAAAAGAA	GTATTAGCAC	AAGaGCAAGC	TGTTAGTCAA	GcAGCAGCTA
msa167919.2{322_090}	ATCAAAAGAA	GTATTAGCAC	AAGaGCAAGC	TGTTAGTCAA	GcAGCAGCTA
msa167919.2{322_CJB110}	ATCAAAAGAA	GTATTAGCAC	AAGaGCAAGC	TGTTAGTCAA	GcAGCAGCTA
msa167919.2{322_A909}	ATCAAAAGAA	GTATTAGCAC	AAGgGCAAGC	TGTTAGTCAA	GcAGCAGCTA
msa167919.2{322_H36B}	ATCAAAAGAA	GTATTAGCAC	AAGgGCAAGC	TGTTAGTCAA	GcAGCAGCTA
msa167919.2{322_1169NT}	ATCAAAAGAA	GTATTAGCAC	AAGaGCAAGC	TGTTAGTCAA	GcAGCAGCTA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
		551			600
msa167919.2{322_COH1}	ATGAACAGGT	ATCacCAGCT	CCTGTGAAGT	CGATTACTTC	AGAAGTTCCA
msa167919.2{322_M781}	ATGAACAGGT	ATCacCAGCT	CCTGTGAAGT	CGATTACTTC	AGAAGTTCCA
msa167919.2{322_M732}	ATGAACAGGT	ATCacCAGCT	CCTGTGAAGT	CGATTACTTC	AGAAGTTCCA
msa167919.2{322_18RS21}	ATGAACAGGT	ATCacCAGCT	CCTGTGAAGT	CGATTACTTC	AGAAGTTCCA
msa167919.2{322_2603}	ATGAACAGGT	ATCacCAGCT	CCTGTGAAGT	CGATTACTTC	AGAAGTTCCA
msa167919.2{322_JM9130013}	ATGAACAGGT	ATCacCAGCT	CCTGTGAAGT	CGATTACTTC	AGAAGTTCCA
msa167919.2{322_090}	ATGAACAGGT	ATCacCAGCT	CCTGTGAAGT	CGATTACTTC	AGAAGTTCCA
msa167919.2{322_CJB110}	ATGAACAGGT	ATCacCAGCT	CCTGTGAAGT	CGATTACTTC	AGAAGTTCCA
msa167919.2{322_A909}	ATGAACAGGT	ATCacCAGCT	CCTGTGAAGT	CGATTACTTC	AGAAGTTCCA
msa167919.2{322_H36B}	ATGAACAGGT	ATCacCAGCT	CCTGTGAAGT	CGATTACTTC	AGAAGTTCCA
msa167919.2{322_1169NT}	ATGAACAGGT	ATCacCAGCT	CCTGTGAAGT	CGATTACTTC	AGAAGTTCCA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
		601			650
msa167919.2{322_COH1}	GCAGCTAAAG	AGGAAGTTAa	ACCAACTCAG	ACGTCAGTCA	GTCAGTcAAC
msa167919.2{322_M781}	GCAGCTAAAG	AGGAAGTTAa	ACCAACTCAG	ACGTCAGTCA	GTCAGTcAAC
msa167919.2{322_M732}	GCAGCTAAAG	AGGAAGTTAa	ACCAACTCAG	ACGTCAGTCA	GTCAGTcAAC
msa167919.2{322_18RS21}	GCAGCTAAAG	AGGAAGTTAa	ACCAACTCAG	ACGTCAGTCA	GTCAGTcAAC
msa167919.2{322_2603}	GCAGCTAAAG	AGGAAGTTAa	ACCAACTCAG	ACGTCAGTCA	GTCAGTcAAC
msa167919.2{322_JM9130013}	GCAGCTAAAG	AGGAAGTTAa	ACCAACTCAG	ACGTCAGTCA	GTCAGTcAAC
msa167919.2{322_090}	GCAGCTAAAG	AGGAAGTTAa	ACCAACTCAG	ACGTCAGTCA	GTCAGTcAAC
msa167919.2{322_CJB110}	GCAGCTAAAG	AGGAAGTTAa	ACCAACTCAG	ACGTCAGTCA	GTCAGTcAAC
msa167919.2{322_A909}	GCAGCTAAAG	AGGAAGTTAa	ACCAACTCAG	ACGTCAGTCA	GTCAGTcAAC
msa167919.2{322_H36B}	GCAGCTAAAG	AGGAAGTTAa	ACCAACTCAG	ACGTCAGTCA	GTCAGTcAAC
msa167919.2{322_1169NT}	GCAGCTAAAG	AGGAAGTTAa	ACCAACTCAG	ACGTCAGTCA	GTCAGTcAAC
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****

Table 69: Comparative Sequences relating to SAG0032

	651		700
msa167919.2{322_COH1}	AACAGTATCA	CCAGCTTCTG	TTGCCGCTGA AACACCAGCT CCAGTAGCTA
msa167919.2{322_M781}	AACAGTATCA	CCAGCTTCTG	TTGCCGCTGA AACACCAGCT CCAGTAGCTA
msa167919.2{322_M732}	AACAGTATCA	CCAGCTTCTG	TTGCCGCTGA AACACCAGCT CCAGTAGCTA
msa167919.2{322_18RS21}	AACAGTATCA	CCAGCTTCTG	TTGCCGCTGA AACACCAGCT CCAGTAGCTA
msa167919.2{322_2603}	AACAGTATCA	CCAGCTTCTG	TTGCCGCTGA AACACCAGCT CCAGTAGCTA
msa167919.2{322_JM9130013}	AACAGTATCA	CCAGCTTCTG	TTGCCGCTGA AACACCAGCT CCAGTAGCTA
msa167919.2{322_090}	AACAGTATCA	CCAGCTTCTG	TTGCCGCTGA AACACCAGCT CCAGTAGCTA
msa167919.2{322_CJB110}	AACAGTATCA	CCAGCTTCTG	TTGCCGCTGA AACACCAGCT CCAGTAGCTA
msa167919.2{322_A909}	AACAGTATCA	CCAGCTTCTG	TTGCCGCTGA AACACCAGCT CCAGTAGCTA
msa167919.2{322_H36B}	AACAGTATCA	CCAGCTTCTG	TTGCCGCTGA AACACCAGCT CCAGTAGCTA
msa167919.2{322_1169NT}	AACAGTATCA	CCAGCTTCTG	TTGCCGCTGA AACACCAGCT CCAGTAGCTA
Consensus	*****	*****	*****
	701		750
msa167919.2{322_COH1}	AAGTAGCACC	GGTAAGAACT	G TAG..... CAGCCCCTAG AGTGGCAAGT
msa167919.2{322_M781}	AAGTAGCACC	GGTAAGAACT	G TAG..... CAGCCCCTAG AGTGGCAAGT
msa167919.2{322_M732}	AAGTAGCACC	GGTAAGAACT	G TAG..... CAGCCCCTAG AGTGGCAAGT
msa167919.2{322_18RS21}	AAGTAGCACC	GGTAAGAACT	G TAG..... CAGCCCCTAG AGTGGCAAGT
msa167919.2{322_2603}	AAGTAGCACC	GGTAAGAACT	G TAG..... CAGCCCCTAG AGTGGCAAGT
msa167919.2{322_JM9130013}	AAGTAGCACC	GGTAAGAACT	G TAG..... CAGCCCCTAG AGTGGCAAGT
msa167919.2{322_090}	AAGTAGCACC	GGTAAGAACT	G TAG..... CAGCCCCTAG AGTGGCAAGT
msa167919.2{322_CJB110}	AAGTAGCACC	GGTAAGAACT	G TAG..... CAGCCCCTAG AGTGGCAAGT
msa167919.2{322_A909}	AAGTAGCACC	GGTAAGAACT	G TAG..... CAGCCCCTAG AGTGGCAAGT
msa167919.2{322_H36B}	AAGTAGCACC	GGTAAGAACT	G TAG..... CAGCCCCTAG AGTGGCAAGT
msa167919.2{322_1169NT}	AAGTAGCACC	GGTAAGAACT	G TAG..... CAGCCCCTAG AGTGGCAAGT
Consensus	*****	*****	*****
	751		800
msa167919.2{322_COH1}	GcTAAAGTAG	TCACCTCTAA	AGTAGAAACT GGTGCATCAC CAGAGCATGT
msa167919.2{322_M781}	GcTAAAGTAG	TCACCTCTAA	AGTAGAAACT GGTGCATCAC CAGAGCATGT
msa167919.2{322_M732}	GcTAAAGTAG	TCACCTCTAA	AGTAGAAACT GGTGCATCAC CAGAGCATGT
msa167919.2{322_18RS21}	GcTAAAGTAG	TCACCTCTAA	AGTAGAAACT GGTGCATCAC CAGAGCATGT
msa167919.2{322_2603}	GcTAAAGTAG	TCACCTCTAA	AGTAGAAACT GGTGCATCAC CAGAGCATGT
msa167919.2{322_JM9130013}	GcTAAAGTAG	TCACCTCTAA	AGTAGAAACT GGTGCATCAC CAGAGCATGT
msa167919.2{322_090}	GcTAAAGTAG	TCACCTCTAA	AGTAGAAACT GGTGCATCAC CAGAGCATGT
msa167919.2{322_CJB110}	GcTAAAGTAG	TCACCTCTAA	AGTAGAAACT GGTGCATCAC CAGAGCATGT
msa167919.2{322_A909}	GcTAAAGTAG	TCACCTCTAA	AGTAGAAACT GGTGCATCAC CAGAGCATGT
msa167919.2{322_H36B}	GcTAAAGTAG	TCACCTCTAA	AGTAGAAACT GGTGCATCAC CAGAGCATGT
msa167919.2{322_1169NT}	GcTAAAGTAG	TCACCTCTAA	AGTAGAAACT GGTGCATCAC CAGAGCATGT
Consensus	*..*****	*****	*****
	801		850
msa167919.2{322_COH1}	AtCAGCTCCA	GCAGTTCCTG	TGACTACGAC TTCAcCAGCT ACAGACagTA
msa167919.2{322_M781}	AtCAGCTCCA	GCAGTTCCTG	TGACTACGAC TTCAcCAGCT ACAGACagTA
msa167919.2{322_M732}	AtCAGCTCCA	GCAGTTCCTG	TGACTACGAC TTCAcCAGCT ACAGACagTA
msa167919.2{322_18RS21}	AtCAGCTCCA	GCAGTTCCTG	TGACTACGAC TTCAcCAGCT ACAGACagTA
msa167919.2{322_2603}	AtCAGCTCCA	GCAGTTCCTG	TGACTACGAC TTCAcCAGCT ACAGACagTA
msa167919.2{322_JM9130013}	AtCAGCTCCA	GCAGTTCCTG	TGACTACGAC TTCAcCAGCT ACAGACagTA
msa167919.2{322_090}	AtCAGCTCCA	GCAGTTCCTG	TGACTACGAC TTCAcCAGCT ACAGACagTA
msa167919.2{322_CJB110}	AtCAGCTCCA	GCAGTTCCTG	TGACTACGAC TTCAcCAGCT ACAGACagTA
msa167919.2{322_A909}	AtCAGCTCCA	GCAGTTCCTG	TGACTACGAC TTCAcCAGCT ACAGACagTA
msa167919.2{322_H36B}	AtCAGCTCCA	GCAGTTCCTG	TGACTACGAC TTCAcCAGCT ACAGACagTA
msa167919.2{322_1169NT}	AtCAGCTCCA	GCAGTTCCTG	TGACTACGAC TTCAcCAGCT ACAGACaTA
Consensus	*..*****	*****	*****
	851		900
msa167919.2{322_COH1}	AGTTACAAGC	GACTGAAGTT	AAGAGCGTTC CGGTaGCACA AAAAGCTCCA
msa167919.2{322_M781}	AGTTACAAGC	GACTGAAGTT	AAGAGCGTTC CGGTaGCACA AAAAGCTCCA
msa167919.2{322_M732}	AGTTACAAGC	GACTGAAGTT	AAGAGCGTTC CGGTaGCACA AAAAGCTCCA
msa167919.2{322_18RS21}	AGTTACAAGC	GACTGAAGTT	AAGAGCGTTC CGGTaGCACA AAAAGCTCCA
msa167919.2{322_2603}	AGTTACAAGC	GACTGAAGTT	AAGAGCGTTC CGGTaGCACA AAAAGCTCCA
msa167919.2{322_JM9130013}	AGTTACAAGC	GACTGAAGTT	AAGAGCGTTC CGGTaGCACA AAAAGCTCCA
msa167919.2{322_090}	AGTTACAAGC	GACTGAAGTT	AAGAGCGTTC CGGTaGCACA AAAAGCTCCA
msa167919.2{322_CJB110}	AGTTACAAGC	GACTGAAGTT	AAGAGCGTTC CGGTaGCACA AAAAGCTCCA
msa167919.2{322_A909}	AGTTACAAGC	GACTGAAGTT	AAGAGCGTTC CGGTaGCACA AAAAGCTCCA
msa167919.2{322_H36B}	AGTTACAAGC	GACTGAAGTT	AAGAGCGTTC CGGTaGCACA AAAAGCTCCA
msa167919.2{322_1169NT}	AGTTACAAGC	GACTGAAGTT	AAGAGCGTTC CGGTaGCACA AAAAGCTCCA
Consensus	*****	*****	*****
	901		950
msa167919.2{322_COH1}	ACAGCAACAC	CGGTAGCACA	ACCAGCTTCA ACAACAAATG CAGTAGCTGC
msa167919.2{322_M781}	ACAGCAACAC	CGGTAGCACA	ACCAGCTTCA ACAACAAATG CAGTAGCTGC
msa167919.2{322_M732}	ACAGCAACAC	CGGTAGCACA	ACCAGCTTCA ACAACAAATG CAGTAGCTGC
msa167919.2{322_18RS21}	ACAGCAACAC	CGGTAGCACA	ACCAGCTTCA ACAACAAATG CAGTAGCTGC
msa167919.2{322_2603}	ACAGCAACAC	CGGTAGCACA	ACCAGCTTCA ACAACAAATG CAGTAGCTGC
msa167919.2{322_JM9130013}	ACAGCAACAC	CGGTAGCACA	ACCAGCTTCA ACAACAAATG CAGTAGCTGC
msa167919.2{322_090}	ACAGCAACAC	CGGTAGCACA	ACCAGCTTCA ACAACAAATG CAGTAGCTGC
msa167919.2{322_CJB110}	ACAGCAACAC	CGGTAGCACA	ACCAGCTTCA ACAACAAATG CAGTAGCTGC
msa167919.2{322_A909}	ACAGCAACAC	CGGTAGCACA	ACCAGCTTCA ACAACAAATG CAGTAGCTGC
msa167919.2{322_H36B}	ACAGCAACAC	CGGTAGCACA	ACCAGCTTCA ACAACAAATG CAGTAGCTGC
msa167919.2{322_1169NT}	ACAGCAACAC	CGGTAGCACA	ACCAGCTTCA ACAACAAATG CAGTAGCTGC



Table 69: C mparative Sequences relating to SAG0032

Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
	951				1000
msa167919.2{322_COH1}	ACATCCTGAA	AATGCAGGgC	TCCAACCTCA	TGTTGCAGCT	TATAAAGAAA
msa167919.2{322_M781}	ACATCCTGAA	AATGCAGGgC	TCCAACCTCA	TGTTGCAGCT	TATAAAGAAA
msa167919.2{322_M732}	ACATCCTGAA	AATGCAGGgC	TCCAACCTCA	TGTTGCAGCT	TATAAAGAAA
msa167919.2{322_18RS21}	ACATCCTGAA	AATGCAGGgC	TCCAACCTCA	TGTTGCAGCT	TATAAAGAAA
msa167919.2{322_2603}	ACATCCTGAA	AATGCAGGgC	TCCAACCTCA	TGTTGCAGCT	TATAAAGAAA
msa167919.2{322_JM9130013}	ACATCCTGAA	AATGCAGGgC	TCCAACCTCA	TGTTGCAGCT	TATAAAGAAA
msa167919.2{322_090}	ACATCCTGAA	AATGCAGGgC	TCCAACCTCA	TGTTGCAGCT	TATAAAGAAA
msa167919.2{322_CJB110}	ACATCCTGAA	AATGCAGGgC	TCCAACCTCA	TGTTGCAGCT	TATAAAGAAA
msa167919.2{322_A909}	ACATCCTGAA	AATGCAGGgC	TCCAACCTCA	TGTTGCAGCT	TATAAAGAAA
msa167919.2{322_H36B}	ACATCCTGAA	AATGCAGGgC	TCCAACCTCA	TGTTGCAGCT	TATAAAGAAA
msa167919.2{322_1169NT}	ACATCCTGAA	AATGCAGGgC	TCCAACCTCA	TGTTGCAGCT	TATAAAGAAA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
	1001				1050
msa167919.2{322_COH1}	AAGTAGCGTC	AACCTTATGGA	GTTAATGAAT	TCAGTACATA	CCGTGCgGga
msa167919.2{322_M781}	AAGTAGCGTC	AACCTTATGGA	GTTAATGAAT	TCAGTACATA	CCGTGCgGga
msa167919.2{322_M732}	AAGTAGCGTC	AACCTTATGGA	GTTAATGAAT	TCAGTACATA	CCGTGCgGga
msa167919.2{322_18RS21}	AAGTAGCGTC	AACCTTATGGA	GTTAATGAAT	TCAGTACATA	CCGTGCgGga
msa167919.2{322_2603}	AAGTAGCGTC	AACCTTATGGA	GTTAATGAAT	TCAGTACATA	CCGTGCgGga
msa167919.2{322_JM9130013}	AAGTAGCGTC	AACCTTATGGA	GTTAATGAAT	TCAGTACATA	CCGTGCgGga
msa167919.2{322_090}	AAGTAGCGTC	AACCTTATGGA	GTTAATGAAT	TCAGTACATA	CCGTGCgGga
msa167919.2{322_CJB110}	AAGTAGCGTC	AACCTTATGGA	GTTAATGAAT	TCAGTACATA	CCGTGCgGga
msa167919.2{322_A909}	AAGTAGCGTC	AACCTTATGGA	GTTAATGAAT	TCAGTACATA	CCGTGCgGga
msa167919.2{322_H36B}	AAGTAGCGTC	AACCTTATGGA	GTTAATGAAT	TCAGTACATA	CCGTGCgGga
msa167919.2{322_1169NT}	AAGTAGCGTC	AACCTTATGGA	GTTAATGAAT	TCAGTACATA	CCGTGCgGga
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
	1051				1100
msa167919.2{322_COH1}	GATCCAGGTG	ATCATGGTAA	AGGTTTAGCA	GtGACTTTA	TTGTAGGTAA
msa167919.2{322_M781}	GATCCAGGTG	ATCATGGTAA	AGGTTTAGCA	GtGACTTTA	TTGTAGGTAA
msa167919.2{322_M732}	GATCCAGGTG	ATCATGGTAA	AGGTTTAGCA	GtGACTTTA	TTGTAGGTAA
msa167919.2{322_18RS21}	GATCCAGGTG	ATCATGGTAA	AGGTTTAGCA	GtGACTTTA	TTGTAGGTAA
msa167919.2{322_2603}	GATCCAGGTG	ATCATGGTAA	AGGTTTAGCA	GtGACTTTA	TTGTAGGTAA
msa167919.2{322_JM9130013}	GATCCAGGTG	ATCATGGTAA	AGGTTTAGCA	GtGACTTTA	TTGTAGGTAA
msa167919.2{322_090}	GATCCAGGTG	ATCATGGTAA	AGGTTTAGCA	GtGACTTTA	TTGTAGGTAA
msa167919.2{322_CJB110}	GATCCAGGTG	ATCATGGTAA	AGGTTTAGCA	GtGACTTTA	TTGTAGGTAA
msa167919.2{322_A909}	GATCCAGGTG	ATCATGGTAA	AGGTTTAGCA	GtGACTTTA	TTGTAGGTAA
msa167919.2{322_H36B}	GATCCAGGTG	ATCATGGTAA	AGGTTTAGCA	GtGACTTTA	TTGTAGGTAA
msa167919.2{322_1169NT}	GATCCAGGTG	ATCATGGTAA	AGGTTTAGCA	GtGACTTTA	TTGTAGGTAA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
	1101				1150
msa167919.2{322_COH1}	aaAcCAAGCA	CTTGGTAATg	AAGTTGCACA	GTACTCTACA	CAAAATATGG
msa167919.2{322_M781}	aaAcCAAGCA	CTTGGTAATg	AAGTTGCACA	GTACTCTACA	CAAAATATGG
msa167919.2{322_M732}	aaAcCAAGCA	CTTGGTAATg	AAGTTGCACA	GTACTCTACA	CAAAATATGG
msa167919.2{322_18RS21}	aaAcCAAGCA	CTTGGTAATg	AAGTTGCACA	GTACTCTACA	CAAAATATGG
msa167919.2{322_2603}	aaAcCAAGCA	CTTGGTAATg	AAGTTGCACA	GTACTCTACA	CAAAATATGG
msa167919.2{322_JM9130013}	aaAcCAAGCA	CTTGGTAATg	AAGTTGCACA	GTACTCTACA	CAAAATATGG
msa167919.2{322_090}	aaAcCAAGCA	CTTGGTAATg	AAGTTGCACA	GTACTCTACA	CAAAATATGG
msa167919.2{322_CJB110}	aaAcCAAGCA	CTTGGTAATg	AAGTTGCACA	GTACTCTACA	CAAAATATGG
msa167919.2{322_A909}	aaAcCAAGCA	CTTGGTAATg	AAGTTGCACA	GTACTCTACA	CAAAATATGG
msa167919.2{322_H36B}	aaAcCAAGCA	CTTGGTAATg	AAGTTGCACA	GTACTCTACA	CAAAATATGG
msa167919.2{322_1169NT}	aaAcCAAGCA	CTTGGTAATg	AAGTTGCACA	GTACTCTACA	CAAAATATGG
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
	1151				1200
msa167919.2{322_COH1}	CAGCAAATAA	CATTTTCATAT	GTTATCTGGC	AACAAAAGTT	TTAcTCAAAT
msa167919.2{322_M781}	CAGCAAATAA	CATTTTCATAT	GTTATCTGGC	AACAAAAGTT	TTAcTCAAAT
msa167919.2{322_M732}	CAGCAAATAA	CATTTTCATAT	GTTATCTGGC	AACAAAAGTT	TTAcTCAAAT
msa167919.2{322_18RS21}	CAGCAAATAA	CATTTTCATAT	GTTATCTGGC	AACAAAAGTT	TTAcTCAAAT
msa167919.2{322_2603}	CAGCAAATAA	CATTTTCATAT	GTTATCTGGC	AACAAAAGTT	TTAcTCAAAT
msa167919.2{322_JM9130013}	CAGCAAATAA	CATTTTCATAT	GTTATCTGGC	AACAAAAGTT	TTAcTCAAAT
msa167919.2{322_090}	CAGCAAATAA	CATTTTCATAT	GTTATCTGGC	AACAAAAGTT	TTAcTCAAAT
msa167919.2{322_CJB110}	CAGCAAATAA	CATTTTCATAT	GTTATCTGGC	AACAAAAGTT	TTAcTCAAAT
msa167919.2{322_A909}	CAGCAAATAA	CATTTTCATAT	GTTATCTGGC	AACAAAAGTT	TTAcTCAAAT
msa167919.2{322_H36B}	CAGCAAATAA	CATTTTCATAT	GTTATCTGGC	AACAAAAGTT	TTAcTCAAAT
msa167919.2{322_1169NT}	CAGCAAATAA	CATTTTCATAT	GTTATCTGGC	AACAAAAGTT	TTAcTCAAAT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
	1201				1250
msa167919.2{322_COH1}	ACAAATAGTA	TTTATGGACC	TGCTAATACT	TGGAATGCAA	TGCCAGATCG
msa167919.2{322_M781}	ACAAATAGTA	TTTATGGACC	TGCTAATACT	TGGAATGCAA	TGCCAGATCG
msa167919.2{322_M732}	ACAAATAGTA	TTTATGGACC	TGCTAATACT	TGGAATGCAA	TGCCAGATCG
msa167919.2{322_18RS21}	ACAAATAGTA	TTTATGGACC	TGCTAATACT	TGGAATGCAA	TGCCAGATCG
msa167919.2{322_2603}	ACAAATAGTA	TTTATGGACC	TGCTAATACT	TGGAATGCAA	TGCCAGATCG
msa167919.2{322_JM9130013}	ACAAATAGTA	TTTATGGACC	TGCTAATACT	TGGAATGCAA	TGCCAGATCG
msa167919.2{322_090}	ACAAATAGTA	TTTATGGACC	TGCTAATACT	TGGAATGCAA	TGCCAGATCG
msa167919.2{322_CJB110}	ACAAATAGTA	TTTATGGACC	TGCTAATACT	TGGAATGCAA	TGCCAGATCG
msa167919.2{322_A909}	ACAAATAGTA	TTTATGGACC	TGCTAATACT	TGGAATGCAA	TGCCAGATCG
msa167919.2{322_H36B}	ACAAATAGTA	TTTATGGACC	TGCTAATACT	TGGAATGCAA	TGCCAGATCG

Table 69: Comparative Sequences relating to SAG0032

msal67919.2{322_1169NT}	ACAAAtAGTA	TTTATGGACC	TGCTAATACT	TGGAATGCAA	TGCCAGATCG
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msal67919.2{322_COH1}	1251				1300
msal67919.2{322_M781}	TGGTGGCGTT	ACTGCCAACC	AcTATGACCA	cGTTCAcGTA	TCATTTAACA
msal67919.2{322_M732}	TGGTGGCGTT	ACTGCCAACC	AcTATGACCA	cGTTCAcGTA	TCATTTAACA
msal67919.2{322_18RS21}	TGGTGGCGTT	ACTGCCAACC	AcTATGACCA	cGTTCAcGTA	TCATTTAACA
msal67919.2{322_2603}	TGGTGGCGTT	ACTGCCAACC	AcTATGACCA	cGTTCAcGTA	TCATTTAACA
msal67919.2{322_JM9130013}	TGGTGGCGTT	ACTGCCAACC	AcTATGACCA	cGTTCAcGTA	TCATTTAACA
msal67919.2{322_090}	TGGTGGCGTT	ACTGCCAACC	AcTATGACCA	cGTTCAcGTA	TCATTTAACA
msal67919.2{322_CJB110}	TGGTGGCGTT	ACTGCCAACC	AcTATGACCA	cGTTCAcGTA	TCATTTAACA
msal67919.2{322_A909}	TGGTGGCGTT	ACTGCCAACC	AcTATGACCA	cGTTCAcGTA	TCATTTAACA
msal67919.2{322_H36B}	TGGTGGCGTT	ACTGCCAACC	AcTATGACCA	cGTTCAcGTA	TCATTTAACA
msal67919.2{322_1169NT}	TGGTGGCGTT	ACTGCCAACC	AcTATGACCA	cGTTCAcGTA	TCATTTAACA
Consensus	*****	*****	..*****	*****	*****
msal67919.2{322_COH1}	1301				1350
msal67919.2{322_M781}	AATAATATAA	AAAAGGAAGC	TATTGGCTT	CTTTTTTATA	TGCCTTGaAT
msal67919.2{322_M732}	AATAATATAA	AAAAGGAAGC	TATTGGCTT	CTTTTTTATA	TGCCTTGaAT
msal67919.2{322_18RS21}	AATAATATAA	AAAAGGAAGC	TATTGGCTT	CTTTTTTATA	TGCCTTGaAT
msal67919.2{322_2603}	AATAATATAA	AAAAGGAAGC	TATTGGCTT	CTTTTTTATA	TGCCTTGaAT
msal67919.2{322_JM9130013}	AATAATATAA	AAAAGGAAGC	TATTGGCTT	CTTTTTTATA	TGCCTTGaAT
msal67919.2{322_090}	AATAATATAA	AAAAGGAAGC	TATTGGCTT	CTTTTTTATA	TGCCTTGaAT
msal67919.2{322_CJB110}	AATAATATAA	AAAAGGAAGC	TATTGGCTT	CTTTTTTATA	TGCCTTGaAT
msal67919.2{322_A909}	AATAATATAA	AAAAGGAAGC	TATTGGCTT	CTTTTTTATA	TGCCTTGaAT
msal67919.2{322_H36B}	AATAATATAA	AAAAGGAAGC	TATTGGCTT	CTTTTTTATA	TGCCTTGaAT
msal67919.2{322_1169NT}	AATAATATAA	AAAAGGAAGC	TATTGGCTT	CTTTTTTATA	TGCCTTGaAT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****_**
msal67919.2{322_COH1}	1351				1382
msal67919.2{322_M781}	AGACTTTCAA	GGTTCCTATA	TAATTTTTAT	TA	
msal67919.2{322_M732}	AGACTTTCAA	GGTTCCTATA	TAATTTTTAT	TA	
msal67919.2{322_18RS21}	AGACTTTCAA	GGTTCCTATA	TAATTTTTAT	TA	
msal67919.2{322_2603}	AGACTTTCAA	GGTTCCTATA	TAATTTTTAT	TA	
msal67919.2{322_JM9130013}	AGACTTTCAA	GGTTCCTATA	TAATTTTTAT	TA	
msal67919.2{322_090}	AGACTTTCAA	GGTTCCTATA	TAATTTTTAT	TA	
msal67919.2{322_CJB110}	AGACTTTCAA	GGTTCCTATA	TAATTTTTAT	TA	
msal67919.2{322_A909}	AGACTTTCAA	GGTTCCTATA	TAATTTTTAT	TA	
msal67919.2{322_H36B}	AGACTTTCAA	GGTTCCTATA	TAATTTTTAT	TA	
msal67919.2{322_1169NT}	AGACTTTCAA	GGTTCCTATA	TAATTTTTAT	TA	
Consensus	*****	*****	*****	*****	**
SEQ ID NO. 6912					
STRAIN 2603 frame: 1					
MNMKVVLLTSTMAASLLSVASVQAQETDITWTARTVSEVKADLVKQDNKSSYTVKYGDITLS					
VISEAMSIDMNVLAKEINNIADINLIYPETTLTVTYDQKSHATSMKIETPATNAAGQTTA					
TVDLKTNQVSVADQKVSNTIASEGMTPEAATTIVSPMKTYSSAPALSKSEVLQAQVAVSQ					
AAANEQVSPAPVKSITSEVPAAKEVKPTQTSVSQSTTVSPASVAETPAPVAVPVRT					
VAAPRVASVKVVTTPKVETGASPEHVSAPAVPVTTTSPATDSKLQATEVKSVPVQAQKAPT					
TPVAQPASTTNAVAAHPENAGLQPHVAAYKEKVASTYGVNEFSTYRAGDPGDHKGGLAVD					
FVGTGQALGNKVAQYSTQNMMAANNISYVIWQKQFYSNTNSIYGPANTWNAMPDRGGVTA					
NHYDHVHVSFNNK.YKKGSYLASFLYALNRLSRFLYNFY					
SEQ ID NO. 6913					
STRAIN 090 frame: 2					
ETTLTVTYDQKSHATSMKIETPATNAAGQTPATVLDKTNQVSVADQKVSNTIASEGMT					
EAATTIVSPMKTYSSAPALSKSEVLQAQVAVSVAAEQVSTAPVKSITSEVPAAKEVK					
PTQTSVSQSTTVSPASVAETPAPVAVPVRTVAAPRVASVKVVTTPKVETGASPEHVS					
PAVPVTTTSTATDSKLQATEVKSVPVQAQKAPTATPVAQPASTTNAVAAHPENAGLQPHVA					
AYKEKVASTYGVNEFSTYRAGDPGDHKGGLAVDFIVGKNQALGNEVAQYSTQNMMAANNIS					
YVIWQKQFYSNTNSIYGPANTWNAMPDRGGVTANHYDHVHVSFNNK.YKKGSYLASFLYAL					
NRLSRFLYNFY					
SEQ ID NO. 6914					
STRAIN A909 frame: 3					
DLVKQDNKSSYTVKYGDITLSVISEAMSIDMNVLAKEINNIADINLIYPETTLTVTYDQKSH					
TATSMKIETPATNAAGQTTATVLDKTNQVSVADQKVSNTIASEGMTPEAATTIVSPMKTY					
SSAPALSKSEVLQAQVAVSVAAEQVSPAPVKSITSEVPAAKEVKPTQTSVSQSTTVS					
PASVAETPAPVAVPVRTVAAPRVASVKVVTTPKVETGASPEHVSAPAVPVTTTSTATD					
SKLQATEVKSVPVQAQKAPTATPVAQPASTTNAVAAHPENARLQPHVAAYKEKVASTYGVN					
EFSTYRAGDPGDHKGGLAVDFIVGKNQALGNEVAQYSTQNMMAANNISYVIWQKQFYSNTN					
SIYGPANTWNAMPDRGGVTANHYDHVHVSFNNK.YKKGSYLASFLYALHRLSRFLYNFY					
SEQ ID NO. 6915					
STRAIN H36B frame: 3					
DLVKQDNKSSYTVKYGDITLSVISEAMSIDMNVLAKEINNIADINLIYPETTLTVTYDQKSH					
TATSMKIETPATNAAGQTTATVLDKTNQVSVADQKVSNTIASEGMTPEAATTIVSPMKTY					
SSAPALSKSEVLQAQVAVSVAAEQVSPAPVKSITSEVPAAKEVKPTQTSVSQSTTVS					
PASVAETPAPVAVPVRTVAAPRVASVKVVTTPKVETGASPEHVSAPAVPVTTTSTATD					
SKLQATEVKSVPVQAQKAPTATPVAQPASTTNAVAAHPENARLQPHVAAYKEKVASTYGVN					

Table 69: Comparative Sequences relating to SAG0032

EFSTYRAGDPGDHGKGLAVDFIVGKNQALGNEVAQYSTQNMAANNISYVIWQOKFYSNTN  
SIYGPANTWNAMPDRGGVTANHYDHVHVSFNK.YKKGSYLASFLYALNRLSRFLYNFY

## SEQ ID NO. 6916

STRAIN 18RS21 frame: 3

DLVKQDNKSSYTVKYGDTLSVISEAMSIDMNVLAKINNIADINLIYPETTLTVTYDQKSH  
TATSMKIETPATNAAGQTTATVDLKTNQVSVADQKVSNTISEGMTPEAATTIVSPMKTY  
SSAPALKSKEVLAQEQAVSQAAANEQVSPAPVKSITSEVPAAKEEVKPTQTSVSQSTTVS  
PASVAAETPAPVAKVAPVRTVAAPRVASAKVVTTPKVTGASPEHVSAPAVPVTTTSPATD  
SKLQATEVKSVPVQAQKAPTATPVAQPASTTNAAHPENAGLQPHVAAKKEKVASTYGVN  
EFSTYRAGDPGDHGKGLAVDFIVGKNQALGNEVAQYSTQNMAANNISYVIWQOKFYSNTN  
SIYGPANTWNAMPDRGGVTANHYDHVHVSFNK.YKKGSYLASFLYALNRLSRFLYNFY

## SEQ ID NO. 6917

STRAIN M732 frame: 3

DLVKQDNKSSYTVKYGDTLSVISEAMSIDMNVLAKINNIADINLIYPETTLTVTYDQKSH  
TATSMKIETPATNAAGQTTATVDLKTNQVSVADQKVSNTISEGMTPEAATTIVSPMKTY  
SSAPALKSKEVLAQEQAVSQAAANEQVSPAPVKSITSEVPAAKEEVKPTQTSVSQSTTVS  
PASVAAETPAPVAKVAPVRTVAAPRVASAKVVTTPKVTGASPEHVSAPAVPVTTTSPATD  
SKLQATEVKSVPVQAQKAPTATPVAQPASTTNAAHPENAGLQPHVAAKKEKVASTYGVN  
EFSTYRAGDPGDHGKGLAVDFIVGKNQALGNEVAQYSTQNMAANNISYVIWQOKFYSNTN  
SIYGPANTWNAMPDRGGVTANHYDHVHVSFNK.YKKGSYLASFLYALNRLSRFLYNFY

## SEQ ID NO. 6918

STRAIN COH1 frame: 3

DLVKQDNKSSYTVKYGDTLSVISEAMSIDMNVLAKINNIADINLIYPETTLTVTYDQKSH  
TATSMKIETPATNAAGQTTATVDLKTNQVSVADQKVSNTISEGMTPEAATTIVSPMKTY  
SSAPALKSKEVLAQEQAVSQAAANEQVSPAPVKSITSEVPAAKEEVKPTQTSVSQSTTVS  
PASVAAETPAPVAKVAPVRTVAAPRVASAKVVTTPKVTGASPEHVSAPAVPVTTTSPATD  
SKLQATEVKSVPVQAQKAPTATPVAQPASTTNAAHPENAGLQPHVAAKKEKVASTYGVN  
EFSTYRAGDPGDHGKGLAVDFIVGKNQALGNEVAQYSTQNMAANNISYVIWQOKFYSNTN  
SIYGPANTWNAMPDRGGVTANHYDHVHVSFNK.YKKGSYLASFLYALNRLSRFLYNFY

## SEQ ID NO. 6919

STRAIN M781 frame: 3

DLVKQDNKSSYTVKYGDTLSVISEAMSIDMNVLAKINNIADINLIYPETTLTVTYDQKSH  
TATSMKIETPATNAAGQTTATVDLKTNQVSVADQKVSNTISEGMTPEAATTIVSPMKTY  
SSAPALKSKEVLAQEQAVSQAAANEQVSPAPVKSITSEVPAAKEEVKPTQTSVSQSTTVS  
PASVAAETPAPVAKVAPVRTVAAPRVASAKVVTTPKVTGASPEHVSAPAVPVTTTSPATD  
SKLQATEVKSVPVQAQKAPTATPVAQPASTTNAAHPENAGLQPHVAAKKEKVASTYGVN  
EFSTYRAGDPGDHGKGLAVDFIVGKNQALGNEVAQYSTQNMAANNISYVIWQOKFYSNTN  
SIYGPANTWNAMPDRGGVTANHYDHVHVSFNK.YKKGSYLASFLYALNRLSRFLYNFY

## SEQ ID NO. 6920

STRAIN CJB110 frame: 3

DLVKQDNKSSYTVKYGDTLSVISEAMSIDMNVLAKINNIADINLIYPETTLTVTYDQKSH  
TATSMKIETPATNAAGQTTATVDLKTNQVSVADQKVSNTISEGMTPEAATTIVSPMKTY  
SSAPALKSKEVLAQEQAVSQAAANEQVSTAPVKSITSEVPAAKEEVKPTQTSVSQSTTVS  
PASVAAETPAPVAKVAPVRTVAAPRVASAKVVTTPKVTGASPEHVSAPAVPVTTTSTATD  
SKLQATEVKSVPVQAQKAPTATPVAQPASTTNAAHPENAGLQPHVAAKKEKVASTYGVN  
EFSTYRAGDPGDHGKGLAVDFIVGKNQALGNEVAQYSTQNMAANNISYVIWQOKFYSNTN  
SIYGPANTWNAMPDRGGVTANHYDHVHVSFNK.YKKGSYLASFLYALNRLSRFLYNFY

## SEQ ID NO. 6921

STRAIN 1169NT frame: 3

DLVKQDNKSSYTVKYGDTLSVISEAMSIDMNVLAKINNIADINLIYPETTLTVTYDQKSH  
TATSMKIETPATNAAGQTTATVDLKTNQVSVADQKVSNTISEGMTPEAATTIVSPMKTY  
SSAPALKSKEVLAQEQAVSQAAANEQVSPAPVKSITSEVPAAKEEVKPTQTSVSQSTTVS  
PASVAAETPAPVAKVAPVRTVAAPRVASAKVVTTPKVTGASPEHVSAPAVPVTTTSTA  
TDNKLQATEVKSVPVQAQKAPTATPVAQPASTTNAAHPENAGLQPHVAAKKEKVASTYGVN  
VNEFSTYRAGDPGDHGKGLAVDFIVGKNQALGNEVAQYSTQNMAANNISYVIWQOKFYSN  
TNSIYGPANTWNAMPDRGGVTANHYDHVHVSFNK.YKKGSYLASFLYALNRLSRFLYNFY

## SEQ ID NO. 6922

STRAIN JM9130013 frame: 3

DLVKQDNKSSYTVKYGDTLSVISEAMSIDMNVLAKINNIADINLIYPETTLTVTYDQKSH  
TATSMKIETPATNAAGQTTATVDLKTNQVSVADQKVSNTISEGMTPEAATTIVSPMKTY  
SSAPALKSKEVLAQEQAVSQAAANEQVSPAPVKSITSEVPAAKEEVKPTQTSVSQSTTVS  
PASVAAETPAPVAKVAPVRTVAAPRVASAKVVTTPKVTGASPEHVSAPAVPVTTTSPATD  
SKLQATEVKSVPVQAQKAPTATPVAQPASTTNAAHPENAGLQPHVAAKKEKVASTYGVN  
EFSTYRAGDPGDHGKGLAVDFIVGKNQALGNEVAQYSTQNMAANNISYVIWQOKFYSNTN  
SIYGPANTWNAMPDRGGVTANHYDHVHVSFNK.YKKGSYLASFLYALNRLSRFLYNFY

PRETTY of: /biotmp/msa237049.2{\*} May 14, 2003 03:04 ..

	1		50
msa237049.2{322_COH1}	-----	-----	dlvkqdnkss
msa237049.2{322_M781}	-----	-----	dlvkqdnkss
msa237049.2{322_M732}	-----	-----	dlvkqdnkss
msa237049.2{322_A909}	-----	-----	dlvkqdnkss
msa237049.2{322_H36B}	-----	-----	dlvkqdnkss
msa237049.2{322_090}	-----	-----	-----

Table 69: Comparative Sequences relating to SAG0032

msa237049.2{322_CJB110}	-----	-----	-----	-----	dlvkqdnkss
msa237049.2{322_18RS21}	-----	-----	-----	-----	dlvkqdnkss
msa237049.2{322_2603}	mnkkvlltst	maasllsvas	vgaqetdttw	tartvsevka	dlvkqdnkss
msa237049.2{322_JM9130013}	-----	-----	-----	-----	dlvkqdnkss
msa237049.2{322_1169NT}	-----	-----	-----	-----	dlvkqdnkss
Consensus	*****	*****	*****	*****	-----
msa237049.2{322_COH1}	51	-----	-----	-----	100
msa237049.2{322_M781}	ytvkygdtls	viseamsidm	nvlakinnia	dinliypETT	LTVTYDQKSH
msa237049.2{322_M732}	ytvkygdtls	viseamsidm	nvlakinnia	dinliypETT	LTVTYDQKSH
msa237049.2{322_A909}	ytvkygdtls	viseamsidm	nvlakinnia	dinliypETT	LTVTYDQKSH
msa237049.2{322_H36B}	ytvkygdtls	viseamsidm	nvlakinnia	dinliypETT	LTVTYDQKSH
msa237049.2{322_090}	-----	-----	-----	-----	-----
msa237049.2{322_CJB110}	ytvkygdtls	viseamsidm	nvlakinnia	dinliypETT	LTVTYDQKSH
msa237049.2{322_18RS21}	ytvkygdtls	viseamsidm	nvlakinnia	dinliypETT	LTVTYDQKSH
msa237049.2{322_2603}	ytvkygdtls	viseamsidm	nvlakinnia	dinliypETT	LTVTYDQKSH
msa237049.2{322_JM9130013}	ytvkygdtls	viseamsidm	nvlakinnia	dinliypETT	LTVTYDQKSH
msa237049.2{322_1169NT}	ytvkygdtls	viseamsidm	nvlakinnia	dinliypETT	LTVTYDQKSH
Consensus	-----	-----	-----	-----	*****
msa237049.2{322_COH1}	101	-----	-----	-----	150
msa237049.2{322_M781}	TATSMKIETP	ATNAAGQTtA	TVDLKTNQVf	VADQKVSlnT	ISEGMTPEAA
msa237049.2{322_M732}	TATSMKIETP	ATNAAGQTtA	TVDLKTNQVf	VADQKVSlnT	ISEGMTPEAA
msa237049.2{322_A909}	TATSMKIETP	ATNAAGQTtA	TVDLKTNQVf	VADQKVSlnT	ISEGMTPEAA
msa237049.2{322_H36B}	TATSMKIETP	ATNAAGQTtA	TVDLKTNQVf	VADQKVSlnT	ISEGMTPEAA
msa237049.2{322_090}	TATSMKIETP	ATNAAGQTtA	TVDLKTNQVf	VADQKVSlnT	ISEGMTPEAA
msa237049.2{322_CJB110}	TATSMKIETP	ATNAAGQTtA	TVDLKTNQVf	VADQKVSlnT	ISEGMTPEAA
msa237049.2{322_18RS21}	TATSMKIETP	ATNAAGQTtA	TVDLKTNQVf	VADQKVSlnT	ISEGMTPEAA
msa237049.2{322_2603}	TATSMKIETP	ATNAAGQTtA	TVDLKTNQVf	VADQKVSlnT	ISEGMTPEAA
msa237049.2{322_JM9130013}	TATSMKIETP	ATNAAGQTtA	TVDLKTNQVf	VADQKVSlnT	ISEGMTPEAA
msa237049.2{322_1169NT}	TATSMKIETP	ATNAAGQTtA	TVDLKTNQVf	VADQKVSlnT	ISEGMTPEAA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa237049.2{322_COH1}	151	-----	-----	-----	200
msa237049.2{322_M781}	TTIVSPMKTY	SSAPALKSKE	VLAQeQAVSQ	VAANEQVSpA	PVKsITSEVP
msa237049.2{322_M732}	TTIVSPMKTY	SSAPALKSKE	VLAQeQAVSQ	VAANEQVSpA	PVKsITSEVP
msa237049.2{322_A909}	TTIVSPMKTY	SSAPALKSKE	VLAQeQAVSQ	VAANEQVSpA	PVKsITSEVP
msa237049.2{322_H36B}	TTIVSPMKTY	SSAPALKSKE	VLAQeQAVSQ	VAANEQVSpA	PVKsITSEVP
msa237049.2{322_090}	TTIVSPMKTY	SSAPALKSKE	VLAQeQAVSQ	VAANEQVSpA	PVKsITSEVP
msa237049.2{322_CJB110}	TTIVSPMKTY	SSAPALKSKE	VLAQeQAVSQ	VAANEQVSpA	PVKsITSEVP
msa237049.2{322_18RS21}	TTIVSPMKTY	SSAPALKSKE	VLAQeQAVSQ	VAANEQVSpA	PVKsITSEVP
msa237049.2{322_2603}	TTIVSPMKTY	SSAPALKSKE	VLAQeQAVSQ	VAANEQVSpA	PVKsITSEVP
msa237049.2{322_JM9130013}	TTIVSPMKTY	SSAPALKSKE	VLAQeQAVSQ	VAANEQVSpA	PVKsITSEVP
msa237049.2{322_1169NT}	TTIVSPMKTY	SSAPALKSKE	VLAQeQAVSQ	VAANEQVSpA	PVKsITSEVP
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa237049.2{322_COH1}	201	-----	-----	-----	250
msa237049.2{322_M781}	AAKEEVkPTQ	TSVSQlTTVS	PASVAAETPA	PVAKVAPVRT	VA..APRVAS
msa237049.2{322_M732}	AAKEEVkPTQ	TSVSQlTTVS	PASVAAETPA	PVAKVAPVRT	VA..APRVAS
msa237049.2{322_A909}	AAKEEVkPTQ	TSVSQlTTVS	PASVAAETPA	PVAKVAPVRT	VA..APRVAS
msa237049.2{322_H36B}	AAKEEVkPTQ	TSVSQlTTVS	PASVAAETPA	PVAKVAPVRT	VA..APRVAS
msa237049.2{322_090}	AAKEEVkPTQ	TSVSQlTTVS	PASVAAETPA	PVAKVAPVRT	VA..APRVAS
msa237049.2{322_CJB110}	AAKEEVkPTQ	TSVSQlTTVS	PASVAAETPA	PVAKVAPVRT	VA..APRVAS
msa237049.2{322_18RS21}	AAKEEVkPTQ	TSVSQlTTVS	PASVAAETPA	PVAKVAPVRT	VA..APRVAS
msa237049.2{322_2603}	AAKEEVkPTQ	TSVSQlTTVS	PASVAAETPA	PVAKVAPVRT	VA..APRVAS
msa237049.2{322_JM9130013}	AAKEEVkPTQ	TSVSQlTTVS	PASVAAETPA	PVAKVAPVRT	VA..APRVAS
msa237049.2{322_1169NT}	AAKEEVkPTQ	TSVSQlTTVS	PASVAAETPA	PVAKVAPVRT	VA..APRVAS
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa237049.2{322_COH1}	251	-----	-----	-----	300
msa237049.2{322_M781}	aKVVTpKVET	GASPEHvAP	AVPVTITSpA	TDeKLQATEV	KSVpVAQKAP
msa237049.2{322_M732}	aKVVTpKVET	GASPEHvAP	AVPVTITSpA	TDeKLQATEV	KSVpVAQKAP
msa237049.2{322_A909}	aKVVTpKVET	GASPEHvAP	AVPVTITSpA	TDeKLQATEV	KSVpVAQKAP
msa237049.2{322_H36B}	aKVVTpKVET	GASPEHvAP	AVPVTITSpA	TDeKLQATEV	KSVpVAQKAP
msa237049.2{322_090}	aKVVTpKVET	GASPEHvAP	AVPVTITSpA	TDeKLQATEV	KSVpVAQKAP
msa237049.2{322_CJB110}	aKVVTpKVET	GASPEHvAP	AVPVTITSpA	TDeKLQATEV	KSVpVAQKAP
msa237049.2{322_18RS21}	aKVVTpKVET	GASPEHvAP	AVPVTITSpA	TDeKLQATEV	KSVpVAQKAP
msa237049.2{322_2603}	aKVVTpKVET	GASPEHvAP	AVPVTITSpA	TDeKLQATEV	KSVpVAQKAP
msa237049.2{322_JM9130013}	aKVVTpKVET	GASPEHvAP	AVPVTITSpA	TDeKLQATEV	KSVpVAQKAP
msa237049.2{322_1169NT}	aKVVTpKVET	GASPEHvAP	AVPVTITSpA	TDeKLQATEV	KSVpVAQKAP
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa237049.2{322_COH1}	301	-----	-----	-----	350
msa237049.2{322_M781}	TATpVAQPAS	TTNAVAHPE	NagLQPHVAA	YKEKVASTYG	VNEFSTYRAG
msa237049.2{322_M732}	TATpVAQPAS	TTNAVAHPE	NagLQPHVAA	YKEKVASTYG	VNEFSTYRAG
msa237049.2{322_A909}	TATpVAQPAS	TTNAVAHPE	NagLQPHVAA	YKEKVASTYG	VNEFSTYRAG
msa237049.2{322_H36B}	TATpVAQPAS	TTNAVAHPE	NagLQPHVAA	YKEKVASTYG	VNEFSTYRAG

Table 69: Comparative Sequences relating to SAG0032

msa237049.2{322_090}	TATPVAQPAS	TTNAVAAHPE	NagLQPHVAA	YKEKVASTYG	VNEFSTYRAG
msa237049.2{322_CJB110}	TATPVAQPAS	TTNAVAAHPE	NagLQPHVAA	YKEKVASTYG	VNEFSTYRAG
msa237049.2{322_18RS21}	TATPVAQPAS	TTNAVAAHPE	NagLQPHVAA	YKEKVASTYG	VNEFSTYRAG
msa237049.2{322_2603}	TATPVAQPAS	TTNAVAAHPE	NagLQPHVAA	YKEKVASTYG	VNEFSTYRAG
msa237049.2{322_JM9130013}	TATPVAQPAS	TTNAVAAHPE	NagLQPHVAA	YKEKVASTYG	VNEFSTYRAG
msa237049.2{322_1169NT}	TATPVAQPAS	TTNAVAAHPE	NagLQPHVAA	YKEKVASTYG	VNEFSTYRAG
Consensus	***-*****	*****-***	***-*****	*****-***	*****-***
351 400					
msa237049.2{322_COH1}	DPGDHGKGLA	VDFIVGkNQA	LGNeVAQYST	QNMAANNISY	VIWQQKFYSN
msa237049.2{322_M781}	DPGDHGKGLA	VDFIVGkNQA	LGNeVAQYST	QNMAANNISY	VIWQQKFYSN
msa237049.2{322_M732}	DPGDHGKGLA	VDFIVGkNQA	LGNeVAQYST	QNMAANNISY	VIWQQKFYSN
msa237049.2{322_A909}	DPGDHGKGLA	VDFIVGkNQA	LGNeVAQYST	QNMAANNISY	VIWQQKFYSN
msa237049.2{322_H36B}	DPGDHGKGLA	VDFIVGkNQA	LGNeVAQYST	QNMAANNISY	VIWQQKFYSN
msa237049.2{322_090}	DPGDHGKGLA	VDFIVGkNQA	LGNeVAQYST	QNMAANNISY	VIWQQKFYSN
msa237049.2{322_CJB110}	DPGDHGKGLA	VDFIVGkNQA	LGNeVAQYST	QNMAANNISY	VIWQQKFYSN
msa237049.2{322_18RS21}	DPGDHGKGLA	VDFIVGkNQA	LGNeVAQYST	QNMAANNISY	VIWQQKFYSN
msa237049.2{322_2603}	DPGDHGKGLA	VDFIVGkNQA	LGNeVAQYST	QNMAANNISY	VIWQQKFYSN
msa237049.2{322_JM9130013}	DPGDHGKGLA	VDFIVGkNQA	LGNeVAQYST	QNMAANNISY	VIWQQKFYSN
msa237049.2{322_1169NT}	DPGDHGKGLA	VDFIVGkNQA	LGNeVAQYST	QNMAANNISY	VIWQQKFYSN
Consensus	*****-***	*****-***	*****-***	*****-***	*****-***
401 450					
msa237049.2{322_COH1}	TNSIYGPANT	WNAMPDRGGV	TANHYDHVHV	SFNK.YKKGS	YLASFLYALn
msa237049.2{322_M781}	TNSIYGPANT	WNAMPDRGGV	TANHYDHVHV	SFNK.YKKGS	YLASFLYALn
msa237049.2{322_M732}	TNSIYGPANT	WNAMPDRGGV	TANHYDHVHV	SFNK.YKKGS	YLASFLYALn
msa237049.2{322_A909}	TNSIYGPANT	WNAMPDRGGV	TANHYDHVHV	SFNK.YKKGS	YLASFLYALh
msa237049.2{322_H36B}	TNSIYGPANT	WNAMPDRGGV	TANHYDHVHV	SFNK.YKKGS	YLASFLYALh
msa237049.2{322_090}	TNSIYGPANT	WNAMPDRGGV	TANHYDHVHV	SFNK.YKKGS	YLASFLYALn
msa237049.2{322_CJB110}	TNSIYGPANT	WNAMPDRGGV	TANHYDHVHV	SFNK.YKKGS	YLASFLYALn
msa237049.2{322_18RS21}	TNSIYGPANT	WNAMPDRGGV	TANHYDHVHV	SFNK.YKKGS	YLASFLYALn
msa237049.2{322_2603}	TNSIYGPANT	WNAMPDRGGV	TANHYDHVHV	SFNK.YKKGS	YLASFLYALn
msa237049.2{322_JM9130013}	TNSIYGPANT	WNAMPDRGGV	TANHYDHVHV	SFNK.YKKGS	YLASFLYALn
msa237049.2{322_1169NT}	TNSIYGPANT	WNAMPDRGGV	TANHYDHVHV	SFNK.YKKGS	YLASFLYALn
Consensus	*****-***	*****-***	*****-***	*****-***	*****-***
451 460					
msa237049.2{322_COH1}	RLSRFLYNFY				
msa237049.2{322_M781}	RLSRFLYNFY				
msa237049.2{322_M732}	RLSRFLYNFY				
msa237049.2{322_A909}	RLSRFLYNFY				
msa237049.2{322_H36B}	RLSRFLYNFY				
msa237049.2{322_090}	RLSRFLYNFY				
msa237049.2{322_CJB110}	RLSRFLYNFY				
msa237049.2{322_18RS21}	RLSRFLYNFY				
msa237049.2{322_2603}	RLSRFLYNFY				
msa237049.2{322_JM9130013}	RLSRFLYNFY				
msa237049.2{322_1169NT}	RLSRFLYNFY				
Consensus	*****-***				

Table 70: Comparative Sequences relating to SAG 1280

SEQ ID. NO. 7001  
STRAIN 2603

ATGGGAGGGAAAAATGAATCAAGAAGTCTTACTACAAATGATGAGAGCCACTATTCTC  
GTGATAGAGCCTTGCTTGAGGCATTTTATATTACCAAGCAGAGCATTTTGATGAGGAGT  
GGGATAGTCTTATTCATCAGTTTATGACCAATAGGCAAGAAATAAATAGTCTGTTCAAG  
TACTTCACCTTTGAGACAGATGTTTCTAGCTTTTGTCCAGGCTAGTCTTATGATAGTCTC  
ATGATCTATTGACCTATACACAAGTTTTCGGCCAAAGTGGTCTTCAAAAACCTAGATAAAC  
TATCGCGTCTGAAAAAACTTGGTGATAGAAGTGGCCTTGTTCATCTGCCACTCGTT  
TTCAATTATTGGATTCCAATGGACACTACCAAAACCATATCGCGGATTCACTCTTACAAA  
AGAGTAGGGGAGCTAATTGGTCAATGTGTATCGTGTGGCTAATAATTAGCGGATCGTA  
TTAGTCGAGATATTGAACAGTTTCTCTAACTACGAGCCTGAGCTTGAAACTAGAGCTG  
ATGAAACTGTTCTAGAAAATGAAGAACTGTTGATGAGCACAACCAAGTGTTCATCAAG  
CAATATCTTTTCGAGAAGAGGGCTCTCTGGTTATTGCTAGTTTGGATGTAGATTGTCTC  
AATAGATGTTCAAAATAGGAAAAACCAAGTCATCTGCCAGCTTATGAAGAGTTATCCTTAC  
GACGTAAATTTGAGATTCTAACATATTTTGACCAAAATCGAAATGAACGTTCCAAAGTCC  
CAAGTTTTAGACGAGGTGATTTTGACACAGAGATGGAAATGACACCAAGTCTTTGATGGCG  
AGGAATTACTTACTTATCTCGAAGCTGATGGCAGTCCCTATGAGCTGAAACGAAACGCTGA  
CTACAGTCGAAGAAAGGAATTAGAAAAAATGGACAAGCCATTAGGATAGAAAAACAAG  
AAAAATTGACTCAGCTAGGAGATTGATTATCTCAGTTTGACCCAGACCGAGTCTGATTAT  
TATTGGATGCGACAGGTCTGTTTCTGTTTAAAAAATGCAGACCTTGCTTTACTAGGTGGTT  
ATCCCAAGCCTCGGTAACTCAACTAGCCCTTGCGACAGAACTACTCCAAATGGGACTAA  
GTCTAGAAAAGGTTGAATTTTCTTTGGTAGCCAGCTTTCCATTGAAGAGCTGCGACAAG  
TTGCTTACGCCCTTTTATACCAAGAACTCAGCAGAGAAGATGCGGAGCAATTGAAAAAG  
ATAAAGGTAAATCAGCCAGATTAACTCTCAGAGATTGGAAAAAGCAAGCTAGAGAAAGCTG  
AGGGAAGAAGTAGTTGATGAAGAAATTCGCGGAAATCCACTGGTTAGAGAGTATTGG  
ACACTTATCCTCTGGGGTCAATTGGTTTCTATAAGGACAGGACTTTGAGGTCTATGTCG  
TCAGCGATGCTCGATTGAACGGTTTGATTGCGATTGAGTTAGTCAATGACTTTTCGGATA  
TCATTGAACAAAATCCAGTTCTTTATGTGAGGACCTGGGAAGAAGTCAAGTCAAGCACTTC  
ATCAGCCAAAGCAGAACCAACCAACAGAGTTAGAAGAAGCGGACCAAGAATTAACTAT  
TCTCATTTCTGGAAGAGGAGCCAGTTTCAGAGTATTGGAATTTGGAACAGATGATTTCAG  
AAAATGGTCATAACGATCTGATCTTGAAGAAACAGATATCAAATTCCTGAAGAGGAAG  
TCGTGCAAAACATTCAGAGATTCCAGTAACCGACTTTTATTTTCCAGAAAGATTGACCG  
ACTTTTATCTTAAGACTGCTAGAGATAAGGTTGAGACAAACATTGTGGCCATTCGTTTGG  
TAAAAAATCTAGAAGTAGAGCACCGCAATGCTTCAACAGTGAACCAAGAACTCTTGCCA  
AGTATGTAGGCTGGGGTGGACTAGCCAATGAATTTTGTGATGACTATAATCCAAATTTT  
CTAAGGAACGAGAAGAACTGAAGAGCCTAGTCACAGATAAAGAGTATTTCGGATAGAAAC  
AGTCTCCTCTGACAGCCTATTAACAGACCCATCCTGATCCGTGAGATGTTGGGATAAGT  
TGGAAGAGATGCTTTACAGGTGGCAAAATCCTAGATCCTTCCATGGGAACAGGGAATT  
TCTTTGGGCTATGCGCAAAACACTTAAGAGAAAAGAGTGAAGTTGATGGCGTAGAGTTAG  
ATACTATTACAGAGCTATTGCCAAACACCTTCATCCCAATAGTCATATTGAAATTAAGG  
GATTTGAGACGGTGGCTTTTAAACGACAATAGTTTGTATTGGTGAATTTCAAATGTGCCCT  
TTGCCAATATACGAATTTGCGGATAATAGGTACGATAGGCCCTTACATGATTATGACTACT  
TTGTCAAAAAGTCACTTGATTGCTTCTATGATGGTGGACAAGTAGCGATTATCTCTCCA  
CAGGAATATTGGATAAGCGAACAGAAAAACATCTTACAAGATATTGCTGAGACAACTGAAT  
TTCTTTGGGGTTCGACTGCTGACTCTGCTTTTAAAGGCCATTGCAAGAACGAGTGTCA  
CAACGGATATGTTATTCTTCCAGAAACACTTAGACAAGGGATATGTGGCAGACGATTAG  
CCTTTTCAGGTTCCAGTTGCTATGACAAGGATAGTCGCAATTGGCTCAATCCTTATTTTG  
ATGGAGAATACAATAGCCAGGTGCTAGGAACCTACGAGGTCAAGAAATTTAAACGAGGAA  
CACTTTCTGTTAAGGGGACTAGTGATGACTTGATTGCAAGTGTGAAACAGCTCTAAATC  
ACGTTAAGGCCCAAGAGAGATTGATAGAAATGAGGTCACTAATTAACCCAGATGTTGTA  
CCAAACAAGTCAATGATACCTCCATTCCAGCTGAAATGAGGGAATAATCTAGGTCAATACA  
GTTTTGGTTATCAGGGGTCTACAGTTTACTATCGAGATAACAAAGGCATTTCGAGTCGGAA  
CCAAGACGGAAGAATCAGTTACTATGTGATGAAGAGGGCACTTCAAAGCATGGGACA  
CCAAACATTCTCAAAGCAGATTGATCGCTTAAATGCTTGAAGTGAATGATAACACTG  
CTCTGAGTGTCTATGACCCAGATGATGACGCAAAACGTTGTCAGTTTAAAGGGGTATTATA  
AAAAGACAGTTTCTATGAAGCTCCATTGCTTATAAAGAAGTGGCACGTATCAAAGGAA  
TGGTCGATATTTCGATGCCCTTACCAAGAAGTTATTGCCATTCAACGCTATTATGACTATG  
ATAAGGAGACCTTTAAACCACTTGTAGGCAAACTCAATCGTACCTATGATAGCTTTGCA  
AACACTATGGGTATTGTAATAGTGTGTGAACCGCAATCTTTTGTAGTGTATGATAAGT  
ATTGCTTCTGTGATGTTTGAAGATGAAGTCTGGATCCAGTGGAAAGTCTGTTATCT  
ATACTAAATCCCTTGCCCTTGAAGAAGCTCTAGTGCCTGAAAGAGGTTAAAAAGG  
TGCTACTGCTCCCTTGATGCTTAAATTCGAGCTTGGCTGACGAGCAGAGGTGTTGATTTCG  
CTTATATGATGCTATCTATCAGGTTGAATCGCAGATGACCTTGATTGAGGAGTTAGGCG  
ACCTCATATGCTGATCCTGAGAAGTATTGAAATGGAGAATTGACCTATGTTTCTCGCC  
AAGACTTTCTTTAGGGGATGTCGTCATAAGTTAGAAGTGGTAGATCTATTGCTCAAAAC  
AAGACAATCAGGACTTTAACTGGTCACTTATGCGGGACTTCTAGAAGCTATCAAACCAG  
CCCGTATTACTTTGGCAGACATTGATTATCGAATCGGTTACGCTGGATTCTCTGGCTG  
TTTATGGAAAAATTTGCCCAAGAAACCTTTATGGGGAAGCCCTATGAACGTGTCAGACCAAG  
AAGTAGCGACAGTCTAGAAAGTCACTCCATTGACGGGGTTATCACTTACCAATCTAAGT  
TTGCTTACACTATTCCAACGCAACGATAGGAGTTTAGGTGTCCTGCTTCAOGCTATG  
ATAGTGGTCGAAAAATCTTTGAAAACTCTCTGAATTCCAATCAACCAACCATCACAAAAC  
AAGTTGTGCAAGGGGATGAAGAAAAAAGTGTGACGGATGTAGAGAAAAACACGGTCTGTC  
GTGCCAAGGAAACACTTACCATGCTTGGGGCAGGATTCAAACCTGAAGAACTCGGAATGG  
TACATAAACCACTTTATGTTGGTGCCTGCTAGTCTGACTGCTCAGTTTGGTCAAGAAATCA  
TGAAATTTTCCCTACCAAGAAAGTCTATGTGACTACTAAGAAAGACTTTGCCAAGCCA  
AAGCAAGCAGTTTGTGTCCTGATTATTACAGGGGACTATGATGCCATTGTCATTGGGG  
ATTCACAATTTGAGAAAGATACGATGAGTCTGTAAGAAACAGGTCACTATATCAATGACA  
AATCTGAGCAACTCGAGAAATCAAGCTAGGAAGTGACAGTGTATTACAAGTGAAGGAAG  
CGGAACGTTTCGATTAAAGGATTAGAACACCAAGTTGAAGAACTCCAAAACTAGAGCGAG

Table 70: Comparative Sequences relating to SAG 1280

ATACCTTTATTGAGTTTGAAAACCTTGGAAATGATTTCTTTTGTGGATGAGGCTCATC  
 ACTTCAAGAAATATCCGTCCAAATCACTGGACTTGGGAATGTAGCTGGAATCACCACACAA  
 CTCTAAAAAGAACGTGGATATGGAGATGAAGGTGAGACAAGTACAGGCAGAGCATGGAG  
 ATAGAAATGTCGTTTTCGGACAGGAACACCACTTCTAATCTATTAGTGAATTTTCA  
 CCATGATGGATTACATTCACCTGATGTCTTGGAAACGATACCTGGTATCAAAATTTGACT  
 CCTGGGTGGGGCTTTTGGGAATATCGAAAACCTCCATGGAACTAGCCCCGACAGGAGATA  
 AGTACCAACCCAGAAACCGTTCAAGAAATTTGTCAACCTTCTGAACTCATGCGAATCT  
 ACAAGGAAACTGCGGATATTCAGACCTCAGACATGCTTGATTTACAGTACCGGAAGCTA  
 AGATATTTGCGGTGGAAAGCGAGTTAACGCAAGCTCAGAAATACTATTGGAAGAGCTGG  
 TAAAGCGTTCCAGACGCTATCAAGTCAGGTAGTGTGATCCAAGTAGAGATAACATGCTTA  
 AAATCACAGGAGAAGCCAGAAAACCTAGCTATTGATATGCGGTGATTGACCTACTTACT  
 CCTTATCGGATAATCAGAAAATCCTTCAAGTAGTCGATAATGTGAGGCGGATTACCGTG  
 ATGGAGCTGGAGACAAAGCCACTCAGATGATTTCTCAGATATTGGAACCCCTAAAAGTA  
 AGGAAGAAGGGTTGATGTCTACATGAACCTAAGGACTTGTGTGTCGATCGAGGAGTAC  
 CAAAAGAAGAAATTCCTTTGTCCATGATGCCAATCTGATGAGAAGAAAACCTCTCTGT  
 CAGCAAGGTCATATGGAGAGTACGGATTCTCATGGCTTCTACGGAAGGAGGGGAA  
 CAGGATTAAACGCTCAATCTCGCATGAAAGCTGTCCACTATTTAGACGTTCCCTGGAGGC  
 CCTCAGACATTGTCCAGCGAAATGGACGACTAATTCAGACAGGAAACATGACACAGGAGG  
 TAGATATTTATCACTATATTAATAAGGGAGCTTTGACAACTTACCTCTGGCAGACGAGG  
 AGAATAAGCTAAAGTATATCACCAGATAATGACCTCAAAAGATCCTGTGAGATCAGCTG  
 AAGACATTGATGAACAAACCATGACCGCTCAGACTTTAAGGCATTGGCAACTGGGAAAC  
 CTATATCTCAAACTCAAAATGGAGTTGGAAAAATGAACCTGACAGTTTATAGAGATCAAAAAC  
 GAGCCTTTAATCGCTCCAAAGACGAGTATCGCCATACCAATTCCTATAGCGAGAAGCACC  
 TCCCTATTTATGGAAAAACGGTTGAGTCAATATGATAAAGATATTGCCCAATCTTTGGCAA  
 CCAAGTCGCAAGATTTTGTCTATGCGATTGACAACTCAAGCAATGGATATCGTGCTGAAG  
 CTGGGAGCTATCTGCGAAACCTCATTAACCTATAACCGCTCAGAGACCAAGGAAGTCAGGA  
 CACTTGCAGCTTTAGAGGATTTGATTTAAAAATGACTACACGAGGTGCTAGTGAGCCCT  
 TACCAGAAACCAATTTCTTTAATGATTTAGGTGATAACCAAGTATAGTGTGCGCCTTGATT  
 TGAAATCAGACGTGGGAACCATTCACCGGATTAGTAATGCCATTGACCATATTATAGATG  
 ACCAAGAAAGACGCAAGAGCTGGTAAAGGATTTAAAGATAAGCTACAGTAGCCAAAG  
 TAGAAGTTGATAAAGTCTTTCCAAAGGAAGAGGACTATCAGCTTGTAAAGGCTAAGTATG  
 ATGTTTATGCTCCCTGGTTGAAAAGAAAGCAGAGATTGAAGAGATAGATGCAGCTTTGG  
 CCAAGTTTAGTGAAGATACAACACCCCAAGGAAGCAAAATAGCACTCGAGATA

SEQ ID. NO. 7002

STRAIN H36B

GGAGGGAAATGAATCAAGAAGTCTTACTACAAATGAT  
 GAGAGCCACTATTCTCGTGTAGAGCCTTGCTTGAGGCATTTTATATT  
 ACCAAGCAGAGCATTTTGTATGAGGAGTGGGATAGTCTTATTCATCAGTTT  
 ATGACCAATAGGCAAGAAATAAATAGTCTGTTCAAGTACTTCATTTGA  
 GACAGATGTTTCAGCTTTTGTCCAGGCTAGTCCCTATGATACGCTCATG  
 ATCTATTGACCTATACACAAGTTTTCGGCCAAAGTGGTCTTCAAAAACCTA  
 GATAAACTATCGCGCTCGAAAAAACTTGGTGATAGAAGTGGCCTTGT  
 CAATCTGGCCACTCGTTTTCATTTATTTGATTCCAATGGACACTACCAA  
 CCATATCGCCGATTCACTCTTACAAAAGAGTAGGGGAGCTAATTTGGTC  
 AATGTTGATCGTGTGGCTAATAATTTAGCGGATCGTATTAGTCGAGATAT  
 TGAACAGTTTCTCTTAACCTACGAGCTGAGCTTGAACCTAGAGCTGATG  
 AAACCTGTTCTGAAAAATGAAGAACTGTTGATGAGCACAAAACAGTGT  
 CATCAAGCAATATCTTTTCGAGAAGAGGGCTCTCTGGTTATTTGCTAGTT  
 GGATGTAGATTTGTCTCAACTAGATGTTCAAATAGGAAAAACAGTCATC  
 TGCCAGCTTATGAAGAGTTATCTTACGACGTAAATTTGAGATTCTAACA  
 TATTTTGACCAAAATTCGAAATGAACGTTCCAAAGTCCCAAGTTTATGACG  
 AGGTGATTTTGACACAGAGATGGAATGACACCACTCTTTGATGGGAGG  
 AATTACTTACTTATCTCGAAGCTGATGGCAGTCCCTATGAGCTGAAACGA  
 ACGCTGACTACAGTCGAAGAAAAGGAATTAGAAAAAATGGACAAGCCAT  
 TAGGATAGAAAAATCAAGAAAAATGACTCAGCTAAGKATTGTATTATCTC  
 AGTTTGACCCAGACCGAGTCCGTTATTTATTTGATGACGAGGTCGTYT  
 CGTTTAAWAAATGACAGCTTGTCTCACTAGGTGGTTATCCCAAAGCCTC  
 GGTAACCTCACTAGCCCTTGGCAGACAGAACTACTCCAAATGGGACTAAGTC  
 ATGAAAAGGTTGAATTTTCTTTGGTAGCCAGCTTCCATTGAAGAGCTG  
 CGACAAGTTGCCTACGCCCTTTTACACCAAGAACTCAGCAGAGAAGATGC  
 GGAGCAATTTGAAAAGATAAAGGTAATCAGCCAGATTAACTCTCAGAG  
 ATTGGAAGAACAGCTAGAGAAAAGCTGAGGAAAAGAGTAGTTGATGAA  
 GAATTCGCGGAAAATCCACTGGTTCAGAGAGTATTGGACACTTATCCTCT  
 GGGGTCAATTGGTTTCTTATAAGGGACAGGACTTTGAGGTCATGTCGGTCA  
 GCGATGCTCGATGAACCGTTTGTTCGGATTGAGTTAGTCAATGACTTT  
 TOGGATATCATTTGAACAAAATCCAGTTCTTTATGTGAGGACCTGGGAAGA  
 AGTCAGTCAGGCATTTCTCAGCCAAAGGCAGAACCAACACAGAGTTAG  
 AAGAAGCGGACCAAGAAATTAACCTATTTCTCATTTCTGGAAGAGGAGCTA  
 GTTCAGAGTATTGGACTATTGGAAACAGATGATTAGAAAAATGGTCATAA  
 CGATACGTATCTTGAAGAAAACAGATAATCAAATCCTGAAGAGGAAGTCG  
 TCGAAACAATTCAGAGATTCCAGTAAACGGACTTTTATTTTCCAGAAGAT  
 TTGACCGGACTTTTATCCTAAGACTGCTAGAGATAAGGTTGAGACAAACAT  
 TGTGGCCATTGTTTGGTAAAAATCTAGAAGTAGAGCACCGCAATGCTT  
 CACCAAGTGAACAGAACTCCTTGGCAAGTATGTAGGCTGGGGTGGACTA  
 GCCAATGAATTTTGTGACTATAATCCAAATTTTCTAAGGAACGAGA  
 AGAATGAAGAGCCTAGTCACAGATAAAGAGTATTGCGATATGAAACAGT  
 CCTCCCTGACAGCCTATTACACAGACCCATCCCTGATCCGTCAGATGTGG  
 GATAAGTTGGAAGAGATGGCTTTACAGGTGGCAAAATCCTAGATCCTTC  
 CATGGGAACAGGGAATTTCTTTGCGGCTATGCCAAAACACTTAAGAGAAA  
 AGAGTGAGTTGTATGGCGTAGAGTTAGATACTATTACAGGAGCTATTGCC  
 AAACACCTTATCCCAATAGTCATATTGAAATTAAGGGATTGTAGACGGT  
 GGCTTTTAAACGACAATAGTTTGTATTTGGTGATTTCAAATGTGCCCTTTG

Table 70: Comparative Sequences relating to SAG 1280

CCAATATACGAATTGCGGATAATAGGTACGATAGGCCTTACATGATTTCAT  
 GACTACTTTGTCAAAAAGTCACCTTGATTGCTTCATGATGGTGGACAAGT  
 AGCGATTATCTCTTCCACAGGAAGTATGGATAAGCGAACAGAAAACATCT  
 TACAAGATATTCGTGAGACAAGTGAATTTCTGGTGGGGTTCGACTGCCT  
 GACTCTGCCCTTTAAGGCCATTGCAGGAACGAGTGTCAACCGGATATGTT  
 ATTCTTCCAGAAACACTTAGACAAGGGATATGTGGCAGACGATTTAGCCT  
 TTTCAAGTTCCATTTCGTATGACAAGGATAGTGCATTTGGCTCAATCCT  
 TATTTTGATGGAGAATACAATAGCCAGGTGCTAGGAACCTACGAGGTGAG  
 GAATTTTAACGGAGGAACACTTTCTGTTAAGGGGACTAGTGATGACTTGA  
 TTGCAAGTGTGAAACAGCTCTAAATCAGGTTAAGGCCCAAGAGAGATT  
 GATAGAAATGAGGTTCATTAACCCAGATGTGTTGACCAACAAGTCAA  
 TGATACCTCCATTCCAGCTGAAATGAGGGAATCTAGGTGAGTACAGTT  
 TTGGTTATCAGGGGTCTACAGTTTACTATCGAGATAACAAAGGCATTGCA  
 GTCGGAACCAAGACGGAAGAAATCAGTTACTATGTCGATGAAGAG

SEQ ID. NO. 7003

STRAIN 18RS21

GhAGGGAAATGAATCAAGAAGTCTTACTACAAATGATGAGA  
 GCCACTATTTCCTCGTGATAGAGCCTTGCTTGAGGCATTTTATATTACCA  
 AGCAGAGCATTTTGATGAGGAGTGGGATAGTCTTATTTCATCAGTTTATGA  
 CCAATAGGCAAGAAATAAATAAGTCTGTTCAAGTACTTCACCTTTGAGACA  
 GATGTTTCAGCTTTTGTCCAGGCTAGTCTTATGATACTGCTCATGATCT  
 ATTGACCTATACACAAGTTTTCGGCCAAAGTGGTCTTCAAAAAGTATAGATA  
 AACTATCGCCGCTCTGAAAAAACTTGGTGATAGAAAGTGGCCTTGTTCAAT  
 CTGGCCACTCGTTTCAATTATTTGATTCCAAATGGACACTACCAAAACCAT  
 ATCGCCGAGTTCACCTCTTACAAGAGTAGGGGAGCTAATTTGGTCAATG  
 TGTATCGTGTGGCTAATAAATTTAGCCGATCGTATAGTCGAGATATGAA  
 CAGTTTCTCTTAACCTACGAGCCTGAGCTTGAAACTAGAGCTGATGAAAC  
 TGTCTAGAAAAATGAAGAACTGTTGATGAGCACAAAACAAGTGTTCATC  
 AAGCAATATCTTTTCGAGAAGAGGGCTCTCTGGTTATTGCTAGTTTGGAT  
 GTAGATTGTCTCAACTAGATGTTCAAATAGGAAAAACCAAGTCATCTGCC  
 AGCTTATGAAGAGTTTATCCTTACGACGTAAATTTGAGATTCTAACATATT  
 TTGACCAAAATTCGAAATGAACGTTCCAAAGTCCCAAGTTTTCAGACGAGGT  
 GATTTTGACACAGAGATGGAATGACACCAGTCTTTGATGGCGAGGAATT  
 ACTTACTTATCTCGAAGCTGATGGCAGTCCCTATGAGCTGAAACGAACGC  
 TGACTACAGTcGAAGAAAGGAATTAGAAAAAATTTGGACAAGCCATTAGG  
 ATAGAAAAATCAAGAAAAATTGACTCAGCTAGGGATTGATTATCTCAGTT  
 TGACCCAGACCGAGTGGTATTTATTTGATGTCAGCAGGTGGTTTCGTT  
 TAAAAAATGCAGACCTTGCTTTACTAGGTGGTTATCCCAAAGCCTCGGTA  
 ACTCAACTAGCCCTTGCGACAGAAGTACTCCAAATGGGACTAAGTCATGA  
 AAAGGTTGAATTTTCTTTGGTAGCCAGCTTTCCATTGAAGAGCTGCGAC  
 AAGTTGCCTACGCGCTTTTACCAAGAAGTCTCAGCAGAGAAGATGCGGAG  
 CAATTTGAAAAAGATAAAGGTAAATCAGCCAGATTTAACTCTCAGAGATTG  
 GAAAGCAAGCTAGAGAAAGCTGAGGGAAAGAGTAGTTGATGAAGAAT  
 TCGCGGAAAAATCCACTGGTTTCAGAGAGTATTTGGACACTTATCCTCTGGGG  
 TCATTGGTTTCTATAAGGGACAGGACTTTGAGGTCATGTGGTTCAGCGA  
 TGCTCGATTGAAACGTTTGATTGCGATTGAGTTAGTCAATGACTTTTCGG  
 ATATCATTTGAACAAAATCCAGTTCTTATGTGAGGACCTGGGAAGAAGTC  
 AGTCAGGCACCTTCATCAGCCAAGGCAGAACCAACACAGAGTTAGAGA  
 AGCGGACCAAGAATTAAACCTATTCTCATTCTGGAAGAGGAGCCAGTTTC  
 AGAGTATTTGAGACTATTTGGAACCAAGATGATTGAGAAAATGGTCATAAGAT  
 ACTGATCTTTGAAGAAACAGATAATCAAATTCCTGAAGAGGAAGTCTGCGA  
 AACAAATCCAGAGATTCCAGTAACGGACTTTTATTTCCAGAAAGATTGGA  
 CGGACTTTTATCCTAAGACTGTAGAGATAAGGTTGAGACAAACATTGTG  
 GCCATTCTGTTTGGTAAAAAATCTAGAAGTAGAGCACCCGCAATGCTTCACC  
 AAGTGAACAGAACTCCTTGCCAAAGTATGTAGGCTGGGGTGGACTAGCCA  
 ATGAATTTTGTGATGACTATAATCCAAAATTTTCTAAGGAACGAGAAGAA  
 CTGAAGAGCCTAGTACAGATAAAGAGTATTCGGATATGAAACAGTCTCTC  
 CCTGACAGCCTATTACAGAGCCCATCCTGATCGGTGAGATGTGGGATA  
 AGTTGGAAGAGATGGCTTTACAGGTGGCAAAATCCTAGATCCTTCCATG  
 GGAACAGGGAATTTCTTTGCGCTATGCCAAAACACTTAAGAGAAAAGAG  
 TGAGTTGTATGGCGTAGAGTTAGATATATTACAGGAGCTATTGCCAAAC  
 ACCTTCATCCCAATAGTCATATTGAAATTAAGGGATTGAGACGGTGGCT  
 TTTAACGACAATAGTTTGTATTGGTGATTTCAAATGTGCCCTTTGCCAA  
 TATACGAATTTGCGGATAATAGGTACGATAGGCCTTACATGATTCATGACT  
 ACTTTGTCAAAAAGTCACTTGATTGTCTCATGATGGTGGACAAGTAGCG  
 ATTATCTCTTCCACAGGAAGTATGGATAAGCGAACAGAAAACATCTTACA  
 AGATATTGTCGAGACAACTGAATTTCTTGGTGGGGTTCGACTGCGTGAAT  
 CTGCCCTTAAGGCCATTGCAGGAACGAGTGTCAACCGGATATGTTATTC  
 TTCCAGAAAACCTTAGACAAGGGATATGTGGCAGACGATTTAGCCTTTTC  
 AGGTTCCATTTCGCTATGACAAGGATAGTTCGATTTGGCTCAATCTTATT  
 TTGATGGAGAATACAATAGCCAGGTGCTAGGAACCTACGAGGTGAGGAAT  
 TTTAAACGAGGAACACTTTCTGTTAAGGGGACTAGTGATGACTTGATTGC  
 AAGTGTGAAACAGCTCTAAATCAGTTAAGGCCCAAGAGAGATTGATA  
 GAAATGAGGTTCATTAACCCAGATGTGTTGACCAACAAGTCAATGAT  
 ACCTCCATTCCAGCTGAAATGAGGGAAAAATCAGGTGAGTACAGTTTGG  
 TTATCAGGGGTCTACAGTTTACTATCGAGATAACAAAGGCATTGAGTGC  
 GAACCAAGACGGAAGAAATCAGTTACTATGTCGATGAAGAG

MSA Alignment Results: Pretty output

PRETTY of: /biotmp/msa31161.2(\*) June 20, 2002 10:41 ..



Table 70: Comparative Sequences relating to SAG 1280

msa31161.2{327dNt_2603}	GgAGGGAAAA	TGAATCAAGA	AGTCTTACTA	CAAATGATGA	GAGCCACTAT
msa31161.2{327d_18RS21}	GnAGGGAAAA	TGAATCAAGA	AGTCTTACTA	CAAATGATGA	GAGCCACTAT
msa31161.2{327dNT_H36B}	GgAGGGAAAA	TGAATCAAGA	AGTCTTACTA	CAAATGATGA	GAGCCACTAT
Consensus	..*****	*****	*****	*****	*****
msa31161.2{327dNt_2603}	51				100
msa31161.2{327d_18RS21}	TCCTCGTGAT	AGAGCCTTGC	TTGAGGCATT	TTTATATTAC	CAAGCAGAGC
msa31161.2{327dNT_H36B}	TCCTCGTGAT	AGAGCCTTGC	TTGAGGCATT	TTTATATTAC	CAAGCAGAGC
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa31161.2{327dNt_2603}	101				150
msa31161.2{327d_18RS21}	ATTTTGATGA	GGAGTGGGAT	AGTCTTATTC	ATCAGTTTAT	GACCAATAGG
msa31161.2{327dNT_H36B}	ATTTTGATGA	GGAGTGGGAT	AGTCTTATTC	ATCAGTTTAT	GACCAATAGG
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa31161.2{327dNt_2603}	151				200
msa31161.2{327d_18RS21}	CAAGAAATAA	ATAAGTCTGT	TCAAGTACTT	CACITTGAGA	CAGATGTTTC
msa31161.2{327dNT_H36B}	CAAGAAATAA	ATAAGTCTGT	TCAAGTACTT	CACITTGAGA	CAGATGTTTC
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa31161.2{327dNt_2603}	201				250
msa31161.2{327d_18RS21}	AGCTTTTGTC	CAGGCTAGTC	CTTATGATAC	TGCTCATGAT	CTATTGACCT
msa31161.2{327dNT_H36B}	AGCTTTTGTC	CAGGCTAGTC	CTTATGATAC	TGCTCATGAT	CTATTGACCT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa31161.2{327dNt_2603}	251				300
msa31161.2{327d_18RS21}	ATACACAAGT	TTTCGGCCAA	AGTGGTCTTC	AAAAACTAGA	TAAACTATCG
msa31161.2{327dNT_H36B}	ATACACAAGT	TTTCGGCCAA	AGTGGTCTTC	AAAAACTAGA	TAAACTATCG
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa31161.2{327dNt_2603}	301				350
msa31161.2{327d_18RS21}	CCGTCTGAAA	AAAACCTGGT	GATAGAAGTG	GCCTTGTTCA	ATCTGGCCAC
msa31161.2{327dNT_H36B}	CCGTCTGAAA	AAAACCTGGT	GATAGAAGTG	GCCTTGTTCA	ATCTGGCCAC
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa31161.2{327dNt_2603}	351				400
msa31161.2{327d_18RS21}	TCGTTTTCAA	TTATTGGATT	CCAATGGACA	CTACCAAACC	ATATCGCCGG
msa31161.2{327dNT_H36B}	TCGTTTTCAA	TTATTGGATT	CCAATGGACA	CTACCAAACC	ATATCGCCGG
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa31161.2{327dNt_2603}	401				450
msa31161.2{327d_18RS21}	ATTCACCTCT	ACAAAAGAGT	AGGGGAGCTA	ATTGGGTCAA	TGTGTATCGT
msa31161.2{327dNT_H36B}	ATTCACCTCT	ACAAAAGAGT	AGGGGAGCTA	ATTGGGTCAA	TGTGTATCGT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa31161.2{327dNt_2603}	451				500
msa31161.2{327d_18RS21}	GTGGCTAATA	ATTTAGCGGA	TCGTATTAGT	CGAGATATTG	AACAGTTTCT
msa31161.2{327dNT_H36B}	GTGGCTAATA	ATTTAGCGGA	TCGTATTAGT	CGAGATATTG	AACAGTTTCT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa31161.2{327dNt_2603}	501				550
msa31161.2{327d_18RS21}	CTTAACCTTAC	GAGCCTGAGC	TTGAAACTAG	AGCTGATGAA	ACTGTTCTAG
msa31161.2{327dNT_H36B}	CTTAACCTTAC	GAGCCTGAGC	TTGAAACTAG	AGCTGATGAA	ACTGTTCTAG
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa31161.2{327dNt_2603}	551				600
msa31161.2{327d_18RS21}	AAAATGAAGA	AACGTGTGAT	GAGCACAAAA	CAAGTGTTC	TCAAGCAATA
msa31161.2{327dNT_H36B}	AAAATGAAGA	AACGTGTGAT	GAGCACAAAA	CAAGTGTTC	TCAAGCAATA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa31161.2{327dNt_2603}	601				650
msa31161.2{327d_18RS21}	TCTTTTCGAG	AAGAGGGCTC	TCTGGTTATT	GCTAGTTTGG	ATGTAGATTT
msa31161.2{327dNT_H36B}	TCTTTTCGAG	AAGAGGGCTC	TCTGGTTATT	GCTAGTTTGG	ATGTAGATTT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa31161.2{327dNt_2603}	651				700
msa31161.2{327d_18RS21}	GTCTCAACTA	GATGTTCAAA	TAGGAAAAAC	CAGTCATCTG	CCAGCTTATG
msa31161.2{327dNT_H36B}	GTCTCAACTA	GATGTTCAAA	TAGGAAAAAC	CAGTCATCTG	CCAGCTTATG
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****

Table 70: Comparative Sequences relating to SAG 1280

msa31161.2{327dNt_2603}	701	AAGAGTTATC	CITACGACGT	AAATTGAGA	TTCTAACATA	TTTTGACCAA
msa31161.2{327d_18RS21}		AAGAGTTATC	CITACGACGT	AAATTGAGA	TTCTAACATA	TTTTGACCAA
msa31161.2{327dNT_H36B}		AAGAGTTATC	CITACGACGT	AAATTGAGA	TTCTAACATA	TTTTGACCAA
Consensus		*****	*****	*****	*****	*****
msa31161.2{327dNt_2603}	751	ATTGAAATG	AACGTTCCAA	AGTCCCAAGT	TTTAGACGAG	GTGATTTTGA
msa31161.2{327d_18RS21}		ATTGAAATG	AACGTTCCAA	AGTCCCAAGT	TTTAGACGAG	GTGATTTTGA
msa31161.2{327dNT_H36B}		ATTGAAATG	AACGTTCCAA	AGTCCCAAGT	TTTAGACGAG	GTGATTTTGA
Consensus		*****	*****	*****	*****	*****
msa31161.2{327dNt_2603}	801	CACAGAGATG	GAAATGACAC	CAGTCITTGA	TGGCGAGGAA	TTACTTACTT
msa31161.2{327d_18RS21}		CACAGAGATG	GAAATGACAC	CAGTCITTGA	TGGCGAGGAA	TTACTTACTT
msa31161.2{327dNT_H36B}		CACAGAGATG	GAAATGACAC	CAGTCITTGA	TGGCGAGGAA	TTACTTACTT
Consensus		*****	*****	*****	*****	*****
msa31161.2{327dNt_2603}	851	ATCTCGAAGC	TGATGGCAGT	CCCTATGAGC	TGAAACGAAC	GCTGACTACA
msa31161.2{327d_18RS21}		ATCTCGAAGC	TGATGGCAGT	CCCTATGAGC	TGAAACGAAC	GCTGACTACA
msa31161.2{327dNT_H36B}		ATCTCGAAGC	TGATGGCAGT	CCCTATGAGC	TGAAACGAAC	GCTGACTACA
Consensus		*****	*****	*****	*****	*****
msa31161.2{327dNt_2603}	901	GTCGAAGAAA	AGGAATTAGA	AAAAATTGGA	CAAGCCATTA	GGATAGAAAA
msa31161.2{327d_18RS21}		GTCGAAGAAA	AGGAATTAGA	AAAAATTGGA	CAAGCCATTA	GGATAGAAAA
msa31161.2{327dNT_H36B}		GTCGAAGAAA	AGGAATTAGA	AAAAATTGGA	CAAGCCATTA	GGATAGAAAA
Consensus		*****	*****	*****	*****	*****
msa31161.2{327dNt_2603}	951	TCAAGAAAAA	TTGACTCAGC	TagGgATTGa	TTTATCTCAG	TTTGACCCAG
msa31161.2{327d_18RS21}		TCAAGAAAAA	TTGACTCAGC	TagGgATTGa	TTTATCTCAG	TTTGACCCAG
msa31161.2{327dNT_H36B}		TCAAGAAAAA	TTGACTCAGC	TasGkATTGr	TTTATCTCAG	TTTGACCCAG
Consensus		*****	*****	**-_*-****-	*****	*****
msa31161.2{327dNt_2603}	1001	ACCGAGTCGG	TATTTTATTG	gATGCAGCAG	GTCGTtTTCG	TTTAaAaAAT
msa31161.2{327d_18RS21}		ACCGAGTCGG	TATTTTATTG	gATGCAGCAG	GTCGTtTTCG	TTTAaAaAAT
msa31161.2{327dNT_H36B}		ACCGAGTCGG	TATTTTATTG	kATGCAGCAG	GTCGTyTTCG	TTTAwAwAAT
Consensus		*****	*****	*****	*****	*****
msa31161.2{327dNt_2603}	1051	GCAGACCTTG	CITtACTAGG	TGTTTATCCC	AAAGCCTCGG	TAACTCAACT
msa31161.2{327d_18RS21}		GCAGACCTTG	CITtACTAGG	TGTTTATCCC	AAAGCCTCGG	TAACTCAACT
msa31161.2{327dNT_H36B}		GCAGACCTTG	CITtACTAGG	TGTTTATCCC	AAAGCCTCGG	TAACTCAACT
Consensus		*****	***_*-*****	*****	*****	*****
msa31161.2{327dNt_2603}	1101	AGCCCTTGCG	ACAGAACTAC	TCCAAATGGG	ACTAAGTCAT	GAAAAGGTTG
msa31161.2{327d_18RS21}		AGCCCTTGCG	ACAGAACTAC	TCCAAATGGG	ACTAAGTCAT	GAAAAGGTTG
msa31161.2{327dNT_H36B}		AGCCCTTGCG	ACAGAACTAC	TCCAAATGGG	ACTAAGTCAT	GAAAAGGTTG
Consensus		*****	*****	*****	*****	*****
msa31161.2{327dNt_2603}	1151	AAITTTTCTT	TGGTAGCCAG	CTTTCCATTG	AAGAGCTGCG	ACAAGTTGCC
msa31161.2{327d_18RS21}		AAITTTTCTT	TGGTAGCCAG	CTTTCCATTG	AAGAGCTGCG	ACAAGTTGCC
msa31161.2{327dNT_H36B}		AAITTTTCTT	TGGTAGCCAG	CTTTCCATTG	AAGAGCTGCG	ACAAGTTGCC
Consensus		*****	*****	*****	*****	*****
msa31161.2{327dNt_2603}	1201	TACGCCTTTT	TATACCAAGA	ACTCAGCAGA	GAAGATGCGG	AGCAATTGGA
msa31161.2{327d_18RS21}		TACGCCTTTT	TATACCAAGA	ACTCAGCAGA	GAAGATGCGG	AGCAATTGGA
msa31161.2{327dNT_H36B}		TACGCCTTTT	TATACCAAGA	ACTCAGCAGA	GAAGATGCGG	AGCAATTGGA
Consensus		*****	**-_*-*****	*****	*****	*****
msa31161.2{327dNt_2603}	1251	AAAAGATAAA	GGTAATCAGC	CAGATTTAAC	TCTCAGAGAT	TGGAAAAGCA
msa31161.2{327d_18RS21}		AAAAGATAAA	GGTAATCAGC	CAGATTTAAC	TCTCAGAGAT	TGGAAAAGCA
msa31161.2{327dNT_H36B}		AAAAGATAAA	GGTAATCAGC	CAGATTTAAC	TCTCAGAGAT	TGGAAAAGCA
Consensus		*****	*****	*****	*****	*****
msa31161.2{327dNt_2603}	1301	AGCTAGAGAA	AGCTGAGGGA	AAAGAAGTAG	TTGATGAAGA	ATTGCGGGAA
msa31161.2{327d_18RS21}		AGCTAGAGAA	AGCTGAGGGA	AAAGAAGTAG	TTGATGAAGA	ATTGCGGGAA
msa31161.2{327dNT_H36B}		AGCTAGAGAA	AGCTGAGGGA	AAAGAAGTAG	TTGATGAAGA	ATTGCGGGAA
Consensus		*****	*****	*****	*****	*****
msa31161.2{327dNt_2603}	1351	AATCCACTGG	TTTACAGAGT	ATTGGACACT	TATCCTCTGG	GGTCATTGGT
msa31161.2{327d_18RS21}		AATCCACTGG	TTTACAGAGT	ATTGGACACT	TATCCTCTGG	GGTCATTGGT
msa31161.2{327dNT_H36B}		AATCCACTGG	TTTACAGAGT	ATTGGACACT	TATCCTCTGG	GGTCATTGGT
Consensus		*****	*****	*****	*****	*****

Table 70: Comparative Sequences relating to SAG 1280

msa31161.2{327dNt_2603}	msa31161.2{327d_18RS21}	msa31161.2{327dNT_H36B}	Consensus	1401	1450
				TTCCTATAAG GGACAGGACT TTGAGGTCAT GTCGGTCAGC GATGCTCGAT	TTCCTATAAG GGACAGGACT TTGAGGTCAT GTCGGTCAGC GATGCTCGAT
				TTCCTATAAG GGACAGGACT TTGAGGTCAT GTCGGTCAGC GATGCTCGAT	TTCCTATAAG GGACAGGACT TTGAGGTCAT GTCGGTCAGC GATGCTCGAT
				*****	*****
msa31161.2{327dNt_2603}	msa31161.2{327d_18RS21}	msa31161.2{327dNT_H36B}	Consensus	1451	1500
				TGAACGGTTT GATTCGGATT GAGTTAGTCA ATGACTTTTC GGATATCATT	TGAACGGTTT GATTCGGATT GAGTTAGTCA ATGACTTTTC GGATATCATT
				TGAACGGTTT GATTCGGATT GAGTTAGTCA ATGACTTTTC GGATATCATT	TGAACGGTTT GATTCGGATT GAGTTAGTCA ATGACTTTTC GGATATCATT
				*****	*****
msa31161.2{327dNt_2603}	msa31161.2{327d_18RS21}	msa31161.2{327dNT_H36B}	Consensus	1501	1550
				GAACAAAATC CAGTTCTTTA TGTGAGGACC TGGGAAGAAG TCAGTCAGGC	GAACAAAATC CAGTTCTTTA TGTGAGGACC TGGGAAGAAG TCAGTCAGGC
				GAACAAAATC CAGTTCTTTA TGTGAGGACC TGGGAAGAAG TCAGTCAGGC	GAACAAAATC CAGTTCTTTA TGTGAGGACC TGGGAAGAAG TCAGTCAGGC
				*****	*****
msa31161.2{327dNt_2603}	msa31161.2{327d_18RS21}	msa31161.2{327dNT_H36B}	Consensus	1551	1600
				ACTTCATCAG CCAAAGGCAG AACCACAAAC AGAGTTAGAA GAAGCGGACC	ACTTCATCAG CCAAAGGCAG AACCACAAAC AGAGTTAGAA GAAGCGGACC
				ACTTCATCAG CCAAAGGCAG AACCACAAAC AGAGTTAGAA GAAGCGGACC	ACTTCATCAG CCAAAGGCAG AACCACAAAC AGAGTTAGAA GAAGCGGACC
				*****	*****
msa31161.2{327dNt_2603}	msa31161.2{327d_18RS21}	msa31161.2{327dNT_H36B}	Consensus	1601	1650
				AAGAATTAAA CCTATTCTCA TTCTGGAAG AGGAGCAGT TCAGAGTATT	AAGAATTAAA CCTATTCTCA TTCTGGAAG AGGAGCAGT TCAGAGTATT
				AAGAATTAAA CCTATTCTCA TTCTGGAAG AGGAGCAGT TCAGAGTATT	AAGAATTAAA CCTATTCTCA TTCTGGAAG AGGAGCAGT TCAGAGTATT
				*****	*****
msa31161.2{327dNt_2603}	msa31161.2{327d_18RS21}	msa31161.2{327dNT_H36B}	Consensus	1651	1700
				GGACTATTGG AACCAGATGA TTCAGAAAAT GGTCAATACG ATACTGATCT	GGACTATTGG AACCAGATGA TTCAGAAAAT GGTCAATACG ATACTGATCT
				GGACTATTGG AACCAGATGA TTCAGAAAAT GGTCAATACG ATACTGATCT	GGACTATTGG AACCAGATGA TTCAGAAAAT GGTCAATACG ATACTGATCT
				*****	*****
msa31161.2{327dNt_2603}	msa31161.2{327d_18RS21}	msa31161.2{327dNT_H36B}	Consensus	1701	1750
				TGAAGAAACA GATAATCAAA TTCCTGAAGA GGAAGTCGTC GAAACAATTC	TGAAGAAACA GATAATCAAA TTCCTGAAGA GGAAGTCGTC GAAACAATTC
				TGAAGAAACA GATAATCAAA TTCCTGAAGA GGAAGTCGTC GAAACAATTC	TGAAGAAACA GATAATCAAA TTCCTGAAGA GGAAGTCGTC GAAACAATTC
				*****	*****
msa31161.2{327dNt_2603}	msa31161.2{327d_18RS21}	msa31161.2{327dNT_H36B}	Consensus	1751	1800
				CAGAGATTCC AGTAACGGAC TTTTATTTTC CAGAAGATTT GACGGACTTT	CAGAGATTCC AGTAACGGAC TTTTATTTTC CAGAAGATTT GACGGACTTT
				CAGAGATTCC AGTAACGGAC TTTTATTTTC CAGAAGATTT GACGGACTTT	CAGAGATTCC AGTAACGGAC TTTTATTTTC CAGAAGATTT GACGGACTTT
				*****	*****
msa31161.2{327dNt_2603}	msa31161.2{327d_18RS21}	msa31161.2{327dNT_H36B}	Consensus	1801	1850
				TATCCTAAGA CTGCTAGAGA TAAGGTTGAG ACAACATTG TGGCCATTCC	TATCCTAAGA CTGCTAGAGA TAAGGTTGAG ACAACATTG TGGCCATTCC
				TATCCTAAGA CTGCTAGAGA TAAGGTTGAG ACAACATTG TGGCCATTCC	TATCCTAAGA CTGCTAGAGA TAAGGTTGAG ACAACATTG TGGCCATTCC
				*****	*****
msa31161.2{327dNt_2603}	msa31161.2{327d_18RS21}	msa31161.2{327dNT_H36B}	Consensus	1851	1900
				TTTGGTAAAA AATCTAGAAG TAGAGCACCG CAATGCTTCA CCAAGTGAAC	TTTGGTAAAA AATCTAGAAG TAGAGCACCG CAATGCTTCA CCAAGTGAAC
				TTTGGTAAAA AATCTAGAAG TAGAGCACCG CAATGCTTCA CCAAGTGAAC	TTTGGTAAAA AATCTAGAAG TAGAGCACCG CAATGCTTCA CCAAGTGAAC
				*****	*****
msa31161.2{327dNt_2603}	msa31161.2{327d_18RS21}	msa31161.2{327dNT_H36B}	Consensus	1901	1950
				AAGAACTCCT TGCCAAGTAT GTAGGCTGGG GTGGACTAGC CAATGAATTT	AAGAACTCCT TGCCAAGTAT GTAGGCTGGG GTGGACTAGC CAATGAATTT
				AAGAACTCCT TGCCAAGTAT GTAGGCTGGG GTGGACTAGC CAATGAATTT	AAGAACTCCT TGCCAAGTAT GTAGGCTGGG GTGGACTAGC CAATGAATTT
				*****	*****
msa31161.2{327dNt_2603}	msa31161.2{327d_18RS21}	msa31161.2{327dNT_H36B}	Consensus	1951	2000
				TTTGATGACT ATAATCCAAA ATTTTCTAAG GAACGAGAAG AACTGAAGAG	TTTGATGACT ATAATCCAAA ATTTTCTAAG GAACGAGAAG AACTGAAGAG
				TTTGATGACT ATAATCCAAA ATTTTCTAAG GAACGAGAAG AACTGAAGAG	TTTGATGACT ATAATCCAAA ATTTTCTAAG GAACGAGAAG AACTGAAGAG
				*****	*****
msa31161.2{327dNt_2603}	msa31161.2{327d_18RS21}	msa31161.2{327dNT_H36B}	Consensus	2001	2050
				CCTAGTCACA GATAAAGAGT ATTCGGATAT GAAACAGTCC TCCCTGACAG	CCTAGTCACA GATAAAGAGT ATTCGGATAT GAAACAGTCC TCCCTGACAG
				CCTAGTCACA GATAAAGAGT ATTCGGATAT GAAACAGTCC TCCCTGACAG	CCTAGTCACA GATAAAGAGT ATTCGGATAT GAAACAGTCC TCCCTGACAG
				*****	*****
msa31161.2{327dNt_2603}	msa31161.2{327d_18RS21}	msa31161.2{327dNT_H36B}	Consensus	2051	2100
				CCTATTACAC AGACCCATCC CTGATCCGTC AGATGTGGGA TAAGTTGGAA	CCTATTACAC AGACCCATCC CTGATCCGTC AGATGTGGGA TAAGTTGGAA
				CCTATTACAC AGACCCATCC CTGATCCGTC AGATGTGGGA TAAGTTGGAA	CCTATTACAC AGACCCATCC CTGATCCGTC AGATGTGGGA TAAGTTGGAA
				*****	*****

Table 70: Comparative Sequences relating to SAG 1280

Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
	2101				2150
msa31161.2{327dNt_2603}	AGAGATGGCT	TTACAGGTGG	CAAAATCCTA	GATCCTTCCA	TGGGAACAGG
msa31161.2{327d_18RS21}	AGAGATGGCT	TTACAGGTGG	CAAAATCCTA	GATCCTTCCA	TGGGAACAGG
msa31161.2{327dNT_H36B}	AGAGATGGCT	TTACAGGTGG	CAAAATCCTA	GATCCTTCCA	TGGGAACAGG
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
	2151				2200
msa31161.2{327dNt_2603}	GAATTTCTTT	GCGGCTATGC	CAAAACACTT	AAGAGAAAAG	AGTGAGTTGT
msa31161.2{327d_18RS21}	GAATTTCTTT	GCGGCTATGC	CAAAACACTT	AAGAGAAAAG	AGTGAGTTGT
msa31161.2{327dNT_H36B}	GAATTTCTTT	GCGGCTATGC	CAAAACACTT	AAGAGAAAAG	AGTGAGTTGT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
	2201				2250
msa31161.2{327dNt_2603}	ATGGCGTAGA	GTTAGATACT	ATTACAGGAG	CTATTGCCAA	ACACCTTCAT
msa31161.2{327d_18RS21}	ATGGCGTAGA	GTTAGATACT	ATTACAGGAG	CTATTGCCAA	ACACCTTCAT
msa31161.2{327dNT_H36B}	ATGGCGTAGA	GTTAGATACT	ATTACAGGAG	CTATTGCCAA	ACACCTTCAT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
	2251				2300
msa31161.2{327dNt_2603}	CCCAATAGTC	ATATTGAAAT	TAAGGGATT	GAGACGGTGG	CTTTTAACGA
msa31161.2{327d_18RS21}	CCCAATAGTC	ATATTGAAAT	TAAGGGATT	GAGACGGTGG	CTTTTAACGA
msa31161.2{327dNT_H36B}	CCCAATAGTC	ATATTGAAAT	TAAGGGATT	GAGACGGTGG	CTTTTAACGA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
	2301				2350
msa31161.2{327dNt_2603}	CAATAGTTT	GATTTGGTGA	TTTCAAATGT	GCCCTTTGCC	AATATACGAA
msa31161.2{327d_18RS21}	CAATAGTTT	GATTTGGTGA	TTTCAAATGT	GCCCTTTGCC	AATATACGAA
msa31161.2{327dNT_H36B}	CAATAGTTT	GATTTGGTGA	TTTCAAATGT	GCCCTTTGCC	AATATACGAA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
	2351				2400
msa31161.2{327dNt_2603}	TTGCGGATAA	TAGGTACGAT	AGGCCTTACA	TGATTCATGA	CTACTTTGTC
msa31161.2{327d_18RS21}	TTGCGGATAA	TAGGTACGAT	AGGCCTTACA	TGATTCATGA	CTACTTTGTC
msa31161.2{327dNT_H36B}	TTGCGGATAA	TAGGTACGAT	AGGCCTTACA	TGATTCATGA	CTACTTTGTC
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
	2401				2450
msa31161.2{327dNt_2603}	AAAAAGTCAC	TTGATTTGCT	TCATGATGGT	GGACAAGTAG	CGATTATCTC
msa31161.2{327d_18RS21}	AAAAAGTCAC	TTGATTTGCT	TCATGATGGT	GGACAAGTAG	CGATTATCTC
msa31161.2{327dNT_H36B}	AAAAAGTCAC	TTGATTTGCT	TCATGATGGT	GGACAAGTAG	CGATTATCTC
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
	2451				2500
msa31161.2{327dNt_2603}	TTCCACAGGA	ACTATGGATA	AGCGAACAGA	AAACATCTTA	CAAGATATTC
msa31161.2{327d_18RS21}	TTCCACAGGA	ACTATGGATA	AGCGAACAGA	AAACATCTTA	CAAGATATTC
msa31161.2{327dNT_H36B}	TTCCACAGGA	ACTATGGATA	AGCGAACAGA	AAACATCTTA	CAAGATATTC
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
	2501				2550
msa31161.2{327dNt_2603}	GTGAGACAAC	TGAATTTCTT	GGTGGGGTTC	GACTGCCTGA	CTCTGCCCTT
msa31161.2{327d_18RS21}	GTGAGACAAC	TGAATTTCTT	GGTGGGGTTC	GACTGCCTGA	CTCTGCCCTT
msa31161.2{327dNT_H36B}	GTGAGACAAC	TGAATTTCTT	GGTGGGGTTC	GACTGCCTGA	CTCTGCCCTT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
	2551				2600
msa31161.2{327dNt_2603}	AAGGCCATTG	CAGGAACGAG	TGTCACAACG	GATATGTTAT	TCITCCAGAA
msa31161.2{327d_18RS21}	AAGGCCATTG	CAGGAACGAG	TGTCACAACG	GATATGTTAT	TCITCCAGAA
msa31161.2{327dNT_H36B}	AAGGCCATTG	CAGGAACGAG	TGTCACAACG	GATATGTTAT	TCITCCAGAA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
	2601				2650
msa31161.2{327dNt_2603}	ACACTTAGAC	AAGGGATATG	TGGCAGACGA	TTTAGCCTTT	TCAGGTTCCA
msa31161.2{327d_18RS21}	ACACTTAGAC	AAGGGATATG	TGGCAGACGA	TTTAGCCTTT	TCAGGTTCCA
msa31161.2{327dNT_H36B}	ACACTTAGAC	AAGGGATATG	TGGCAGACGA	TTTAGCCTTT	TCAGGTTCCA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
	2651				2700
msa31161.2{327dNt_2603}	TTGCGTATGA	CAAGGATAGT	CGCATTTGGC	TCAATCCCTA	TTTTGATGGA
msa31161.2{327d_18RS21}	TTGCGTATGA	CAAGGATAGT	CGCATTTGGC	TCAATCCCTA	TTTTGATGGA
msa31161.2{327dNT_H36B}	TTGCGTATGA	CAAGGATAGT	CGCATTTGGC	TCAATCCCTA	TTTTGATGGA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
	2701				2750
msa31161.2{327dNt_2603}	GAATACAATA	GCCAGGTGCT	AGGAACCTAC	GAGGTCAGGA	ATTTTAACGG
msa31161.2{327d_18RS21}	GAATACAATA	GCCAGGTGCT	AGGAACCTAC	GAGGTCAGGA	ATTTTAACGG
msa31161.2{327dNT_H36B}	GAATACAATA	GCCAGGTGCT	AGGAACCTAC	GAGGTCAGGA	ATTTTAACGG
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
	2751				2800
msa31161.2{327dNt_2603}	AGGAACACTT	TCTGTTAAGG	GGACTAGTGA	TGACTTGATT	GCAAGTGTG
msa31161.2{327d_18RS21}	AGGAACACTT	TCTGTTAAGG	GGACTAGTGA	TGACTTGATT	GCAAGTGTG

Table 70: Comparative Sequences relating to SAG 1280

msa31161.2{327dnt_H36B}	AGGAACACTT TCTGTAAAGG GGACTAGTGA TGACTTGATT GCAAGTGTG	
Consensus	*****	*****
msa31161.2{327dnt_2603}	2801	2850
msa31161.2{327d_18RS21}	AAACAGCTCT AAATCACGTT AAGGCCCAA GAGAGATTGA TAGAAATGAG	
msa31161.2{327dnt_H36B}	AAACAGCTCT AAATCACGTT AAGGCCCAA GAGAGATTGA TAGAAATGAG	
Consensus	*****	*****
msa31161.2{327dnt_2603}	2851	2900
msa31161.2{327d_18RS21}	GTCATCATT ACCCAGATGT GTTGACCAA CAAGTCAATG ATACCTCCAT	
msa31161.2{327dnt_H36B}	GTCATCATT ACCCAGATGT GTTGACCAA CAAGTCAATG ATACCTCCAT	
Consensus	*****	*****
msa31161.2{327dnt_2603}	2901	2950
msa31161.2{327d_18RS21}	TCCAGCTGAA ATGAGGGAAA ATCTAGGTCA GTACAGTTT GGTATCAGG	
msa31161.2{327dnt_H36B}	TCCAGCTGAA ATGAGGGAAA ATCTAGGTCA GTACAGTTT GGTATCAGG	
Consensus	*****	*****
msa31161.2{327dnt_2603}	2951	3000
msa31161.2{327d_18RS21}	GGTCTACAGT TACTATCGA GATAACAAAG GCATTGAGT CGGAACCAAG	
msa31161.2{327dnt_H36B}	GGTCTACAGT TACTATCGA GATAACAAAG GCATTGAGT CGGAACCAAG	
Consensus	*****	*****
msa31161.2{327dnt_2603}	3001	3033
msa31161.2{327d_18RS21}	ACGGAAGAAA TCAGTTACTA TGTCGATGAA GAG	
msa31161.2{327dnt_H36B}	ACGGAAGAAA TCAGTTACTA TGTCGATGAA GAG	
Consensus	*****	***

## SEQ ID. NO. 7004

## STRAIN H36B frame: 1

GGKMNQEVLLQMMRATIPDRALLEAFLLYYQAEHFDEWDSLIHQFMTNRQEIINKSVQVL  
 HFETDVSAFVQASPYDTAHDLLTYTQVFGQSGQLDKLSPSEKNLVIEVALFNLATRFQ  
 LLDNSNGHYQTISPDSLLQKSRGANLVNVRVANNLADRI SRDIEQFLITYEPELETRADE  
 TVLENBETVDEHKT SVHQAI SFREEGSLVIA SLDVDLSQLDVQIGKTSHPAYEELSRR  
 KFEILTYFDQIRNERSKVPSPFRGDFDTEMENTPVFDGEBLLTYLEADGSPYELKRTLT  
 VEEKELEKIQAIRIENQEKLTQLXIXLSQFDPDRVGILLXAGRXRLKNADLASLGYP  
 KASVTQLALATELLQMGSLSHEKVEFFFGSLSI EELRQVAYAFHQLSREDAEQFEKDK  
 GNQPDLTLRDWKSKLEKAEKGVVDEEFAENPLVQVRVLDITYPLGSLVSYKGQDFEVMVS  
 DARLNGLRIRIELVNDPDSIIEQNPLVYVRTWEEVSQALHQPKEPQTELEADQELNLF  
 FLEELVQSIGLLPDDSENGHNDTLEETDNQIP EEEVETIPEIPVTDIFYFPEDLTD  
 YPKTARDKVETNI VAILRVKNLEVEHRNASPSEQELLAKYVGWGLANEFFDDYNPKFSK  
 EREELKSLVTDKEYSDMKQSSLTAYTDP SLIRQMWDKLERDGTGGKILDPMTGNGFF  
 AAMPKHLREKSELYGVELDTITGAI AKHLHPNSHIEIKGFETVAFNDNSFDLVISNVPFA  
 NRIADNRDRPYMIHDYFVKSLDLLHDGGQVAIISSTGMDKRTENILQDIRETTEFL  
 GGVRLPDSAFKALAGTSVTTDMLFFQKHLDKGYVADDLAFSGSIRYDKDSRIWLNPFYFDG  
 EYNSQVLGTVEVRNFGGTL SVKGTSDDLIASVETALNHVKAPREIDRNEVI INPDVLTK  
 QVNDTSIPAEMRENLCQYSFGYQGSTVYVRDNKGIRVGTKEEISYYVDEE

## SEQ ID. NO. 7005

## STRAIN 18RS21 frame: 1

GGKMNQEVLLQMMRATIPDRALLEAFLLYYQAEHFDEWDSLIHQFMTNRQEIINKSVQVL  
 HFETDVSAFVQASPYDTAHDLLTYTQVFGQSGQLDKLSPSEKNLVIEVALFNLATRFQ  
 LLDNSNGHYQTISPDSLLQKSRGANLVNVRVANNLADRI SRDIEQFLITYEPELETRADE  
 TVLENBETVDEHKT SVHQAI SFREEGSLVIA SLDVDLSQLDVQIGKTSHPAYEELSRR  
 KFEILTYFDQIRNERSKVPSPFRGDFDTEMENTPVFDGEBLLTYLEADGSPYELKRTLT  
 VEEKELEKIQAIRIENQEKLTQLGIDLSQFDPDRVGILLDAAGRFLKNADLALLGGYP  
 KASVTQLALATELLQMGSLSHEKVEFFFGSLSI EELRQVAYAFHQLSREDAEQFEKDK  
 GNQPDLTLRDWKSKLEKAEKGVVDEEFAENPLVQVRVLDITYPLGSLVSYKGQDFEVMVS  
 DARLNGLRIRIELVNDPDSIIEQNPLVYVRTWEEVSQALHQPKEPQTELEADQELNLF  
 FLEELVQSIGLLPDDSENGHNDTLEETDNQIP EEEVETIPEIPVTDIFYFPEDLTD  
 YPKTARDKVETNI VAILRVKNLEVEHRNASPSEQELLAKYVGWGLANEFFDDYNPKFSK  
 EREELKSLVTDKEYSDMKQSSLTAYTDP SLIRQMWDKLERDGTGGKILDPMTGNGFF  
 AAMPKHLREKSELYGVELDTITGAI AKHLHPNSHIEIKGFETVAFNDNSFDLVISNVPFA  
 NRIADNRDRPYMIHDYFVKSLDLLHDGGQVAIISSTGMDKRTENILQDIRETTEFL  
 GGVRLPDSAFKALAGTSVTTDMLFFQKHLDKGYVADDLAFSGSIRYDKDSRIWLNPFYFDG  
 EYNSQVLGTVEVRNFGGTL SVKGTSDDLIASVETALNHVKAPREIDRNEVI INPDVLTK  
 QVNDTSIPAEMRENLCQYSFGYQGSTVYVRDNKGIRVGTKEEISYYVDEE

## SEQ ID. NO. 7006

## STRAIN 2603 frame: 1

GGKMNQEVLLQMMRATIPDRALLEAFLLYYQAEHFDEWDSLIHQFMTNRQEIINKSVQVL  
 HFETDVSAFVQASPYDTAHDLLTYTQVFGQSGQLDKLSPSEKNLVIEVALFNLATRFQ  
 LLDNSNGHYQTISPDSLLQKSRGANLVNVRVANNLADRI SRDIEQFLITYEPELETRADE  
 TVLENBETVDEHKT SVHQAI SFREEGSLVIA SLDVDLSQLDVQIGKTSHPAYEELSRR  
 KFEILTYFDQIRNERSKVPSPFRGDFDTEMENTPVFDGEBLLTYLEADGSPYELKRTLT  
 VEEKELEKIQAIRIENQEKLTQLGIDLSQFDPDRVGILLDAAGRFLKNADLALLGGYP  
 KASVTQLALATELLQMGSLSHEKVEFFFGSLSI EELRQVAYAFHQLSREDAEQFEKDK  
 GNQPDLTLRDWKSKLEKAEKGVVDEEFAENPLVQVRVLDITYPLGSLVSYKGQDFEVMVS

Table 70: Comparative Sequences relating to SAG 1280

DARLNGLIRIELVNDPDSII EQNPVLYVRTWEEVSQALHQPKAEPQTELEBDAQELNLF  
 FLEEEpVQSIGLLPDDSENHNDTDLSEETDNQIPEEEVETIPEIPVTDYFPPEDLTDF  
 YPKTARDKVETNIVAIRLVKNLEVEHRNASPSEQELLAKYVVGWGLANEFFDDYNPKFSK  
 EREELKSLVTDKEYSDMKQSSLTAYYTDPSLIRQMWDKLERDGTGGKILDPMSGTGNFF  
 AAMPKHLREKSELYGVELDTITGAIKHLHPNSHIEIKGFETVAFNDNSFDLVISNVPPA  
 NIRIADNRYDRPYMIHDFVVKSLDLLHGGQVAIISSGTMDKRTENILQDIRETTEFL  
 GGVRLPDSAFKAIAGTSTVTDMLFFQKHLDKGYVADDLAFSGSIRYDKDSRIWLNPFYDG  
 EYNSQVLGTYEVRNFGGTLVSKGTSDDLIAVETALNHVKAPREIDRNEVIINPDVLT  
 QVNDTSIPAEEMRENLGQYSFGYQGSTVYRDNKGIRVGTKEBISYYVDEE

PRETTY of: /biotmp/msa23816.2(\*) June 20, 2002 11:04 ..

msa23816.2{327dnt_H36B}	1	50
msa23816.2{327dnt_2603}	gGKMNQEVLL QMMRATIPRD RALLEAFLLY QAEHFDEEWD SLIHQFMTNR	
msa23816.2{327d_18RS21}	gGKMNQEVLL QMMRATIPRD RALLEAFLLY QAEHFDEEWD SLIHQFMTNR	
Consensus	*****	
msa23816.2{327dnt_H36B}	51	100
msa23816.2{327dnt_2603}	QEINKSVQVL HFETDVSAFV QASPYDTAHD LLTYTQVFGQ SGLQKLDKLS	
msa23816.2{327d_18RS21}	QEINKSVQVL HFETDVSAFV QASPYDTAHD LLTYTQVFGQ SGLQKLDKLS	
Consensus	*****	
msa23816.2{327dnt_H36B}	101	150
msa23816.2{327dnt_2603}	PSEKQLVIEV ALFNLATRFQ LLDSNGHYQT ISPDSLQKS RGANLVNVYR	
msa23816.2{327d_18RS21}	PSEKQLVIEV ALFNLATRFQ LLDSNGHYQT ISPDSLQKS RGANLVNVYR	
Consensus	*****	
msa23816.2{327dnt_H36B}	151	200
msa23816.2{327dnt_2603}	VANNLADRI RDIEQFLLTY EPELETRADE TVLENEETVD EHKTSVHQAI	
msa23816.2{327d_18RS21}	VANNLADRI RDIEQFLLTY EPELETRADE TVLENEETVD EHKTSVHQAI	
Consensus	*****	
msa23816.2{327dnt_H36B}	201	250
msa23816.2{327dnt_2603}	SFREEGSLVI ASLDVDLSQL DVQIGKTSHL PAYBELSLRR KFEILTYFDQ	
msa23816.2{327d_18RS21}	SFREEGSLVI ASLDVDLSQL DVQIGKTSHL PAYBELSLRR KFEILTYFDQ	
Consensus	*****	
msa23816.2{327dnt_H36B}	251	300
msa23816.2{327dnt_2603}	IRNERSKVPS FRRGDFDTEM EMTVPVFDGEE LLTYLEADGS PYELKRTLIT	
msa23816.2{327d_18RS21}	IRNERSKVPS FRRGDFDTEM EMTVPVFDGEE LLTYLEADGS PYELKRTLIT	
Consensus	*****	
msa23816.2{327dnt_H36B}	301	350
msa23816.2{327dnt_2603}	VEEKELEKIG QAIRIENQEK LTQLxIdLSQ FDPDRVIGILL xAAGRxcRLxN	
msa23816.2{327d_18RS21}	VEEKELEKIG QAIRIENQEK LTQLgIdLSQ FDPDRVIGILL dAAGRERLkN	
Consensus	*****	
msa23816.2{327dnt_H36B}	351	400
msa23816.2{327dnt_2603}	ADLALGGYP KASVTQLALA TELLQMGLSH EKVEFFFGSQ LSIEELRQVA	
msa23816.2{327d_18RS21}	ADLALGGYP KASVTQLALA TELLQMGLSH EKVEFFFGSQ LSIEELRQVA	
Consensus	*****	
msa23816.2{327dnt_H36B}	401	450
msa23816.2{327dnt_2603}	YAFhQELSR EDABQFEKDK GNQPDLTLRD WSKLEKAEG KEVVDEEFAR	
msa23816.2{327d_18RS21}	YAFhQELSR EDABQFEKDK GNQPDLTLRD WSKLEKAEG KEVVDEEFAR	
Consensus	*****	
msa23816.2{327dnt_H36B}	451	500
msa23816.2{327dnt_2603}	NPLVQRVLDY YPLGSLVSYK GODFEVMSVS DARLNGLIRI ELVNDPDSII	
msa23816.2{327d_18RS21}	NPLVQRVLDY YPLGSLVSYK GODFEVMSVS DARLNGLIRI ELVNDPDSII	
Consensus	*****	
msa23816.2{327dnt_H36B}	501	550
msa23816.2{327dnt_2603}	EQNPVLYVRT WEEVSQALHQ PKAEPQTELE BDAQELNLF FLEEEpVQSI	
msa23816.2{327d_18RS21}	EQNPVLYVRT WEEVSQALHQ PKAEPQTELE BDAQELNLF FLEEEpVQSI	
Consensus	*****	
msa23816.2{327dnt_H36B}	551	600
msa23816.2{327dnt_2603}	GLLEPDDSEN GHNDTDLSEET DNQIPEEEV ETIPEIPVTD FYFPEDLTDF	
msa23816.2{327d_18RS21}	GLLEPDDSEN GHNDTDLSEET DNQIPEEEV ETIPEIPVTD FYFPEDLTDF	
Consensus	*****	

Table 70: Comparative Sequences relating to SAG 1280

msa23816.2 {327dNT_H36B}	601				650
	YPKTARDKVE	TNIVAIRLVK	NLEVEHRNAS	PSEQELLAKY	VGWGGLANEF
	msa23816.2 {327dNT_2603}	YPKTARDKVE	TNIVAIRLVK	NLEVEHRNAS	PSEQELLAKY
	msa23816.2 {327d_18RS21}	YPKTARDKVE	TNIVAIRLVK	NLEVEHRNAS	PSEQELLAKY
	Consensus	*****	*****	*****	*****
msa23816.2 {327dNT_H36B}	651				700
	FDDYNPKFSK	EREELKSLVT	DKEYSDMKQS	SLTAYYTDPS	LIRQMWDKLE
	msa23816.2 {327dNT_2603}	FDDYNPKFSK	EREELKSLVT	DKEYSDMKQS	SLTAYYTDPS
	msa23816.2 {327d_18RS21}	FDDYNPKFSK	EREELKSLVT	DKEYSDMKQS	SLTAYYTDPS
	Consensus	*****	*****	*****	*****
msa23816.2 {327dNT_H36B}	701				750
	RDGFTGGKIL	DPSMG TG NFF	AAMPKHLREK	SELYGVELDT	ITGAI AKHLH
	msa23816.2 {327dNT_2603}	RDGFTGGKIL	DPSMG TG NFF	AAMPKHLREK	SELYGVELDT
	msa23816.2 {327d_18RS21}	RDGFTGGKIL	DPSMG TG NFF	AAMPKHLREK	SELYGVELDT
	Consensus	*****	*****	*****	*****
msa23816.2 {327dNT_H36B}	751				800
	PNSHIEIKGF	ETVAFNDNSF	DLVISNVPFA	NIRIADNRYD	RPYMIHDYFV
	msa23816.2 {327dNT_2603}	PNSHIEIKGF	ETVAFNDNSF	DLVISNVPFA	NIRIADNRYD
	msa23816.2 {327d_18RS21}	PNSHIEIKGF	ETVAFNDNSF	DLVISNVPFA	NIRIADNRYD
	Consensus	*****	*****	*****	*****
msa23816.2 {327dNT_H36B}	801				850
	KKSLDLLHDG	GQVAIISSTG	TMDKRTENIL	QDIRETTEFL	GGVRLPDSAF
	msa23816.2 {327dNT_2603}	KKSLDLLHDG	GQVAIISSTG	TMDKRTENIL	QDIRETTEFL
	msa23816.2 {327d_18RS21}	KKSLDLLHDG	GQVAIISSTG	TMDKRTENIL	QDIRETTEFL
	Consensus	*****	*****	*****	*****
msa23816.2 {327dNT_H36B}	851				900
	KAIAGTSVTT	DMLFFQKHL D	KGYVADDLAF	SGSIRYDKDS	RIWLNPYFDG
	msa23816.2 {327dNT_2603}	KAIAGTSVTT	DMLFFQKHL D	SGSIRYDKDS	RIWLNPYFDG
	msa23816.2 {327d_18RS21}	KAIAGTSVTT	DMLFFQKHL D	SGSIRYDKDS	RIWLNPYFDG
	Consensus	*****	*****	*****	*****
msa23816.2 {327dNT_H36B}	901				950
	EYNSQVLGTY	EVRNFNGGTL	SVKGTSDDLI	ASVETALNHV	KAPREIDRNE
	msa23816.2 {327dNT_2603}	EYNSQVLGTY	EVRNFNGGTL	SVKGTSDDLI	ASVETALNHV
	msa23816.2 {327d_18RS21}	EYNSQVLGTY	EVRNFNGGTL	SVKGTSDDLI	ASVETALNHV
	Consensus	*****	*****	*****	*****
msa23816.2 {327dNT_H36B}	951				1000
	VIINPDVLTK	QVNDTSIPAE	MRENLGQYSF	GYQGSTVYYR	DNKGIRVGTK
	msa23816.2 {327dNT_2603}	VIINPDVLTK	QVNDTSIPAE	MRENLGQYSF	GYQGSTVYYR
	msa23816.2 {327d_18RS21}	VIINPDVLTK	QVNDTSIPAE	MRENLGQYSF	GYQGSTVYYR
	Consensus	*****	*****	*****	*****
msa23816.2 {327dNT_H36B}	1001	1011			
	TEEISYYVDE	E			
	msa23816.2 {327dNT_2603}	TEEISYYVDE	E		
	msa23816.2 {327d_18RS21}	TEEISYYVDE	E		
	Consensus	*****	*		

Table 71: Comparative Sequences relating to SAG1333

SEQ ID NO. 7101

STRAIN 2603

ATGAAAAAGAAAATTTATTTGAAAAGTAGTGTCTTGGTTTAGTCGCTGGGACTTCTATT  
 ATGTTCTCAAGCGTGTTCGCGGACCAAGTCGGTGTCCAAGTTATAGCGTCAATGACTTT  
 CATGGTGCACTTGACAACTACTGGAACAGCAAAATATGCCTGATGGAAGGTTGCTAATGCT  
 GGTA CTGCTGCTCAATTAGATGCTTATATGGATGACGCTCAAAAAGATTTCAAACAAACT  
 AACCCTAATGGTGAAAGCATTAGGGTTCAAGCAGGCGATATGGTTGGAGCAAGTCCAGCC  
 AACTCTGGGCTTCTTCAAGATGAACCACTGTCAAAAATTTTAAATGCAATGAATGTTGAG  
 TATGGGCACATTGGGTAAACCATGAATTTGATGAAGGGTTGGCAGAATATAATCGTATCGTT  
 ACTGGTAAAGCCCTGCTCCAGATTCTAATATTAAATAATTACGAAATCATACCCACAT  
 GAAGCTGCAAAAACAGAAATTTAGTGGCAAATGTTATTGATAAAGTTAAACAAACAAAT  
 CCTTACAATTTGAAGCCTTACGCTATTAAAAATATTCTGTAAATAACAAAAGTGTGAAC  
 GTTGGCTTTATCGGGATTGTCAACAAAGACATCCCAAACCTTGTCTTACGTAAAAATTAT  
 GAACAAATATGAATTTTAGATGAAGCTGAACAACTCGTTAAATACGCCAAAGAAATACAA  
 GCTAAATATGTCAAAGCTATTGTAGTTCTCGCACATGTACCTGCAACAAGTAAAAATGAT  
 ATTGCTGAAGGTGAAGCAGCAGAAATGATGAAAAAGTCAATCAACTCTTCCCTGAAAAAT  
 AGCGTAGATATTGTCTTGTCTGGACACAATCATCAATATACAAATGGTCTTGTGTGTA  
 AACTCGTATTGTACAGCGCTCTCTCAAGGAAAAGCCTATGCTGATGTACGTGGTGTCTTA  
 GATACTGATACACAAGATTTCATTGAGACCCCTTCAGCTAAAGTAAATGCAAGTTGCTCTCT  
 GGTAAAAAACAGGTAGTGCCGATATTCAAGCCATTGTTGACCAAGCTAATACTATCGTT  
 AAACAAGTAAACAGAACTAAAAATTTGGTACTGCCAGGTAAAGTGTATGATTACGCGTTCT  
 GTTGATCAAGATAATGTTAGTCCGGTAGGCGCTCATCACAGAGGCTCAACTAGCAATT  
 GCTCGAAAAGCTGGCCAGATATCGATTGTGCCATGACAAATAATGGTGGCATTCGTGCT  
 GACTTACTCATCAAACAGATGGAACCAATCACCTGGGGAGCTGCACAAGCAGTTCAACCT  
 TTTGGTAAATCTTACAAGTCGTGCAAAATTAAGTGTAGATCTTTATAAGCACTCAAC  
 GAACAAATACGACCAAAAACAAAATTTCTTCTTCAATAGCTGGTCTGCGATACACTTAC  
 ACAGATAATAAGAGGGGGGGGGAAGAAACCAATTTAAAGTTGTAAAAGCTTATAATCA  
 AATGGTGAGGAAATCAATCTGTATGCAAAATACAAATTAGTTATCAATGACTTTTATTC  
 GGTGGTGGTATGGCTTTGCAAGCTTCAGAAATGCCAACTCTAGGAGCCATTAAACCC  
 GATACAGAGGTATTATGGGCTATATCACTGATTAGAAAAAGCTGGTAAAAAGTGAAC  
 GTTCCAAATAATAAACCTTAAATCTATGTCACTATGAAGATGGTTAATGAACTATTACA  
 CAAATGATGGTACACATAGCATTATTAAAGAACTTTATTAGATCGACAAGGAAATATT  
 GTAGCACAAGAGATTGTATCAGACACTTAAACCAACAAAATCAAAATCTACAAAATC  
 AACCTGTAACTACAATTACAAAAACCAATTACCAATTTACAGCTATTAAACCTATG  
 AGAAATTTAGGCAAAACCATCAACTCCACTACTGTAAAATCAAAACAAATACCAAAAACA  
 AACTCTGAATATGGACAATCATTCCTTATGTCTGTCTTGGTGTGGACTTATAGGAATT  
 GCTTTAAATACAAAGAAAAACATATGAAA

SEQ ID NO. 7102

STRAIN 090

AAGTCGGTGTCCAAGTTATAGCGTCAATGACTTTTCATGGTGCACTTGAC  
 AATACTGGAACAGCAAAATATGCCTGACGGAAGGTTACTAATGCTGGCAC  
 TGCTGTCTCAATTAGATGCTTATATGGATGATGCTCAAAAAGATTTCAAAC  
 AAATTAACCCCTAATGGTGAAAGCATTAGAGTTCAAGCTGGTGATATGGTT  
 GGAGCAAGTCCAGCTAACTCAGGGCTTCTTCAAGATGAACCAACCGTTAA  
 AACATTAAATGCAATGAATGTTGAGTATGGCACATTAGGTAACCATGAAT  
 TTGATGAAGGTTTGGCAGAATACAAATCGTATCGTTACTGGAAGGCCCCCT  
 GCTCCAGATTCTAATATAAATAATATTACGAAATCATACCCACACGGAAGC  
 TGCAAAAACAGAAATTTAGTGGCAAAAGTTATTGATAAAGTTAAACAAAC  
 AAATCCCTTACAATTGGAACCTTACGCTATTAAAAATATTCTGTAAAT  
 AACAAAGTGTGAACGTTGGCTTTATCGGAATCGTTACCAAGACATCCC  
 AAACCTTGTCTTACGTAAAAATTTATGAACAAATGAATTTTATAGATGAAG  
 CTGAACAATCGTTAAATACGCCAAAGAAATTAACAGCTAAAAATGTCAAG  
 GCTATTGTAGTCTTGTCTCATGTACCTGCAACAAGCAAGGATGATATTGC  
 TGAAGGTGAAGCAGCAGAAATGATGAAAAAGTCAATCAACTCTTCCCTG  
 AAAATAGCGTAGATATTGTCTTGTCTGGACACAATCATCAATATACAAAT  
 GGTCTTGTGGTGAAGAACTCGCATTTGTACAAAGCGCTCTCTCAAGGAAAAGC  
 CTATGCTGACGTACGTGGTGTCTTAGATACATGATACACAAGATTTCTATTG  
 AAACCCCTTCAAGTAAAGTAGTTGCAAGTTGCTCTGTTAAAAAACAGGT  
 AGTGGCGATATTCAAGCCATTGTTGACCAAGCTAATCTATCGTTAAACA  
 AGTAACAGAAGCTAAATTTGGTACTGCCAGGTAAAGTGGCATGATTACGC  
 GTTCTGTTGATCAAGATAATGTTAGTCCAGTAGGCAGCCTCATCACAGAG  
 GCTCAACTAGCAATTTGCTCGAAAAGCTGGCCAGATATCGATTTTGCCAT  
 GACAAATAATGGTGGCATTCTGTCTGACTTACTCATCAAAACAGATGGAA  
 CAATCACTGGGGAGCTGCACAAGCAGTTCAACCTTTTGGTAAATATCTTA  
 CAAGTCGTGCAAAATTAAGTGTAGAGATCTTTATAAAGCACTCAACGAACA  
 ATACGACCAAAAACAAAATTTCTTCTTCAATAGCTGGTCTGCGATACA  
 CTTACACAGATAATAAGAGGGCGGAGAAGAAACCAATTTAAAGTTGTA  
 AAAGCTTATAAATCAATGGTGAAGAAATCAATCTGATGCAAAATACAA  
 ATTAGTTATCAATGACTTTTATTTCGGTGGTGGTGGTGGCTTTGCAAGCT  
 TCAGAAATGCCAACTTCTAGGAGCCATTAAATCCCGATACAGAGGTATT  
 ATGGCCTATATCACTGATTAGAAAAAGCTGGTAAAAAGTGAAGGTTCC  
 AAATAATAAACCTAAAAATCTATGTCACTATGAAGATGGTTAATGAACTA  
 TTACACAAAATGATGGTACACATAGCATTATTAAAGAACTTTATTAGAT  
 CGACAGGAAATATTGTAGCACAAGAGATTGTATCAGACACTTTAAACCA  
 AACAAATCAAAATCTACAAAATCAACCTGTAACTACAATTCACAAA  
 AACRAATTACCAATTTACAGCTATTAAACCTTATGAGAAATTTATGGCAAA  
 CCATCAACCTCCACTACTGTAAAAATCAAAACAA

SEQ ID NO. 7103

STRAIN A909

GGGTCAATGACTTTTCATGGTGCCTTGACAATACTGGAACAGCAAAATATG  
 CCTGACGGAAGGTTACTAATGCTGGCACTGCTGCTCAATTAGATGCTTA



Table 71: Comparative Sequences relating to SAG1333

TATGGATGATGCTCAAAAAGATTTCAAACAACTAACCCCTAATGGTGAAA  
GCATTAGAGTTCAAGCTGGTGATATGGTTGGAGCAAGTCCAGCTAACTCA  
GGGCTTCTTCAAGATGAACCAACCGTTAAAAACATTTAATGCAATGAATGT  
TGAGTATGGCACATTAGGTAACCATGAATTTGATGAAGGTTTGGCAGAAT  
ACAATCGTATCGTTACTGGAAAGGCCCTGCTCCaGaTTCTAATATAAAT  
AATATTACGAAATCATACCCACACGAAGCTGCAAAACAAAGAAATGTAGT  
GGCAAACGTTATTGATAAAGTTAAACAAACAAATCCCTTACAATGGAAAC  
CTTACACTATTAAAAATATTCTGTAAATAACAAAGTGTGAACGTTGGC  
TTTATCGGAATCGTTACCAAGACATCCCAACCTTGTCTTACGTAAAAA  
TTATGAACAATATGAATTTTAGATGAAGCTGAAACAATCGTTAAATACG  
CCAAAGAATTACAAGCTAAAAATGTCAAGGCTATTGTAGTCTTGTCTCAT  
GTACCTGCAACAAGCAAGGATGATATTGCTGAAGGTGAAGCAGCAGAAAT  
GATGAAAAAAGTCAATCAACTCTTCCCTGAAAAATAGCGTAGATATTGTCT  
TTGTGAGACACAATCATCAATATACAAATGGTCTTGTGGTAAAACTCGT  
ATTGTACAAGCGCTCTCTCAAGGAAAAGCCTATGCTGATGTACGTGGTGT  
CCTAGATACGTACACAAAGATTTCAATGAAACCCCTTCAGCTAAAGTAA  
TTGCAGTTGCTCCTGGTAAAAAACAGGTAGTGCCGATATTCAAGCCATT  
GTTGACCAAGCTAATACTATCGTTAAACAAAGTAACAGAAGCTAAAATTGG  
TACTGCCGAGGTAAAGTGGCATGATTACGCGTTCTGTGATCAAGATAATG  
TTAGTCCGCTAGGCAGCCTCATCAAGAGGCTCAACTAGCAATTGTCTGA  
AAAAGCTGGCCAGATATCGATTTTGCCATGACAAATATGTGGCATTGCG  
TGCTGACTTACTCATCAACCCAGATGGAACAATCACCTGGGAGCTGCAC  
AAGCAGTTCAACCTTTTGGTAAATCTTACAAGTCGTGAAATTAAGTGGT  
AGAGATCTTTATAAAGCACTCAACGAACATAACGACAAAAACAAATTT  
CTTCTTCAAAATAGCTGGTCTGCGATACACTTACACAGATAATAAAGAGG  
GCGGGGAAGAAACACCAATTTAAAGTTGTAAAGCTTATAAATCAAAATGGT  
GAGGAATCAATCCTGATGCAAAATACAAATTAAGTTATCAATGACTTTTT  
ATTCCGTGGTGGTGATGGCTTTGCAAGCTTCAGAAATGCCAACTCTAG  
GAGCCATTAAATCCGATACAGAGGTATTTATGGCTATATCACTGATTTA  
GAAAAGCTGGTAAAAAAGTGAGCGTTTCAAAATAATAAACCTAAAACTA  
TGTCACTATGAAGATGGTTAATGAACTATTACACAAATGATGGTACAT  
ATAGCATTATTAAGAACTTTATTTAGATCGACAGGAAATATTTAGCA  
CAAGAGATTGTATCAGACACTTTAAACCAACAAATCAAAATCTACAA  
AATCAACCTGTAACTACAATTCAAAAAACAAATACCAATTTACAG  
CTATTAAACCTATGAGAAATTTATGGCAACCATCAACTCCACTACTGTA  
AAATCAAAACAA

SEQ ID NO. 7104

STRAIN H36B

CCAAGTCGGTGTCCAAGTTATAGGCGTCAATGACTTTTATGGTGCCTTG  
ACAATACTGGAAACAGCAAAATATGCCCTGACGGAAGGTTACTAATGCTGGC  
ACTGCTGCTCAATTAGATGCTTATATGGATGATGCTCAAAAAGATTTCAA  
ACAACTAACCCCTAATGGTGAAGCATTAGAGTTCAAGCTGGTGATATGG  
TTGGAGCAAGTCCAGCTAACTCAGGCTTCTTCAAGATGAACCAACCGTT  
AAAACTTTAATGCAATGAATGTTAGATATGGCAGTATAGGTAAACCATGA  
ATTGATGAAGGTTTGGCAGAAATACAATCGTATCGTTACTGGAAAGGCC  
CTGCTCCAGATTCTAATATAAATAATATTACGAAATCATACCCACACGAA  
GCTGCAAAACAGAAATTTAGTGGCAACGTTATTGATAAAGTTAAACAA  
ACAAATCCCTTACAATTTGGAACCTTACACTATTAAAAATATCTCTGTAA  
ATAACAAAGTGTGAACGTTGGCTTTATCGGAATCGTTACCAAGACATC  
CCAAACCTTGTCTTACGTAAAAATTTATGAACAATATGAATTTTAGATGA  
AGCTGAACCAATCGTTAAATACGCCAAGAAATTACAAGCTAAAAATGTCA  
AGGCTATTGTAGTCTTGTCTCATGTAGCTGCAACAAGCAAGGATGATATT  
GCTGAAGGTGAAGCAGCAGAAATGATGAAAAAAGTCAATCAACTCTTCCC  
TGAAAAATAGCGTAGATATTGTCTTGTCTGGACACAATCATCAATATACAA  
ATGGTCTTGTGGTAAAACTCGTATTGTACAAGCGCTCTCTCAAGGAAAA  
GCCTATGCTGATGTACGTGGTGTCTTAGATACTGATACACAAGATTTCAT  
TGAAACCCCTTCAGCTAAAGTAAATGCAAGTTGCTCCTGGTAAAAAAGCAG  
GTAGTCCGATATTCAAGCCATTGTTGACCAAGCTAATACTATCGTTAA  
CAAGTAACAGAAGCTAAAAATTTGTTACTGCCGAGGTAAGTGGCATGATTAC  
GCGTTCTGTTGATCAAGATAATGTTAGTCCGGTAGGCAGCCTCATCACAG  
AGGCTCAACTAGCAATTTGCTCGAAAAAGCTGGCCAGATATCGATTTTGGC  
ATGACAAATATGTTGGCATTCTGCTGACTTACTCATCAACCCAGATGG  
AACAAATCACTGGGAGCTGCACAAGCAGTTCAACCTTTTGGTAAATCTCT  
TACAAGTCTGCGAAATTAATGTTAGATCTTTATAAAGCACTCAACGAA  
CAATACGACCAAAAAACAAATTTCTTCTTCAAAATAGCTGGTCTGCGATA  
CACTTACACAGATAATAAAGAGGGCGGGGAAGAAACACCAATTTAAAGTTG  
TAAAGCTTATAAATCAAAATGGTGAAGAAATCAATCCTGATGCAAAATAC  
AAATAGTTATCAATGACTTTTATTCTGGTGGTGGTGGTGGTCTTGGCAAG  
CTTCAGAAATGCCAACTTCTAGGAGCCATTAAATCCGATACAGAGGTAT  
TTATGGCTATATCACTGATTTAGAAAAAGCTGGTAAAAAAGTGAAGCTT  
CCAAATATAAACCCTAAAAATCTATGTCACTATGAAGATGGTTAATGAAC  
TATTACACAAATGATGGTACATATAGCATTATTAAAGAACTTTATTAG  
ATGCAAGGAAATATTTAGTACCAAGAGATTGTATCAGACACTTTAAAC  
CAACAAAAATCAAAATCTACAAAAATCAACCTGTAACTACAATTCACAA  
AAAACAATTACCACTTACAGCTATTAAACCTATGAGAAATTTATGGCA  
AACCATCAACTCCACTACTGTAAATCAAA

SEQ ID NO. 7105

STRAIN 18RS21

GAACCAAGTCGGTGTCCAAGTTATAGGCGTCAATGACTTTTC  
ATGGTGCACCTTGACAAATCTGGAACAGCAAAATATGCCCTGACGGAAGGTT  
AnTAATGCTGGCACTGCTGCTCAATTAGATGCTTATATGGATGATGCTCA

Table 71: Comparative Sequences relating to SAG1333

AAAAGATTTCAAACAACTAACCCCTAATGGTGAAAGCATTAGAGTTCAAG  
 CTGGTGATATGGTTGGAGCAAGTCCAGCTAACTCAGGCTCTCTCAAGAT  
 GAACCAACCGTTAAACATTTAATGCAATGAATGTTGAGTATGGCACCATT  
 AGGTAAACCATGAATTTGATGAAGGTTTGGCAGAATACAATCGTATCGTTA  
 CTGGAAAGGCCCTGCTCCAGATTCTAATATAAATAATATTACGAAATCA  
 TACCCACAGCAAGCTGCAAAACAAGAAATTTGATGTGGCAACCGTTATTGA  
 TAAAGTTAAACAAACAAATCCCTTACAATTGGAAACCTTACACTATTAAAA  
 ATATTCTGTAAATAACAAAGTGTGAACGTTGGCTTTATCGGAATCGTT  
 ACCAAAGACATCCCAACCTTGTCTTACGTAAAAATATGAACCAATATGA  
 ATTTTATGATGAAGCTGAAACAATCGTTAAATACGCCAAAGAATTACAAG  
 CTAAAAATGTCAAGGCTATTGTAGTCTCTGCTCATGTACCTGCAACAAGC  
 AAGGATGATATTGCTGAAGGTGAAGCAGCAGAAATGATGAAAAAAGTCAA  
 TCAACTCTTCCCTGAAAAATAGCGTAGATATTGTCTTTGCTGGACACAATC  
 ATCAATATACAAATGGTCTTGTGGTAAAACTCGTATTGTACAGCGCTC  
 TCTCAAGGAAAAAGCCTATGCTGATGTACGTGGTGTCTAGATACTGATAC  
 ACAAGATTTCAATGAAACCCCTTCAGCTAAAGTAATTCAGTGTGCTCCTG  
 GTAAAAAACAAGGTAGTGGCCGATATTCAAGCCATTGTTGACCAAGCTAAT  
 ACTATCGTTAAACAAGTAACAGAAGCTAAAAATGGTACTGCCAGGTAAG  
 TGGCATGATTACGCGTTCTGTTGATCAAGATAATGTTAGTCCGCTAGGCA  
 GCCTCATCACAGAGGCTCAACTAGCAATTTGCTGAAAAAGCTGGCCAGAT  
 ATCGATTTTGGCCATGACAAAAATAATGGTGGCAATTCGTGCTGACTTACTCAT  
 CAAACAGATGGAACCAATCACTGGGGAGCTGCACAAGCAGTTCAACCTT  
 TTGGTAATATCTTACAAGTCTGAAAAATTAAGTGTAGAGATCTTTATAAA  
 GCACCTCAACGAACAATACGACCAAAAAACAAATTTCTTCCTTCAAATAGC  
 TGGTCTGCGATACACTTACACAGATAATAAGAGGGCGGGGAAGAAACAC  
 CATTAAAGTTGTAAAGCTTATAAATCAAATGGTGAGGAAATCAATCCT  
 GATGCAAAATACAAATAGTTATCAATGACTTTTATTTCGGTGGTGGTGA  
 TGGCTTTTGAAGCTTCAAGAAATGCCAAACTTCTAGGAGCCATTAAATCCCG  
 ATACAGAGGTATTTATGGCCTATATCACTGATTTAGAAAAAGCTGGTAAA  
 AAAGTGAGCGTTTCAAATAATAAACCTAAATCTATGTCACTATGAAGAT  
 GGTAAATGAAACTATTACACAAATGATGGTACATATAGCATTATTAAGA  
 AACTTTATTAGATCGACAAGGAAATTTGTAGCACAAGAGATTGTATCA  
 GACACTTTAAACCAAAACAAATCAAATCTACAAAAATCAACCTGTAAAC  
 TACAATTCAAAAAACAAATTACACCAATTTACAGCTATTAAACCTATGA  
 GAAATTTATGGCAACCATCAAACTCCACTACTGTAAAAATCAAAA

SEQ ID NO. 7106

STRAIN M732

ACCAAGTCGGTGTCCTCAAGTTATAGGCGTCAATGACTTTTCATGGTGCACTT  
 GACAATACTGGAACAGCAAAATATGCTGACGGAAGTTACTAATGCTGG  
 CACTGCTGCTCAATTAGATGCTTATATGGATGATGCTCAAAAAGATTCA  
 AACAACTAACCCCTAATGGTGAAGCATTAGAGTTCAAGCTGGTGATATG  
 GTTGGAGCAAGTCCAGCTAACTCAGGCTCTCTCAAGATGAACCAACCGT  
 TAAACATTTAATGCAATGAATGTTGAGTATGGCAGTATAGGTAACCATG  
 AATTTGATGAAGGTTTGGCAGAATACAATCGTATCGTTACTGGAAGGCC  
 CCGTCTCCAGATTCTAATATAAATAATATTACGAAATCATACCCACAGA  
 AGCTGCAAAACAAGAAATTTGATGTGGCAACGTTATTGATAAAGTTAACA  
 AACAAATCCCTTACAATTGGAACCTTACACTATTAAAAATATTCTGTA  
 AATAACAAAAGTGTGAACGTTGGCTTTATCGGAATCGTTACCAAGACAT  
 CCCAAACCTTGTCTTACGTAAAAATTTAGAACAAATATGAATTTTATGATG  
 AAGCTGAAACCAATCGTTAATACGCCAAAGAAATTCAAGCTAAAAATGTC  
 AAGGCTATTGTAGTCTTGTCTCATGTACCTGCAACAAGCAAGGATGATAT  
 TGCTGAAGGTGAAGCAGCAGAAATGATGAAAAAAGTCAATCAACTCTTCC  
 CTGAAAAATAGGTAGATATTGTCTTGTGCTGGACACAATCATCAATATACA  
 AATGGTCTTGTGGTAAAACTCGTATTGTACAAGCGCTCTCTCAAGGAAA  
 AGCCTATGCTGATGTACGTTGCTTCTAGATACTGATACACAGATTTC  
 TTGAAACCCCTTCAAGCTAAAGTAATGTCAGTTGCTCTCTGTTAAAAAACA  
 GGTAGTGGCGATATTCAAGCAATTTGTGACCAAGCTAATACTATCGTTAA  
 ACAAGTAACAGAAGCTAAAAATTTGTTACTGCGAGGTAAGTGGCATGATTA  
 CGGCTTCTGTTGATCAAGATAATGTTAGTCCGGTAGGCAGCCTCATCACA  
 GAGGCTCAACTAGCAATTTGCTGAAAAAGCTGGCCAGATATCGATTTTGC  
 CATGACAAATAATGGTGGCATTGCTGCTGACTTACTCATCAAAACAGATG  
 GAACAATCACTGGGGAGCTGCACAAGCAGTTCAACCTTTTGGTAATATC  
 TTACAAGTCGTGAAATTAAGTGTAGAGATCTTTATAAAGCACTCAACGA  
 ACAATACGACCAAAAAACAAATTTCTTCTTCAAAATAGCTGGTCTGCGAT  
 ACACCTTACACAGATAATAAGAGGGCGGGGAAGAAACACCAATTTAAAGTT  
 GTAAAAGCTTATAAATCAAATGGTGAAGGAAATCAATCTGATGCAAAATA  
 CAAATTAGTTATCAATGACTTTTATTTCGGTGGTGGTGGTGGCTTTGCAA  
 GCTTCAGAAATGCCAACTTCTAGGAGCCATTAAATCCCGATACAGAGGTA  
 TTTATGGCTATATCACTGATTTAGAAAAAGCTGGTAAAAAAGTGAGCAT  
 TCCAAATAATAAACCTAAATCTATGTCACTATGAAGATGTTAATGAAA  
 CTATTACACAAATGATGGTACATATAGCATTATTAAGAACTTTATTTA  
 GATCGACAAGGAAATATTGTAGCACAAGAGATTGTATCAGACACTTTAAA  
 CCAACCAAAATCAAATCTACAAAAATCAACCTGTAACTACAATTACACA  
 AAAACAATTACACCAATTTACAGCTATTAAACCTATGAGAAATATGGC  
 AAACCATCAACTCCACTACTGTAAAAATCAAAACA

SEQ ID NO. 7107

STRAIN COH1

ACCAAGTCGGTGTCCTCAAGTTATAGGCGTCAATGACTTTTCATGGTGCACTT  
 GACAATACTGGAACAGCAAAATATGCTGACGGAAGTTACTAATGCTGG  
 CACTGCTGCTCAATTAGATGCTTATATGGATGATGCTCAAAAAGATTTC  
 AACAACTAACCCCTAATGGTGAAGCATTAGAGTTCAAGCTGGTGATATG

Table 71: Comparative Sequences relating to SAG1333

GTTGGAGCAAGTCCAGCTAACTCAGGGCTTCTTCAAGATGAACCAACCGT  
 TAAAAACATTAAATGCAATGAATGTTGAGTATGGCACATTAGGTAAACCATG  
 AATTGTGATGAAGTTTGGCAGAATACAATCGTATCGTTACTGGAAAGGCC  
 CCTGCTCCAGATTCTAATATAAATAATATTACGAAATCATACCCACACGA  
 AGCTGCAAAACAAGAAATTTAGTAGTGGCAACGTTATTGATAAAGTTAACA  
 AACCAATCCCTTACAATTTGGAACCTTACACTATTAATAAATATTCTGTGA  
 AATAACAAAAGTGTGAACGTTGGCTTTATCGGAATCGTTACCAAGACAT  
 CCCAAACCTTGTCTTACGTAAAAATTTATGAACAATATGAATTTTTAGATG  
 AAGCTGAAACAATCGTTAAATACGCCAAAGAAATFACAAGCTAAAAATGTC  
 AAGGCTATTGTAGTCCCTTGTCTCATGTACCTGCAACAAGCAAGGATGATAT  
 TGCTGAAGGTGAAGCAGCAGAAATGATGAAAAAGTCAATCAACTCTTCC  
 CTGAAAATAGCGTAGATATTGTCTTTGCTGGACACAATCATCAATATACA  
 AATGGTCTTGTGTTGGTAAACTCGTATTGTACAAAGCGCTCTCTCAAGGAAA  
 AGCCTATGCTGATGTACGTGGTGTCTTAGATACTGATACACAAGATTTCA  
 TTGAACCCCTTCAGCTAAAGTAATTCAGTTGCTCCTGGTAAAAAACA  
 GGTAGTGGCGATATTCAAGCCATTGTGACCAAGCTAATACTATCGTTAA  
 ACAAGTAACAGAAGCTAAAAATTTGGTACTGCGAGGTAGTGGCATGATTA  
 CGCGTCTGTGTTGATCAAGATAATGTTAGTCCGGTAGGCAGCCTCATACA  
 GAGGCTCAACTAGCAATTTGCTCGAAAAAGCTGGCCAGATATCGATTGTG  
 CATGACAAATAATGGTGGCAATTCGTGCTGACTTACTCATCAACAGATG  
 GAACAATCACCTGGGGAGCTGCACAAGCAGTTCAACCTTTTGGTAATATC  
 TTACAAGTCTGCGAAATTAAGTGTAGAGATCTTTATAAAGCACTCAACGA  
 ACAATACGACCAAAAAACAAAATTTCTTCTTCAAAATAGCTGGTCTGCGAT  
 ACACCTACACAGATAATAAAGAGGGGGGGAAGAAACACCAATTTAAAGTT  
 GTAAAAGCTTATAAATCAATGGTGGGAAATCAATCTGATGCAAAATA  
 CAAATTAGTTATCAATGACTTTTATTTCGGTGGTGGTATGGCTTTGCAA  
 GCTTCAGAAATGCCAACTTCTAGGAGCCATTAAATCCCGATACAGAGGTA  
 TTTATGGCCCTATATCACTGATTAGAAAAAGCTGGTAAAAAAGTGAGCAT  
 TCCAAATAATAAACCTAAATCTATGTCACTATGAAGATGGTTAATGAAA  
 CTATTACACAAAATGATGGTACATATAGCATTATTAAGAAACTTTATTTA  
 GATCGACAAGGAAATATTTAGTAGCACAAGAGATTGTATCAGACACTTAAA  
 CCAAAACAAAATCAAAATCTACAAAATCAACCCCTGTAACATAAATCACA  
 AAAAAAATTAACCAATTTACAGCTATTAAACCTATGAGAAATTATGGC  
 AAACCATCAACTCCACTACTGTAAAAATCAA

SEQ ID NO. 7108

STRAIN M781

CAAGTCGGTGCCAAAGTTATAGGCGTCAATGACTTTTCATGGTGCACCTTGA  
 CAATACTGGGAACAGCAAAATATGCTGACGGAAGTTACTAATGCTGGCA  
 CTGCTGCTCAATTAGATGCTTATATGGATGATGCTCAAAAAGATTTCAAA  
 CAAACTAACCCCTAATGGTGAAGCATTAGAGTTCAAGCTGGTGATATGGT  
 TGGAGCAAGTCCAGCTAACTCAGGGCTTCTTCAAGATGAACCAACCGTTA  
 AAACATTAAATGCAATGAATGTTGAGTATGGCACATTAGGTAAACATGAA  
 TTTGATGAAGGTTTGGCAGAATACAATCGTATCGTTACTGGAAAGGCCCC  
 TGCTCCAGATTCTAATATAAATAATATTACGAAATCATACCCACACGAAG  
 CTGCAAAACAAGAAATTTAGTAGGCAACGTTATTGATAAAGTTAACAAA  
 CAAATCCCTTACAATTTGGAACCTTACACTATTAAAAATATTCTGTAAA  
 TAACAAAAGTGTGAACGTTGGCTTTATCGGAATCGTTACCAAGACATCC  
 CAAACCTTGTCTTACGTAATAAATTTATGAACAATATGAATTTTATGATGAA  
 GCTGAAACAATCGTTAAATACGCCAAAGAAATFACAAGCTAAAAATGTCAA  
 GGCTATTGTAGTCCCTTGTCTCATGTACCTGCAACAAGCAAGGATGATATTG  
 CTGAAGGTGAAGCAGCAGAAATGATGAAAAAGTCAATCAACTCTTCCCT  
 GAAATAGCGTAGATATTGTCTTTGCTGGACACAATCATCAATATACAAA  
 TGGTCTTGTGTTGGTAAAACTCGTATTGTACAAGCGCTCTCTCAAGGAAAG  
 CCTATGCTGATGTACGTGGTGTCTTAGATACTGATACACAAGATTTTATT  
 GAAACCCCTTCAGCTAAAGTAATTCAGTTGCTCCTGGTAAAAAAGCAGG  
 TAGTGGCGATATTCAAGCCATTGTGACCAAGCTAATACTATCGTTAAAC  
 AAGTAACAGAAGCTAAATTTGGTACTGCCAGGTAAGTGGCATGATTACG  
 CGTTCTGTTGATCAAGATAATGTTAGTCCGGTAGGCAGCCTCATCACAGA  
 GGCTCAACTAGCAATTGCTCGAAAAAGCTGGCCAGATATCGATTTTGCCA  
 TGACAAATAATGGTGGCATTCGTGCTGACTTACTCATCAACAGATGGA  
 ACAATCACCTGGGGAGCTGCACAAGCAGTTCAACCTTTTGGTAATATCTT  
 ACAAGTCTGCGAAATTAAGTGTAGAGATCTTTATAAAGCACTCAACGAAC  
 AATACGACCAAAAAACAAAATTTCTTCTTCAAAATAGCTGGTCTGCGATAC  
 ACTTACACAGATAATAAAGAGGGGGGGAAGAAACACCAATTTAAAGTTGT  
 AAAAGCTTATAAATCAAAATGGTGGGAAATCAATCTGATGCAAAATACA  
 AATTAGTTATCAATGACTTTTATTTCGGTGGTGGTATGGCTTTGCAAGC  
 TTCAGAAATGCCAACTTCTAGGAGCCATTAAATCCCGATACAGAGTATT  
 TATGGCTTATCACTGATTAGAAAAAGCTGGTAAAAAGTGAGCATTC  
 CAAATAATAAACCTAAAATCTATGTCACTATGAAGATGGTTAATGAAAT  
 ATTACACAAAATGATGGTACATATAGCATTTATTAAGAACTTTATTTAGA  
 TCGACAAGGAAATATTTAGTAGCACAAGAGATTGTATCAGACACTTAAACC  
 AAACAAAATCAAAATCTACAAAATCAACCCCTGTAACATAAATCACAAA  
 AAACAATTAACCAATTTACAGCTATTAAACCTATGAGAAATTATGGCAA  
 ACCATCAAACTCCACTACTGTAAAAATCAA

SEQ ID NO. 7109

STRAIN CJB110

GACCAAGTCGGTGCCAAAGTTATAGGCGTCAATGACTTTTCATGGTGC  
 ACTTGAACAATACTGGAAACAGCAAAATATGCTGACGGAAGTTACTAATG  
 CTGGCAGTCTGCTCAATTAGATGCTTATATGGATGATGCTCAAAAAGAT  
 TTCAAACAAACTAACCCCTAATGGTGAAGCATTAGAGTTCAAGCTGGTGA  
 TATGGTTGGAGCAAGTCCAGCTAACTCAGGGCTTCTTCAAGATGAACCAA

Table 71: Comparative Sequences relating to SAG1333

CCGTTAAACATTTAATGCAATGAATGTTGAGTATGGCACATTAGGTAAC  
 CATGAATTTGATGAAGGTTTGGCAGAATACAATCGTATCGTTACTGGAAA  
 GGCCCTGCTCCAGATTCTAATATAAATAATATTACGAAATCATACCCAC  
 ACGAAGCTGCAAAACAAGAAATTTAGTAGGCAACGTTATGATAAAGTT  
 AACAAACAAATCCCTTACAATTTGGAAACCTTACGCTATTAAAAATATTCC  
 TGTAAATAACAAAGTGTGAACGTTGGCTTTATCGGAATCGTTACCAAG  
 ACATCCCAACCTTGTCTTACGTAAAAATTTATGAACAATATGAATTTT  
 GATGAAGCTGAAACAATCGTTAAATACGCCAAAGAAATTACAAGCTAAAAA  
 TGTCAAGGCTATTGTAGTCCCTTGTCTATGTACCTGCAACAGCAGGATG  
 ATATTGCTGAAGGTGAAGCAGCAGAAATGATGAAAAAGTCAATCAATC  
 TTCCCTGAAAAATAGCGTAGATATTGTCTTTGCTGGACACAATCATCAATA  
 TACAAATGGTCTTGTGGTAAACTCGCATTGTACAAGCGCTCTCTCAAG  
 GAAAAGCCTATGCTGACGTACGTGGTGTCTAGATACTGATACACAAGAT  
 TTCAATTGAAACCCCTTCAAGTAAAGTAGTTGCAAGTGTCTCTGGTAAAAA  
 AACAGGTAGTGCCGATATTCAAGCCATTGTTGACCAAGCTAATCATATCG  
 TTAACAAGTAACAGAAGCTAAAAATGGTACTGCCGAGGTAAGTGGCATG  
 ATTACGCGTTCTGTTGATCAAGATAATGTTAGTCCAGTAGGCAGCTCAT  
 CACAGAGGCTCAACTAGCAATTTGCTCGAAAAAGCTGGCCAGATATCGATT  
 TTGCCATGACAAATAATGGTGGCATTCGTGCTGACTTACTCATCAAAACA  
 GATGAACAATCACCTGGGAGCTGCACAAGCAGTTCAACCTTTTGGTAA  
 TATCTTACAGTGTGCGAAATTTACTGGTAGAGATCTTTATAAGCACTCA  
 ACGAACATACGACCAAAAAAATAATTTCTTCTTCAAATAGCTGGTCTG  
 CGATACACTTACACAGATAATAAAGAGGGCGGAGAGAAACACCATTTAA  
 AGTTGTAAAGCTTATAAATCAAATGGTGAAGAAATCAATCTGATGCAA  
 AATACAAATTAGTTATCAATGACTTTTATTTCGGTGGTGGTGGTGGCTTT  
 GCAAGCTTCAGAAATGCCAACTTTCTAGGAGCCATTAAATCCCGATACAGA  
 GGTATTTTATGGCTTATATCACTGATTAGAAAAAGCTGGTAAAAAGTGA  
 GCGTTCCAAATAATAAACCCTAAAAATCTATGTCACTATGAAGATGGTTAAT  
 GAACTATTACAAAAATGATGGTACACATAGCATTATTAAGAACTTTA  
 TTTAGATCGACAAGGAAATATTGTAGCACAAGAGATTGTATCAGACACTT  
 TAAACCAACCAAAATCAAAATCTACAAAAATCAACCTGTAACTACAATT  
 CACAAAAACAATTACACCAATTACAGCTATTAAACCTATGAGAAATTA  
 TGGCAACCATCAAACTCCACTACTGTAAATCA

SEQ ID NO. 7110

STRAIN 1169NT

CAAGTCGGTGTCCAAGTTATAGGCGTCAATGACTTTTCATGGTGCACTTGA  
 CAATACTGGAACAGCAAAATATGCCCTGATGGAAAGTTGCTAATGCTGGTA  
 CTGCTGCTCAATTAGATGCTTATATGGATGACGCTCAAAAAGATTTCAAA  
 CAACTTAACCTTAATGGTGAAGCATTAGGGTTCAAGCAGGCGATATGGT  
 TGGAGCAAGTCCAGCCAACCTCTGGGCTTCTTCAAGATGAACCAACTGTCA  
 AAAATTTAATGCAATGAATGTTGAGTATGGCACATTGGGTAAACCATGAA  
 TTTGATGAAGGGTTGGCAGAATATAATCGTATCGTTACTGGTAAAGCCCC  
 TGCTCCAGATTCTAATAATAATAATATTAAGAAATCATACCCACATGAAG  
 CTGCAAAACAAGAAATTTAGTAGGCAATGTTATGATAAAGTTAAACAA  
 CAAATTCCTTACAATTTGGAAGCCTTACGCTATTAAAAATATTCCTGTAAA  
 TAACAAAAGTGTGAACGTTGGCTTTATCGGATTTGTCACCAAGACATCC  
 CAAACCTTGTCTTACGTAAAAATTTAGAACAAATATGAATTTTATAGTAA  
 GCTGAAAACAATCGTTAAATAAGCAAGAAATTAAGCTAAAAATGTCAA  
 AGCTATTGTAGTCTCTGCACATGTACCTGCAACAGTAAAAATGATATTG  
 CTGAAGGTGAAGCAGCAGAAATGATGAAAAAGTCAATCAACTCTTCCCT  
 GAAAAATAGCGTAGATATTGTCTTTGCTGGACACAATCATCAATATACAAA  
 TGGTCTTGTGGTAAAACTCGTATTGTACAAGCGCTCTCTCAAGGAAAAAG  
 CCTATGCTGATGTACGTGGTGTCTTAGATACTGATACACAAGATTTCATT  
 GAGACCCCTTCAAGTAAATGTAATGCAAGTTGCTCTGGTAAAAAACAGG  
 TAGTGGCGATATTCAAGCCATTGTTGACCAAGCTAATACTATCGTTAAAC  
 AAGTAACAGAAAGCTAAAAATGGTACTGCGGAGGTAAGTGTCAATGATTACG  
 CGTTCTGTTGATCAAGATAATGTTAGTCCGGTAGGCAGCTCATCAGAGA  
 GGCTCAACTAGCAATTTGCTCGAAAAAGCTGGCCAGATATCGATTTTGCCA  
 TGACAAATAATGGTGGCATTCGTGCTGACTTACTCATCAACAGATGGA  
 ACAATCACCTGGGAGCTGCACAAGCAGTTCAACCTTTTGGTAAATATCTT  
 ACAAGTCGTCGAAATTTACTGGTAGAGATCTTTATAAGCACTCAACGAAC  
 AATACGACCAAAAAAATAATTTCTTCTTCAAATAGCTGGTCTGCGATAC  
 ACTTACACAGATAATAAAGAGGGCGGGGAAGAAACACCATTTAAAGTTGT  
 AAAAGCTTATAAATCAAATGGTGAAGAAATCAATCTGTATGCAAAATACA  
 AATTAGTTATCAATGACTTTTATTTCGGTGGTGGTGGTGGCTTTGCAAGC  
 TTCAGAAATGCCAACTTCTAGGAGCCATTAAACCGATACAGAGGTATT  
 TATGGCCTATATCACTGATTAGAAAAAGCTGGTAAAAAGTGAAGCGTTT  
 CAAATAATAAACCTAAAAATCTATGTCACTATGAAGATGGTTAATGAACT  
 ATTACAAAAATGATGGTACACATAGCATTATTAAGAACTTTATTTAGA  
 TCGACAAGGAAATATTGTAGCACAAGAGATTGTATCAGACACTTTAAACC  
 AAACAAATCAAAATCTACAAAAATCAACCTGTAACTACAATTACAAA  
 AAACAATTACCAAAATTTACAGCTATTAAACCTATGAGAAATTTAGGCAA  
 ACCATCAAACTCCACTACTGTAAATCAAA

SEQ ID NO. 7111

STRAIN JM9130013

CGGTGTCCAAGTTATAGGCGTCAATGACTTTTCATGGTGCACTTGAACATA  
 CTGGAACAGCAAAATATGCCCTGACGGAAGGTTACTAATGCTGGCACTGCT  
 GCTCAATTAGATGCTTATATGGATGATGCTCAAAAAGATTTCAAAACAAC  
 TAACCTTAATGGTGAAGCATTAGAGTTCAAGCTGGTGGATATGGTTGGAG  
 CAAGTCCAGCTAACTCAGGCTTCTTCAAGATGAACCAACCGTTAAAAACA  
 TTTAATGCAATGAATGTTGAGTATGGCACATTAGGTAACCATGAATTTGA

Table 71: Comparative Sequences relating to SAG1333

TGAAGGTTTGGCAGAATACAATCGTATCGTTACTGGAAAGGCCCTGCTC  
 CAGATTCTAATATAAATAATTATTACGAATCATACCCACAGAGCTGCA  
 AAACAAGAAATTGTAGTGGCAACGTTATTGATAAAGTTAACAAACAAAT  
 CCCTTACAAATTGGAAACCTTACACTATTAAAAATATTCTGTAAATAACA  
 AAAGTGTGAACGTTGGCTTTATCGGAATCGTTACCAAGACATCCCAAAC  
 CTTGTCTTACGTAATAATTATGAACAAATATGAATTTTAGATGAAGCTGA  
 AACAACTCGTTAAATACGCCAAAGAATTACAAGCTAAAAATGTCAAGGCTA  
 TTGTAGTCTCTGCTCATGTACCTGCAACAAGCAAGGATGATATTGCTGAA  
 GGTGAAGCAGCAGAAATGATGAAAAAAGTCAATCAACTCTTCCCTGAAAA  
 TAGCGTAGATATTGTCTTTGCTGGACACAATCATCAATATACAAATGGTC  
 TTGTTGGTAAACTCGTATTGTACAAAGCGCTCTCTCAAGGAAAAGCCTAT  
 GCTGATGTACGTTGGTCTAGATACTGATACACAAGATTTTCATTGAAAC  
 CCCTTCAGCTAAAGTAATTGCAAGTTGCTCCTGGTAAAAAAGCAGGTAGTG  
 CCGATATTCAAGCAATTGTTGACCAAGCTAATACTATCGTTAAACAAGTA  
 ACAGAAGCTAAAAATTGGTACTGCGAGGTAAGTGGCATGATTACGCGTTC  
 TGTTGATCAAGATAATGTTAGTCCGGTAGGCAGCCTCATCACAGAGGCTC  
 AACTAGCAATTGCTCGAAAAAGCTGGCCAGATATCGATTTTGCCATGACA  
 AATAATGGTGGCATTGCTGCTGACTTACTCATCAAAACAGATGGAACAAT  
 CACCTGGGGAGCTGCACAAGCAGTTCAACCTTTTGGTAATATCTTACAAG  
 TCGTCAAAATTACTGGTAGAGATCTTTATAAAGCACTCAACGAACAATAC  
 GACCAAAAACAAAATTTCTTCTTCAAAATAGCTGGTCTGCGATACACTTA  
 CACAGATAATAAAGAGGGCGGGGAAGAAACACCAATTTAAAGTTGTAAGAAG  
 CTTATAAATCAAAATGGTGGAGAAATCAATCTGATGCAAAATACAAATTA  
 GTTATCAATGACTTTTTATTTCGGTGGTGGTGGTGGCTTGCAGCTTCAG  
 AAATGCCAACTCTTAGGAGCCATTAAATCCGATACAGAGGTATTATGG  
 CCTATATCACTGATTTAGAAAAAGCTGGTAAAAAAGTGAGCGTTCCAAAT  
 AATAAACCCTAAAATCTATGTCACTATGAAGATGGTAAATGAAACTATTAC  
 ACAAAATGATGGTACATATAGCATTTATGAGAACTTTATTTAGATCGAC  
 AAGGAATATTGTAGCACAAGAGATTGTATCAGACACTTTAAACCAACA  
 AAATCAAAATCTACAAAATCAACCTGTAACCTACAATTCACAAAAACA  
 ATTACCAAAATTTACAGCTATTAAACCTATGAGAAATATGGCAAAACAT  
 CAACTCCACTACTGTAAATCAAAA

PRETTY of: /biotmp/msa237456.2{\*} May 14, 2003 03:20 ..

	1				50
msa237456.2{328_1169NT}	-----	-----	-----	-----	-----
msa237456.2{328_2603}	atgaaaaaga	aaattatttt	gaaaagtagt	gttcttggtt	tagtcgctgg
msa237456.2{328_18RS21}	-----	-----	-----	-----	-----
msa237456.2{328_H36B}	-----	-----	-----	-----	-----
msa237456.2{328_COH1}	-----	-----	-----	-----	-----
msa237456.2{328_M732}	-----	-----	-----	-----	-----
msa237456.2{328_M781}	-----	-----	-----	-----	-----
msa237456.2{328_JM9130013}	-----	-----	-----	-----	-----
msa237456.2{328_A909}	-----	-----	-----	-----	-----
msa237456.2{328_090}	-----	-----	-----	-----	-----
msa237456.2{328_CJB110}	-----	-----	-----	-----	-----
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
	51				100
msa237456.2{328_1169NT}	-----	-----	-----	-----	-----
msa237456.2{328_2603}	gacttcttatt	atgttctcaa	gcgtgttcgc	gGACcaagtc	ggtgtccaag
msa237456.2{328_18RS21}	-----	-----	-----	-----	-----
msa237456.2{328_H36B}	-----	-----	-----	-----	-----
msa237456.2{328_COH1}	-----	-----	-----	-----	-----
msa237456.2{328_M732}	-----	-----	-----	-----	-----
msa237456.2{328_M781}	-----	-----	-----	-----	-----
msa237456.2{328_JM9130013}	-----	-----	-----	-----	-----
msa237456.2{328_A909}	-----	-----	-----	-----	-----
msa237456.2{328_090}	-----	-----	-----	-----	-----
msa237456.2{328_CJB110}	-----	-----	-----	-----	-----
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
	101				150
msa237456.2{328_1169NT}	ttatagGCGT	CAATGACTTT	CATGGTGCAC	TTGACAATAC	TGGAACAGCA
msa237456.2{328_2603}	ttatagGCGT	CAATGACTTT	CATGGTGCAC	TTGACAATAC	TGGAACAGCA
msa237456.2{328_18RS21}	ttatagGCGT	CAATGACTTT	CATGGTGCAC	TTGACAATAC	TGGAACAGCA
msa237456.2{328_H36B}	ttatagGCGT	CAATGACTTT	CATGGTGCAC	TTGACAATAC	TGGAACAGCA
msa237456.2{328_COH1}	ttatagGCGT	CAATGACTTT	CATGGTGCAC	TTGACAATAC	TGGAACAGCA
msa237456.2{328_M732}	ttatagGCGT	CAATGACTTT	CATGGTGCAC	TTGACAATAC	TGGAACAGCA
msa237456.2{328_M781}	ttatagGCGT	CAATGACTTT	CATGGTGCAC	TTGACAATAC	TGGAACAGCA
msa237456.2{328_JM9130013}	ttatagGCGT	CAATGACTTT	CATGGTGCAC	TTGACAATAC	TGGAACAGCA
msa237456.2{328_A909}	-----GCGT	CAATGACTTT	CATGGTGCAC	TTGACAATAC	TGGAACAGCA
msa237456.2{328_090}	ttatagGCGT	CAATGACTTT	CATGGTGCAC	TTGACAATAC	TGGAACAGCA
msa237456.2{328_CJB110}	ttatagGCGT	CAATGACTTT	CATGGTGCAC	TTGACAATAC	TGGAACAGCA
Consensus	-----*****	*****	*****	*****	*****
	151				200
msa237456.2{328_1169NT}	AATATGCCCTG	AtGGAAAAAGT	TgcTAATGCT	GGtACTGCTG	CTCAATTAGA
msa237456.2{328_2603}	AATATGCCCTG	AtGGAAAAAGT	TgcTAATGCT	GGtACTGCTG	CTCAATTAGA
msa237456.2{328_18RS21}	AATATGCCCTG	AcGGAAAAAGT	TanTAATGCT	GGcACTGCTG	CTCAATTAGA
msa237456.2{328_H36B}	AATATGCCCTG	AcGGAAAAAGT	TacTAATGCT	GGcACTGCTG	CTCAATTAGA
msa237456.2{328_COH1}	AATATGCCCTG	AcGGAAAAAGT	TacTAATGCT	GGcACTGCTG	CTCAATTAGA

Table 71: Comparative Sequences relating to SAG1333

msa237456.2{328_M732}	AATATGCCTG	AcGGAAAAGT	TacTAATGCT	GGcACTGCTG	CTCAATTAGA
msa237456.2{328_M781}	AATATGCCTG	AcGGAAAAGT	TacTAATGCT	GGcACTGCTG	CTCAATTAGA
msa237456.2{328_JM9130013}	AATATGCCTG	AcGGAAAAGT	TacTAATGCT	GGcACTGCTG	CTCAATTAGA
msa237456.2{328_A909}	AATATGCCTG	AcGGAAAAGT	TacTAATGCT	GGcACTGCTG	CTCAATTAGA
msa237456.2{328_090}	AATATGCCTG	AcGGAAAAGT	TacTAATGCT	GGcACTGCTG	CTCAATTAGA
msa237456.2{328_CJB110}	AATATGCCTG	AcGGAAAAGT	TacTAATGCT	GGcACTGCTG	CTCAATTAGA
Consensus	*****	*-*****	*-*****	*-*****	*****
msa237456.2{328_1169NT}	201	TGCTTATATG	GATGAcGCTC	AAAAAGATT	CAAACAACT
msa237456.2{328_2603}	250	TGCTTATATG	GATGAcGCTC	AAAAAGATT	CAAACAACT
msa237456.2{328_18RS21}		TGCTTATATG	GATGAcGCTC	AAAAAGATT	CAAACAACT
msa237456.2{328_H36B}		TGCTTATATG	GATGAcGCTC	AAAAAGATT	CAAACAACT
msa237456.2{328_COH1}		TGCTTATATG	GATGAcGCTC	AAAAAGATT	CAAACAACT
msa237456.2{328_M732}		TGCTTATATG	GATGAcGCTC	AAAAAGATT	CAAACAACT
msa237456.2{328_M781}		TGCTTATATG	GATGAcGCTC	AAAAAGATT	CAAACAACT
msa237456.2{328_JM9130013}		TGCTTATATG	GATGAcGCTC	AAAAAGATT	CAAACAACT
msa237456.2{328_A909}		TGCTTATATG	GATGAcGCTC	AAAAAGATT	CAAACAACT
msa237456.2{328_090}		TGCTTATATG	GATGAcGCTC	AAAAAGATT	CAAACAACT
msa237456.2{328_CJB110}		TGCTTATATG	GATGAcGCTC	AAAAAGATT	CAAACAACT
Consensus		*****	*****	*****	*****
msa237456.2{328_1169NT}	251	GTGAAAGCAT	TAGgGTTCAA	GcAGGcGATA	TGGTTGGAGC
msa237456.2{328_2603}	300	GTGAAAGCAT	TAGgGTTCAA	GcAGGcGATA	TGGTTGGAGC
msa237456.2{328_18RS21}		GTGAAAGCAT	TAGgGTTCAA	GcAGGcGATA	TGGTTGGAGC
msa237456.2{328_H36B}		GTGAAAGCAT	TAGgGTTCAA	GcAGGcGATA	TGGTTGGAGC
msa237456.2{328_COH1}		GTGAAAGCAT	TAGgGTTCAA	GcAGGcGATA	TGGTTGGAGC
msa237456.2{328_M732}		GTGAAAGCAT	TAGgGTTCAA	GcAGGcGATA	TGGTTGGAGC
msa237456.2{328_M781}		GTGAAAGCAT	TAGgGTTCAA	GcAGGcGATA	TGGTTGGAGC
msa237456.2{328_JM9130013}		GTGAAAGCAT	TAGgGTTCAA	GcAGGcGATA	TGGTTGGAGC
msa237456.2{328_A909}		GTGAAAGCAT	TAGgGTTCAA	GcAGGcGATA	TGGTTGGAGC
msa237456.2{328_090}		GTGAAAGCAT	TAGgGTTCAA	GcAGGcGATA	TGGTTGGAGC
msa237456.2{328_CJB110}		GTGAAAGCAT	TAGgGTTCAA	GcAGGcGATA	TGGTTGGAGC
Consensus		*****	*****	*****	*****
msa237456.2{328_1169NT}	301	AACCTcGGGC	TTCTTCAAGA	TGAACCAAcT	GTcAAAAaT
msa237456.2{328_2603}	350	AACCTcGGGC	TTCTTCAAGA	TGAACCAAcT	GTcAAAAaT
msa237456.2{328_18RS21}		AACCTcGGGC	TTCTTCAAGA	TGAACCAAcT	GTcAAAAaT
msa237456.2{328_H36B}		AACCTcGGGC	TTCTTCAAGA	TGAACCAAcT	GTcAAAAaT
msa237456.2{328_COH1}		AACCTcGGGC	TTCTTCAAGA	TGAACCAAcT	GTcAAAAaT
msa237456.2{328_M732}		AACCTcGGGC	TTCTTCAAGA	TGAACCAAcT	GTcAAAAaT
msa237456.2{328_M781}		AACCTcGGGC	TTCTTCAAGA	TGAACCAAcT	GTcAAAAaT
msa237456.2{328_JM9130013}		AACCTcGGGC	TTCTTCAAGA	TGAACCAAcT	GTcAAAAaT
msa237456.2{328_A909}		AACCTcGGGC	TTCTTCAAGA	TGAACCAAcT	GTcAAAAaT
msa237456.2{328_090}		AACCTcGGGC	TTCTTCAAGA	TGAACCAAcT	GTcAAAAaT
msa237456.2{328_CJB110}		AACCTcGGGC	TTCTTCAAGA	TGAACCAAcT	GTcAAAAaT
Consensus		*****	*****	*****	*****
msa237456.2{328_1169NT}	351	GAATGTTGAG	TATGGCACAT	TgGGTAACCA	TGAATTGAT
msa237456.2{328_2603}	400	GAATGTTGAG	TATGGCACAT	TgGGTAACCA	TGAATTGAT
msa237456.2{328_18RS21}		GAATGTTGAG	TATGGCACAT	TgGGTAACCA	TGAATTGAT
msa237456.2{328_H36B}		GAATGTTGAG	TATGGCACAT	TgGGTAACCA	TGAATTGAT
msa237456.2{328_COH1}		GAATGTTGAG	TATGGCACAT	TgGGTAACCA	TGAATTGAT
msa237456.2{328_M732}		GAATGTTGAG	TATGGCACAT	TgGGTAACCA	TGAATTGAT
msa237456.2{328_M781}		GAATGTTGAG	TATGGCACAT	TgGGTAACCA	TGAATTGAT
msa237456.2{328_JM9130013}		GAATGTTGAG	TATGGCACAT	TgGGTAACCA	TGAATTGAT
msa237456.2{328_A909}		GAATGTTGAG	TATGGCACAT	TgGGTAACCA	TGAATTGAT
msa237456.2{328_090}		GAATGTTGAG	TATGGCACAT	TgGGTAACCA	TGAATTGAT
msa237456.2{328_CJB110}		GAATGTTGAG	TATGGCACAT	TgGGTAACCA	TGAATTGAT
Consensus		*****	*****	*****	*****
msa237456.2{328_1169NT}	401	CAGAATAcAA	TCGTATCGTT	ACTGGtAAAg	CCCCTGCTCC
msa237456.2{328_2603}	450	CAGAATAcAA	TCGTATCGTT	ACTGGtAAAg	CCCCTGCTCC
msa237456.2{328_18RS21}		CAGAATAcAA	TCGTATCGTT	ACTGGtAAAg	CCCCTGCTCC
msa237456.2{328_H36B}		CAGAATAcAA	TCGTATCGTT	ACTGGtAAAg	CCCCTGCTCC
msa237456.2{328_COH1}		CAGAATAcAA	TCGTATCGTT	ACTGGtAAAg	CCCCTGCTCC
msa237456.2{328_M732}		CAGAATAcAA	TCGTATCGTT	ACTGGtAAAg	CCCCTGCTCC
msa237456.2{328_M781}		CAGAATAcAA	TCGTATCGTT	ACTGGtAAAg	CCCCTGCTCC
msa237456.2{328_JM9130013}		CAGAATAcAA	TCGTATCGTT	ACTGGtAAAg	CCCCTGCTCC
msa237456.2{328_A909}		CAGAATAcAA	TCGTATCGTT	ACTGGtAAAg	CCCCTGCTCC
msa237456.2{328_090}		CAGAATAcAA	TCGTATCGTT	ACTGGtAAAg	CCCCTGCTCC
msa237456.2{328_CJB110}		CAGAATAcAA	TCGTATCGTT	ACTGGtAAAg	CCCCTGCTCC
Consensus		*****	*****	*****	*****
msa237456.2{328_1169NT}	451	ATtAATAATA	TTACGAAATC	ATACCCACat	GAAGCTGCAA
msa237456.2{328_2603}	500	ATtAATAATA	TTACGAAATC	ATACCCACat	GAAGCTGCAA
msa237456.2{328_18RS21}		ATaAATAATA	TTACGAAATC	ATACCCACac	GAAGCTGCAA
msa237456.2{328_H36B}		ATaAATAATA	TTACGAAATC	ATACCCACac	GAAGCTGCAA

Table 71: Comparative Sequences relating to SAG1333

msa237456.2{328_COH1	ATaAAATAATA	TTACGAAATC	ATACCCACac	GAAGCTGCAA	AACAAGAAAT		
msa237456.2{328_M732	ATaAAATAATA	TTACGAAATC	ATACCCACac	GAAGCTGCAA	AACAAGAAAT		
msa237456.2{328_M781	ATaAAATAATA	TTACGAAATC	ATACCCACac	GAAGCTGCAA	AACAAGAAAT		
msa237456.2{328_JM9130013	ATaAAATAATA	TTACGAAATC	ATACCCACac	GAAGCTGCAA	AACAAGAAAT		
msa237456.2{328_A909	ATaAAATAATA	TTACGAAATC	ATACCCACac	GAAGCTGCAA	AACAAGAAAT		
msa237456.2{328_090	ATaAAATAATA	TTACGAAATC	ATACCCACac	GAAGCTGCAA	AACAAGAAAT		
msa237456.2{328_CJB110	ATaAAATAATA	TTACGAAATC	ATACCCACac	GAAGCTGCAA	AACAAGAAAT		
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****		
msa237456.2{328_1169NT	501	TGTAGTGGCA	AaTGTTATTG	ATAAAAGTTAA	CAAACAAATt	CCTTACAaTT	550
msa237456.2{328_2603	TGTAGTGGCA	AaTGTTATTG	ATAAAAGTTAA	CAAACAAATt	CCTTACAaTT		
msa237456.2{328_18RS21	TGTAGTGGCA	AaTGTTATTG	ATAAAAGTTAA	CAAACAAATc	CCTTACAaTT		
msa237456.2{328_H36B	TGTAGTGGCA	AaTGTTATTG	ATAAAAGTTAA	CAAACAAATc	CCTTACAaTT		
msa237456.2{328_COH1	TGTAGTGGCA	AaTGTTATTG	ATAAAAGTTAA	CAAACAAATc	CCTTACAaTT		
msa237456.2{328_M732	TGTAGTGGCA	AaTGTTATTG	ATAAAAGTTAA	CAAACAAATc	CCTTACAaTT		
msa237456.2{328_M781	TGTAGTGGCA	AaTGTTATTG	ATAAAAGTTAA	CAAACAAATc	CCTTACAaTT		
msa237456.2{328_JM9130013	TGTAGTGGCA	AaTGTTATTG	ATAAAAGTTAA	CAAACAAATc	CCTTACAaTT		
msa237456.2{328_A909	TGTAGTGGCA	AaTGTTATTG	ATAAAAGTTAA	CAAACAAATc	CCTTACAaTT		
msa237456.2{328_090	TGTAGTGGCA	AaTGTTATTG	ATAAAAGTTAA	CAAACAAATc	CCTTACAaTT		
msa237456.2{328_CJB110	TGTAGTGGCA	AaTGTTATTG	ATAAAAGTTAA	CAAACAAATc	CCTTACAaTT		
Consensus	*****	**-*****	*****	*****	*****		
msa237456.2{328_1169NT	551	GGAAgCCITTA	CgCTATTAAA	AATATTCTCTG	TAAATAACAA	AAGTGTGAAC	600
msa237456.2{328_2603	GGAAgCCITTA	CgCTATTAAA	AATATTCTCTG	TAAATAACAA	AAGTGTGAAC		
msa237456.2{328_18RS21	GGAAaCCITTA	CaCTATTAAA	AATATTCTCTG	TAAATAACAA	AAGTGTGAAC		
msa237456.2{328_H36B	GGAAaCCITTA	CaCTATTAAA	AATATTCTCTG	TAAATAACAA	AAGTGTGAAC		
msa237456.2{328_COH1	GGAAaCCITTA	CaCTATTAAA	AATATTCTCTG	TAAATAACAA	AAGTGTGAAC		
msa237456.2{328_M732	GGAAaCCITTA	CaCTATTAAA	AATATTCTCTG	TAAATAACAA	AAGTGTGAAC		
msa237456.2{328_M781	GGAAaCCITTA	CaCTATTAAA	AATATTCTCTG	TAAATAACAA	AAGTGTGAAC		
msa237456.2{328_JM9130013	GGAAaCCITTA	CaCTATTAAA	AATATTCTCTG	TAAATAACAA	AAGTGTGAAC		
msa237456.2{328_A909	GGAAaCCITTA	CaCTATTAAA	AATATTCTCTG	TAAATAACAA	AAGTGTGAAC		
msa237456.2{328_090	GGAAaCCITTA	CgCTATTAAA	AATATTCTCTG	TAAATAACAA	AAGTGTGAAC		
msa237456.2{328_CJB110	GGAAaCCITTA	CgCTATTAAA	AATATTCTCTG	TAAATAACAA	AAGTGTGAAC		
Consensus	*****	*-*****	*****	*****	*****		
msa237456.2{328_1169NT	601	GTGGCCTTTA	TCGGaATcGT	cACCAAAGAC	ATCCCAAACC	TTGTCTTACG	650
msa237456.2{328_2603	GTGGCCTTTA	TCGGaATcGT	cACCAAAGAC	ATCCCAAACC	TTGTCTTACG		
msa237456.2{328_18RS21	GTGGCCTTTA	TCGGaATcGT	cACCAAAGAC	ATCCCAAACC	TTGTCTTACG		
msa237456.2{328_H36B	GTGGCCTTTA	TCGGaATcGT	cACCAAAGAC	ATCCCAAACC	TTGTCTTACG		
msa237456.2{328_COH1	GTGGCCTTTA	TCGGaATcGT	cACCAAAGAC	ATCCCAAACC	TTGTCTTACG		
msa237456.2{328_M732	GTGGCCTTTA	TCGGaATcGT	cACCAAAGAC	ATCCCAAACC	TTGTCTTACG		
msa237456.2{328_M781	GTGGCCTTTA	TCGGaATcGT	cACCAAAGAC	ATCCCAAACC	TTGTCTTACG		
msa237456.2{328_JM9130013	GTGGCCTTTA	TCGGaATcGT	cACCAAAGAC	ATCCCAAACC	TTGTCTTACG		
msa237456.2{328_A909	GTGGCCTTTA	TCGGaATcGT	cACCAAAGAC	ATCCCAAACC	TTGTCTTACG		
msa237456.2{328_090	GTGGCCTTTA	TCGGaATcGT	cACCAAAGAC	ATCCCAAACC	TTGTCTTACG		
msa237456.2{328_CJB110	GTGGCCTTTA	TCGGaATcGT	cACCAAAGAC	ATCCCAAACC	TTGTCTTACG		
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****		
msa237456.2{328_1169NT	651	TAAAAATTAT	GAACAATATG	AATTTTITAGA	TGAAGCTGAA	ACAATCGTTA	700
msa237456.2{328_2603	TAAAAATTAT	GAACAATATG	AATTTTITAGA	TGAAGCTGAA	ACAATCGTTA		
msa237456.2{328_18RS21	TAAAAATTAT	GAACAATATG	AATTTTITAGA	TGAAGCTGAA	ACAATCGTTA		
msa237456.2{328_H36B	TAAAAATTAT	GAACAATATG	AATTTTITAGA	TGAAGCTGAA	ACAATCGTTA		
msa237456.2{328_COH1	TAAAAATTAT	GAACAATATG	AATTTTITAGA	TGAAGCTGAA	ACAATCGTTA		
msa237456.2{328_M732	TAAAAATTAT	GAACAATATG	AATTTTITAGA	TGAAGCTGAA	ACAATCGTTA		
msa237456.2{328_M781	TAAAAATTAT	GAACAATATG	AATTTTITAGA	TGAAGCTGAA	ACAATCGTTA		
msa237456.2{328_JM9130013	TAAAAATTAT	GAACAATATG	AATTTTITAGA	TGAAGCTGAA	ACAATCGTTA		
msa237456.2{328_A909	TAAAAATTAT	GAACAATATG	AATTTTITAGA	TGAAGCTGAA	ACAATCGTTA		
msa237456.2{328_090	TAAAAATTAT	GAACAATATG	AATTTTITAGA	TGAAGCTGAA	ACAATCGTTA		
msa237456.2{328_CJB110	TAAAAATTAT	GAACAATATG	AATTTTITAGA	TGAAGCTGAA	ACAATCGTTA		
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****		
msa237456.2{328_1169NT	701	AATACGCCAA	AGAATTACAA	GCTAAAAATG	TCAaAGCTAT	TGTAGTtCTc	750
msa237456.2{328_2603	AATACGCCAA	AGAATTACAA	GCTAAAAATG	TCAaAGCTAT	TGTAGTtCTc		
msa237456.2{328_18RS21	AATACGCCAA	AGAATTACAA	GCTAAAAATG	TCAaAGCTAT	TGTAGTtCTt		
msa237456.2{328_H36B	AATACGCCAA	AGAATTACAA	GCTAAAAATG	TCAaAGCTAT	TGTAGTtCTt		
msa237456.2{328_COH1	AATACGCCAA	AGAATTACAA	GCTAAAAATG	TCAaAGCTAT	TGTAGTtCTt		
msa237456.2{328_M732	AATACGCCAA	AGAATTACAA	GCTAAAAATG	TCAaAGCTAT	TGTAGTtCTt		
msa237456.2{328_M781	AATACGCCAA	AGAATTACAA	GCTAAAAATG	TCAaAGCTAT	TGTAGTtCTt		
msa237456.2{328_JM9130013	AATACGCCAA	AGAATTACAA	GCTAAAAATG	TCAaAGCTAT	TGTAGTtCTt		
msa237456.2{328_A909	AATACGCCAA	AGAATTACAA	GCTAAAAATG	TCAaAGCTAT	TGTAGTtCTt		
msa237456.2{328_090	AATACGCCAA	AGAATTACAA	GCTAAAAATG	TCAaAGCTAT	TGTAGTtCTt		
msa237456.2{328_CJB110	AATACGCCAA	AGAATTACAA	GCTAAAAATG	TCAaAGCTAT	TGTAGTtCTt		
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****		
msa237456.2{328_1169NT	751	GCaCATGTAC	CTGCAACAAG	tAAaaATGAT	ATTGCTGAAG	GTGAAGCAGC	800
msa237456.2{328_2603	GCaCATGTAC	CTGCAACAAG	tAAaaATGAT	ATTGCTGAAG	GTGAAGCAGC		
msa237456.2{328_18RS21	GctCATGTAC	CTGCAACAAG	cAaqaATGAT	ATTGCTGAAG	GTGAAGCAGC		

Table 71: Comparative Sequences relating to SAG1333

msa237456.2{328_H36B}	GCTCATGTAC	CTGCAACAAG	CAAggATGAT	ATTGCTGAAG	GTGAAGCAGC
msa237456.2{328_COH1}	GCTCATGTAC	CTGCAACAAG	CAAggATGAT	ATTGCTGAAG	GTGAAGCAGC
msa237456.2{328_M732}	GCTCATGTAC	CTGCAACAAG	CAAggATGAT	ATTGCTGAAG	GTGAAGCAGC
msa237456.2{328_M781}	GCTCATGTAC	CTGCAACAAG	CAAggATGAT	ATTGCTGAAG	GTGAAGCAGC
msa237456.2{328_JM9130013}	GCTCATGTAC	CTGCAACAAG	CAAggATGAT	ATTGCTGAAG	GTGAAGCAGC
msa237456.2{328_A909}	GCTCATGTAC	CTGCAACAAG	CAAggATGAT	ATTGCTGAAG	GTGAAGCAGC
msa237456.2{328_090}	GCTCATGTAC	CTGCAACAAG	CAAggATGAT	ATTGCTGAAG	GTGAAGCAGC
msa237456.2{328_CJB110}	GCTCATGTAC	CTGCAACAAG	CAAggATGAT	ATTGCTGAAG	GTGAAGCAGC
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa237456.2{328_1169NT}	AGAAATGATG	AAAAAAGTCA	ATCAACTCTT	CCCTGAAAAT	AGCGTAGATA
msa237456.2{328_2603}	AGAAATGATG	AAAAAAGTCA	ATCAACTCTT	CCCTGAAAAT	AGCGTAGATA
msa237456.2{328_18RS21}	AGAAATGATG	AAAAAAGTCA	ATCAACTCTT	CCCTGAAAAT	AGCGTAGATA
msa237456.2{328_H36B}	AGAAATGATG	AAAAAAGTCA	ATCAACTCTT	CCCTGAAAAT	AGCGTAGATA
msa237456.2{328_COH1}	AGAAATGATG	AAAAAAGTCA	ATCAACTCTT	CCCTGAAAAT	AGCGTAGATA
msa237456.2{328_M732}	AGAAATGATG	AAAAAAGTCA	ATCAACTCTT	CCCTGAAAAT	AGCGTAGATA
msa237456.2{328_M781}	AGAAATGATG	AAAAAAGTCA	ATCAACTCTT	CCCTGAAAAT	AGCGTAGATA
msa237456.2{328_JM9130013}	AGAAATGATG	AAAAAAGTCA	ATCAACTCTT	CCCTGAAAAT	AGCGTAGATA
msa237456.2{328_A909}	AGAAATGATG	AAAAAAGTCA	ATCAACTCTT	CCCTGAAAAT	AGCGTAGATA
msa237456.2{328_090}	AGAAATGATG	AAAAAAGTCA	ATCAACTCTT	CCCTGAAAAT	AGCGTAGATA
msa237456.2{328_CJB110}	AGAAATGATG	AAAAAAGTCA	ATCAACTCTT	CCCTGAAAAT	AGCGTAGATA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa237456.2{328_1169NT}	TTGTCCTTGC	TGGACACAAT	CATCAATATA	CAAATGGTCT	TGTTGGTAAA
msa237456.2{328_2603}	TTGTCCTTGC	TGGACACAAT	CATCAATATA	CAAATGGTCT	TGTTGGTAAA
msa237456.2{328_18RS21}	TTGTCCTTGC	TGGACACAAT	CATCAATATA	CAAATGGTCT	TGTTGGTAAA
msa237456.2{328_H36B}	TTGTCCTTGC	TGGACACAAT	CATCAATATA	CAAATGGTCT	TGTTGGTAAA
msa237456.2{328_COH1}	TTGTCCTTGC	TGGACACAAT	CATCAATATA	CAAATGGTCT	TGTTGGTAAA
msa237456.2{328_M732}	TTGTCCTTGC	TGGACACAAT	CATCAATATA	CAAATGGTCT	TGTTGGTAAA
msa237456.2{328_M781}	TTGTCCTTGC	TGGACACAAT	CATCAATATA	CAAATGGTCT	TGTTGGTAAA
msa237456.2{328_JM9130013}	TTGTCCTTGC	TGGACACAAT	CATCAATATA	CAAATGGTCT	TGTTGGTAAA
msa237456.2{328_A909}	TTGTCCTTGC	TGGACACAAT	CATCAATATA	CAAATGGTCT	TGTTGGTAAA
msa237456.2{328_090}	TTGTCCTTGC	TGGACACAAT	CATCAATATA	CAAATGGTCT	TGTTGGTAAA
msa237456.2{328_CJB110}	TTGTCCTTGC	TGGACACAAT	CATCAATATA	CAAATGGTCT	TGTTGGTAAA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa237456.2{328_1169NT}	ACTCGcATTG	TACAAGCGCT	CTCTCAAGGA	AAAGCCTATG	CTGatGTACG
msa237456.2{328_2603}	ACTCGcATTG	TACAAGCGCT	CTCTCAAGGA	AAAGCCTATG	CTGatGTACG
msa237456.2{328_18RS21}	ACTCGcATTG	TACAAGCGCT	CTCTCAAGGA	AAAGCCTATG	CTGatGTACG
msa237456.2{328_H36B}	ACTCGcATTG	TACAAGCGCT	CTCTCAAGGA	AAAGCCTATG	CTGatGTACG
msa237456.2{328_COH1}	ACTCGcATTG	TACAAGCGCT	CTCTCAAGGA	AAAGCCTATG	CTGatGTACG
msa237456.2{328_M732}	ACTCGcATTG	TACAAGCGCT	CTCTCAAGGA	AAAGCCTATG	CTGatGTACG
msa237456.2{328_M781}	ACTCGcATTG	TACAAGCGCT	CTCTCAAGGA	AAAGCCTATG	CTGatGTACG
msa237456.2{328_JM9130013}	ACTCGcATTG	TACAAGCGCT	CTCTCAAGGA	AAAGCCTATG	CTGatGTACG
msa237456.2{328_A909}	ACTCGcATTG	TACAAGCGCT	CTCTCAAGGA	AAAGCCTATG	CTGatGTACG
msa237456.2{328_090}	ACTCGcATTG	TACAAGCGCT	CTCTCAAGGA	AAAGCCTATG	CTGatGTACG
msa237456.2{328_CJB110}	ACTCGcATTG	TACAAGCGCT	CTCTCAAGGA	AAAGCCTATG	CTGatGTACG
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa237456.2{328_1169NT}	TGGTGTcCTA	GATACTGATA	CACAAGATT	CATTGaaACC	CCTTCAGCTA
msa237456.2{328_2603}	TGGTGTcCTA	GATACTGATA	CACAAGATT	CATTGaaACC	CCTTCAGCTA
msa237456.2{328_18RS21}	TGGTGTcCTA	GATACTGATA	CACAAGATT	CATTGaaACC	CCTTCAGCTA
msa237456.2{328_H36B}	TGGTGTcCTA	GATACTGATA	CACAAGATT	CATTGaaACC	CCTTCAGCTA
msa237456.2{328_COH1}	TGGTGTcCTA	GATACTGATA	CACAAGATT	CATTGaaACC	CCTTCAGCTA
msa237456.2{328_M732}	TGGTGTcCTA	GATACTGATA	CACAAGATT	CATTGaaACC	CCTTCAGCTA
msa237456.2{328_M781}	TGGTGTcCTA	GATACTGATA	CACAAGATT	CATTGaaACC	CCTTCAGCTA
msa237456.2{328_JM9130013}	TGGTGTcCTA	GATACTGATA	CACAAGATT	CATTGaaACC	CCTTCAGCTA
msa237456.2{328_A909}	TGGTGTcCTA	GATACTGATA	CACAAGATT	CATTGaaACC	CCTTCAGCTA
msa237456.2{328_090}	TGGTGTcCTA	GATACTGATA	CACAAGATT	CATTGaaACC	CCTTCAGCTA
msa237456.2{328_CJB110}	TGGTGTcCTA	GATACTGATA	CACAAGATT	CATTGaaACC	CCTTCAGCTA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa237456.2{328_1169NT}	AAGTAaTTGC	AGTTGCTCCT	GGTAAAAAAA	CAGGTAGTGC	CGATATTCAA
msa237456.2{328_2603}	AAGTAaTTGC	AGTTGCTCCT	GGTAAAAAAA	CAGGTAGTGC	CGATATTCAA
msa237456.2{328_18RS21}	AAGTAaTTGC	AGTTGCTCCT	GGTAAAAAAA	CAGGTAGTGC	CGATATTCAA
msa237456.2{328_H36B}	AAGTAaTTGC	AGTTGCTCCT	GGTAAAAAAA	CAGGTAGTGC	CGATATTCAA
msa237456.2{328_COH1}	AAGTAaTTGC	AGTTGCTCCT	GGTAAAAAAA	CAGGTAGTGC	CGATATTCAA
msa237456.2{328_M732}	AAGTAaTTGC	AGTTGCTCCT	GGTAAAAAAA	CAGGTAGTGC	CGATATTCAA
msa237456.2{328_M781}	AAGTAaTTGC	AGTTGCTCCT	GGTAAAAAAA	CAGGTAGTGC	CGATATTCAA
msa237456.2{328_JM9130013}	AAGTAaTTGC	AGTTGCTCCT	GGTAAAAAAA	CAGGTAGTGC	CGATATTCAA
msa237456.2{328_A909}	AAGTAaTTGC	AGTTGCTCCT	GGTAAAAAAA	CAGGTAGTGC	CGATATTCAA
msa237456.2{328_090}	AAGTAaTTGC	AGTTGCTCCT	GGTAAAAAAA	CAGGTAGTGC	CGATATTCAA
msa237456.2{328_CJB110}	AAGTAaTTGC	AGTTGCTCCT	GGTAAAAAAA	CAGGTAGTGC	CGATATTCAA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa237456.2{328_1169NT}	GCCATTGTTG	ACCAAGCTAA	TACTATCGTT	AAACAAGTAA	CAGAAGCTAA
msa237456.2{328_2603}	GCCATTGTTG	ACCAAGCTAA	TACTATCGTT	AAACAAGTAA	CAGAAGCTAA



Table 71: Comparative Sequences relating to SAG1333

msa237456.2{328_18RS21}	GCCATTGTTG	ACCAAGCTAA	TACTATCGTT	AAACAAGTAA	CAGAAGCTAA		
msa237456.2{328_H36B}	GCCATTGTTG	ACCAAGCTAA	TACTATCGTT	AAACAAGTAA	CAGAAGCTAA		
msa237456.2{328_COH1}	GCCATTGTTG	ACCAAGCTAA	TACTATCGTT	AAACAAGTAA	CAGAAGCTAA		
msa237456.2{328_M732}	GCCATTGTTG	ACCAAGCTAA	TACTATCGTT	AAACAAGTAA	CAGAAGCTAA		
msa237456.2{328_M781}	GCCATTGTTG	ACCAAGCTAA	TACTATCGTT	AAACAAGTAA	CAGAAGCTAA		
msa237456.2{328_JM9130013}	GCCATTGTTG	ACCAAGCTAA	TACTATCGTT	AAACAAGTAA	CAGAAGCTAA		
msa237456.2{328_A909}	GCCATTGTTG	ACCAAGCTAA	TACTATCGTT	AAACAAGTAA	CAGAAGCTAA		
msa237456.2{328_090}	GCCATTGTTG	ACCAAGCTAA	TACTATCGTT	AAACAAGTAA	CAGAAGCTAA		
msa237456.2{328_CJB110}	GCCATTGTTG	ACCAAGCTAA	TACTATCGTT	AAACAAGTAA	CAGAAGCTAA		
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****		
msa237456.2{328_1169NT}	1101	AATTGGTACT	GCCGAGGTAA	GTGtCATGAT	TACGCGTTCT	1150	GTTGATCAAG
msa237456.2{328_2603}	AATTGGTACT	GCCGAGGTAA	GTGtCATGAT	TACGCGTTCT	GTTGATCAAG		
msa237456.2{328_18RS21}	AATTGGTACT	GCCGAGGTAA	GTGgCATGAT	TACGCGTTCT	GTTGATCAAG		
msa237456.2{328_H36B}	AATTGGTACT	GCCGAGGTAA	GTGtCATGAT	TACGCGTTCT	GTTGATCAAG		
msa237456.2{328_COH1}	AATTGGTACT	GCCGAGGTAA	GTGgCATGAT	TACGCGTTCT	GTTGATCAAG		
msa237456.2{328_M732}	AATTGGTACT	GCCGAGGTAA	GTGgCATGAT	TACGCGTTCT	GTTGATCAAG		
msa237456.2{328_M781}	AATTGGTACT	GCCGAGGTAA	GTGgCATGAT	TACGCGTTCT	GTTGATCAAG		
msa237456.2{328_JM9130013}	AATTGGTACT	GCCGAGGTAA	GTGgCATGAT	TACGCGTTCT	GTTGATCAAG		
msa237456.2{328_A909}	AATTGGTACT	GCCGAGGTAA	GTGtCATGAT	TACGCGTTCT	GTTGATCAAG		
msa237456.2{328_090}	AATTGGTACT	GCCGAGGTAA	GTGgCATGAT	TACGCGTTCT	GTTGATCAAG		
msa237456.2{328_CJB110}	AATTGGTACT	GCCGAGGTAA	GTGgCATGAT	TACGCGTTCT	GTTGATCAAG		
Consensus	*****	*****	***-*****	*****	*****		
msa237456.2{328_1169NT}	1151	ATAATGTTAG	TCCgGTAGGC	AGCCTCATCA	CAGAGGCTCA	1200	ACTAGCAATT
msa237456.2{328_2603}	ATAATGTTAG	TCCgGTAGGC	AGCCTCATCA	CAGAGGCTCA	ACTAGCAATT		
msa237456.2{328_18RS21}	ATAATGTTAG	TCCgGTAGGC	AGCCTCATCA	CAGAGGCTCA	ACTAGCAATT		
msa237456.2{328_H36B}	ATAATGTTAG	TCCgGTAGGC	AGCCTCATCA	CAGAGGCTCA	ACTAGCAATT		
msa237456.2{328_COH1}	ATAATGTTAG	TCCgGTAGGC	AGCCTCATCA	CAGAGGCTCA	ACTAGCAATT		
msa237456.2{328_M732}	ATAATGTTAG	TCCgGTAGGC	AGCCTCATCA	CAGAGGCTCA	ACTAGCAATT		
msa237456.2{328_M781}	ATAATGTTAG	TCCgGTAGGC	AGCCTCATCA	CAGAGGCTCA	ACTAGCAATT		
msa237456.2{328_JM9130013}	ATAATGTTAG	TCCgGTAGGC	AGCCTCATCA	CAGAGGCTCA	ACTAGCAATT		
msa237456.2{328_A909}	ATAATGTTAG	TCCgGTAGGC	AGCCTCATCA	CAGAGGCTCA	ACTAGCAATT		
msa237456.2{328_090}	ATAATGTTAG	TCCaGTAGGC	AGCCTCATCA	CAGAGGCTCA	ACTAGCAATT		
msa237456.2{328_CJB110}	ATAATGTTAG	TCCaGTAGGC	AGCCTCATCA	CAGAGGCTCA	ACTAGCAATT		
Consensus	*****	***-*****	*****	*****	*****		
msa237456.2{328_1169NT}	1201	GCTCGAAAAA	GCTGGCCAGA	TATCGATTIT	GCCATGACAA	1250	ATAATGGTGG
msa237456.2{328_2603}	GCTCGAAAAA	GCTGGCCAGA	TATCGATTIT	GCCATGACAA	ATAATGGTGG		
msa237456.2{328_18RS21}	GCTCGAAAAA	GCTGGCCAGA	TATCGATTIT	GCCATGACAA	ATAATGGTGG		
msa237456.2{328_H36B}	GCTCGAAAAA	GCTGGCCAGA	TATCGATTIT	GCCATGACAA	ATAATGGTGG		
msa237456.2{328_COH1}	GCTCGAAAAA	GCTGGCCAGA	TATCGATTIT	GCCATGACAA	ATAATGGTGG		
msa237456.2{328_M732}	GCTCGAAAAA	GCTGGCCAGA	TATCGATTIT	GCCATGACAA	ATAATGGTGG		
msa237456.2{328_M781}	GCTCGAAAAA	GCTGGCCAGA	TATCGATTIT	GCCATGACAA	ATAATGGTGG		
msa237456.2{328_JM9130013}	GCTCGAAAAA	GCTGGCCAGA	TATCGATTIT	GCCATGACAA	ATAATGGTGG		
msa237456.2{328_A909}	GCTCGAAAAA	GCTGGCCAGA	TATCGATTIT	GCCATGACAA	ATAATGGTGG		
msa237456.2{328_090}	GCTCGAAAAA	GCTGGCCAGA	TATCGATTIT	GCCATGACAA	ATAATGGTGG		
msa237456.2{328_CJB110}	GCTCGAAAAA	GCTGGCCAGA	TATCGATTIT	GCCATGACAA	ATAATGGTGG		
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****		
msa237456.2{328_1169NT}	1251	CATTGCTGCT	GACTTACTCA	TCAAACCAGA	TGGAACAATC	1300	ACCTGGGGAG
msa237456.2{328_2603}	CATTGCTGCT	GACTTACTCA	TCAAACCAGA	TGGAACAATC	ACCTGGGGAG		
msa237456.2{328_18RS21}	CATTGCTGCT	GACTTACTCA	TCAAACCAGA	TGGAACAATC	ACCTGGGGAG		
msa237456.2{328_H36B}	CATTGCTGCT	GACTTACTCA	TCAAACCAGA	TGGAACAATC	ACCTGGGGAG		
msa237456.2{328_COH1}	CATTGCTGCT	GACTTACTCA	TCAAACCAGA	TGGAACAATC	ACCTGGGGAG		
msa237456.2{328_M732}	CATTGCTGCT	GACTTACTCA	TCAAACCAGA	TGGAACAATC	ACCTGGGGAG		
msa237456.2{328_M781}	CATTGCTGCT	GACTTACTCA	TCAAACCAGA	TGGAACAATC	ACCTGGGGAG		
msa237456.2{328_JM9130013}	CATTGCTGCT	GACTTACTCA	TCAAACCAGA	TGGAACAATC	ACCTGGGGAG		
msa237456.2{328_A909}	CATTGCTGCT	GACTTACTCA	TCAAACCAGA	TGGAACAATC	ACCTGGGGAG		
msa237456.2{328_090}	CATTGCTGCT	GACTTACTCA	TCAAACCAGA	TGGAACAATC	ACCTGGGGAG		
msa237456.2{328_CJB110}	CATTGCTGCT	GACTTACTCA	TCAAACCAGA	TGGAACAATC	ACCTGGGGAG		
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****		
msa237456.2{328_1169NT}	1301	CTGCACAAGC	AGTTCAACCT	TTTGGTAATA	TCTTACAAGT	1350	CGTCGAAATT
msa237456.2{328_2603}	CTGCACAAGC	AGTTCAACCT	TTTGGTAATA	TCTTACAAGT	CGTCGAAATT		
msa237456.2{328_18RS21}	CTGCACAAGC	AGTTCAACCT	TTTGGTAATA	TCTTACAAGT	CGTCGAAATT		
msa237456.2{328_H36B}	CTGCACAAGC	AGTTCAACCT	TTTGGTAATA	TCTTACAAGT	CGTCGAAATT		
msa237456.2{328_COH1}	CTGCACAAGC	AGTTCAACCT	TTTGGTAATA	TCTTACAAGT	CGTCGAAATT		
msa237456.2{328_M732}	CTGCACAAGC	AGTTCAACCT	TTTGGTAATA	TCTTACAAGT	CGTCGAAATT		
msa237456.2{328_M781}	CTGCACAAGC	AGTTCAACCT	TTTGGTAATA	TCTTACAAGT	CGTCGAAATT		
msa237456.2{328_JM9130013}	CTGCACAAGC	AGTTCAACCT	TTTGGTAATA	TCTTACAAGT	CGTCGAAATT		
msa237456.2{328_A909}	CTGCACAAGC	AGTTCAACCT	TTTGGTAATA	TCTTACAAGT	CGTCGAAATT		
msa237456.2{328_090}	CTGCACAAGC	AGTTCAACCT	TTTGGTAATA	TCTTACAAGT	CGTCGAAATT		
msa237456.2{328_CJB110}	CTGCACAAGC	AGTTCAACCT	TTTGGTAATA	TCTTACAAGT	CGTCGAAATT		
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****		
msa237456.2{328_1169NT}	1351	ACTGGTAGAG	ATCTTTATAA	AGCACTCAAC	GAACAATACG	1400	ACCAAAAACA

Table 71: Comparative Sequences relating to SAG1333

msa237456.2{328_2603}	ACTGGTAGAG	ATCTTTATAA	AGCACTCAAC	GAACAATACG	ACCAAAAAACA
msa237456.2{328_18RS21}	ACTGGTAGAG	ATCTTTATAA	AGCACTCAAC	GAACAATACG	ACCAAAAAACA
msa237456.2{328_H36B}	ACTGGTAGAG	ATCTTTATAA	AGCACTCAAC	GAACAATACG	ACCAAAAAACA
msa237456.2{328_COH1}	ACTGGTAGAG	ATCTTTATAA	AGCACTCAAC	GAACAATACG	ACCAAAAAACA
msa237456.2{328_M732}	ACTGGTAGAG	ATCTTTATAA	AGCACTCAAC	GAACAATACG	ACCAAAAAACA
msa237456.2{328_M781}	ACTGGTAGAG	ATCTTTATAA	AGCACTCAAC	GAACAATACG	ACCAAAAAACA
msa237456.2{328_JM9130013}	ACTGGTAGAG	ATCTTTATAA	AGCACTCAAC	GAACAATACG	ACCAAAAAACA
msa237456.2{328_A909}	ACTGGTAGAG	ATCTTTATAA	AGCACTCAAC	GAACAATACG	ACCAAAAAACA
msa237456.2{328_090}	ACTGGTAGAG	ATCTTTATAA	AGCACTCAAC	GAACAATACG	ACCAAAAAACA
msa237456.2{328_CJB110}	ACTGGTAGAG	ATCTTTATAA	AGCACTCAAC	GAACAATACG	ACCAAAAAACA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
1401					
msa237456.2{328_1169NT}	AAATTTCTTC	CTTCAAATAG	CTGGTCTGCG	ATACACTTAC	ACAGATAATA
msa237456.2{328_2603}	AAATTTCTTC	CTTCAAATAG	CTGGTCTGCG	ATACACTTAC	ACAGATAATA
msa237456.2{328_18RS21}	AAATTTCTTC	CTTCAAATAG	CTGGTCTGCG	ATACACTTAC	ACAGATAATA
msa237456.2{328_H36B}	AAATTTCTTC	CTTCAAATAG	CTGGTCTGCG	ATACACTTAC	ACAGATAATA
msa237456.2{328_COH1}	AAATTTCTTC	CTTCAAATAG	CTGGTCTGCG	ATACACTTAC	ACAGATAATA
msa237456.2{328_M732}	AAATTTCTTC	CTTCAAATAG	CTGGTCTGCG	ATACACTTAC	ACAGATAATA
msa237456.2{328_M781}	AAATTTCTTC	CTTCAAATAG	CTGGTCTGCG	ATACACTTAC	ACAGATAATA
msa237456.2{328_JM9130013}	AAATTTCTTC	CTTCAAATAG	CTGGTCTGCG	ATACACTTAC	ACAGATAATA
msa237456.2{328_A909}	AAATTTCTTC	CTTCAAATAG	CTGGTCTGCG	ATACACTTAC	ACAGATAATA
msa237456.2{328_090}	AAATTTCTTC	CTTCAAATAG	CTGGTCTGCG	ATACACTTAC	ACAGATAATA
msa237456.2{328_CJB110}	AAATTTCTTC	CTTCAAATAG	CTGGTCTGCG	ATACACTTAC	ACAGATAATA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
1451					
msa237456.2{328_1169NT}	AAGAGGGCGG	gGAAGAAACA	CCATTTAAAG	TTGTAAAAGC	TTATAAATCA
msa237456.2{328_2603}	AAGAGGGCGG	gGAAGAAACA	CCATTTAAAG	TTGTAAAAGC	TTATAAATCA
msa237456.2{328_18RS21}	AAGAGGGCGG	gGAAGAAACA	CCATTTAAAG	TTGTAAAAGC	TTATAAATCA
msa237456.2{328_H36B}	AAGAGGGCGG	gGAAGAAACA	CCATTTAAAG	TTGTAAAAGC	TTATAAATCA
msa237456.2{328_COH1}	AAGAGGGCGG	gGAAGAAACA	CCATTTAAAG	TTGTAAAAGC	TTATAAATCA
msa237456.2{328_M732}	AAGAGGGCGG	gGAAGAAACA	CCATTTAAAG	TTGTAAAAGC	TTATAAATCA
msa237456.2{328_M781}	AAGAGGGCGG	gGAAGAAACA	CCATTTAAAG	TTGTAAAAGC	TTATAAATCA
msa237456.2{328_JM9130013}	AAGAGGGCGG	gGAAGAAACA	CCATTTAAAG	TTGTAAAAGC	TTATAAATCA
msa237456.2{328_A909}	AAGAGGGCGG	gGAAGAAACA	CCATTTAAAG	TTGTAAAAGC	TTATAAATCA
msa237456.2{328_090}	AAGAGGGCGG	gGAAGAAACA	CCATTTAAAG	TTGTAAAAGC	TTATAAATCA
msa237456.2{328_CJB110}	AAGAGGGCGG	gGAAGAAACA	CCATTTAAAG	TTGTAAAAGC	TTATAAATCA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
1501					
msa237456.2{328_1169NT}	AATGGTGAGG	AAATCAATCC	TGATGCAAAA	TACAAATTAG	TTATCAATGA
msa237456.2{328_2603}	AATGGTGAGG	AAATCAATCC	TGATGCAAAA	TACAAATTAG	TTATCAATGA
msa237456.2{328_18RS21}	AATGGTGAGG	AAATCAATCC	TGATGCAAAA	TACAAATTAG	TTATCAATGA
msa237456.2{328_H36B}	AATGGTGAGG	AAATCAATCC	TGATGCAAAA	TACAAATTAG	TTATCAATGA
msa237456.2{328_COH1}	AATGGTGAGG	AAATCAATCC	TGATGCAAAA	TACAAATTAG	TTATCAATGA
msa237456.2{328_M732}	AATGGTGAGG	AAATCAATCC	TGATGCAAAA	TACAAATTAG	TTATCAATGA
msa237456.2{328_M781}	AATGGTGAGG	AAATCAATCC	TGATGCAAAA	TACAAATTAG	TTATCAATGA
msa237456.2{328_JM9130013}	AATGGTGAGG	AAATCAATCC	TGATGCAAAA	TACAAATTAG	TTATCAATGA
msa237456.2{328_A909}	AATGGTGAGG	AAATCAATCC	TGATGCAAAA	TACAAATTAG	TTATCAATGA
msa237456.2{328_090}	AATGGTGAGG	AAATCAATCC	TGATGCAAAA	TACAAATTAG	TTATCAATGA
msa237456.2{328_CJB110}	AATGGTGAGG	AAATCAATCC	TGATGCAAAA	TACAAATTAG	TTATCAATGA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
1551					
msa237456.2{328_1169NT}	CTTTTATTC	GGTGGTGGTG	ATGGCTTTGC	AAGCTTCAGA	AATGCCAAAC
msa237456.2{328_2603}	CTTTTATTC	GGTGGTGGTG	ATGGCTTTGC	AAGCTTCAGA	AATGCCAAAC
msa237456.2{328_18RS21}	CTTTTATTC	GGTGGTGGTG	ATGGCTTTGC	AAGCTTCAGA	AATGCCAAAC
msa237456.2{328_H36B}	CTTTTATTC	GGTGGTGGTG	ATGGCTTTGC	AAGCTTCAGA	AATGCCAAAC
msa237456.2{328_COH1}	CTTTTATTC	GGTGGTGGTG	ATGGCTTTGC	AAGCTTCAGA	AATGCCAAAC
msa237456.2{328_M732}	CTTTTATTC	GGTGGTGGTG	ATGGCTTTGC	AAGCTTCAGA	AATGCCAAAC
msa237456.2{328_M781}	CTTTTATTC	GGTGGTGGTG	ATGGCTTTGC	AAGCTTCAGA	AATGCCAAAC
msa237456.2{328_JM9130013}	CTTTTATTC	GGTGGTGGTG	ATGGCTTTGC	AAGCTTCAGA	AATGCCAAAC
msa237456.2{328_A909}	CTTTTATTC	GGTGGTGGTG	ATGGCTTTGC	AAGCTTCAGA	AATGCCAAAC
msa237456.2{328_090}	CTTTTATTC	GGTGGTGGTG	ATGGCTTTGC	AAGCTTCAGA	AATGCCAAAC
msa237456.2{328_CJB110}	CTTTTATTC	GGTGGTGGTG	ATGGCTTTGC	AAGCTTCAGA	AATGCCAAAC
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
1601					
msa237456.2{328_1169NT}	TTCTAGGAGC	CATTAAcCCC	GATACAGAGG	TATTTATGGC	CTATATCACT
msa237456.2{328_2603}	TTCTAGGAGC	CATTAAcCCC	GATACAGAGG	TATTTATGGC	CTATATCACT
msa237456.2{328_18RS21}	TTCTAGGAGC	CATTAAcCCC	GATACAGAGG	TATTTATGGC	CTATATCACT
msa237456.2{328_H36B}	TTCTAGGAGC	CATTAAcCCC	GATACAGAGG	TATTTATGGC	CTATATCACT
msa237456.2{328_COH1}	TTCTAGGAGC	CATTAAcCCC	GATACAGAGG	TATTTATGGC	CTATATCACT
msa237456.2{328_M732}	TTCTAGGAGC	CATTAAcCCC	GATACAGAGG	TATTTATGGC	CTATATCACT
msa237456.2{328_M781}	TTCTAGGAGC	CATTAAcCCC	GATACAGAGG	TATTTATGGC	CTATATCACT
msa237456.2{328_JM9130013}	TTCTAGGAGC	CATTAAcCCC	GATACAGAGG	TATTTATGGC	CTATATCACT
msa237456.2{328_A909}	TTCTAGGAGC	CATTAAcCCC	GATACAGAGG	TATTTATGGC	CTATATCACT
msa237456.2{328_090}	TTCTAGGAGC	CATTAAcCCC	GATACAGAGG	TATTTATGGC	CTATATCACT
msa237456.2{328_CJB110}	TTCTAGGAGC	CATTAAcCCC	GATACAGAGG	TATTTATGGC	CTATATCACT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****

Table 71: Comparative Sequences relating to SAG1333

msa237456.2{328_1169NT}	GATTTAGAAA	AAGCTGGTAA	AAAAGTGAGC	gTTCCAAATA	ATAAACCTAA
msa237456.2{328_2603}	GATTTAGAAA	AAGCTGGTAA	AAAAGTGAGC	gTTCCAAATA	ATAAACCTAA
msa237456.2{328_18RS21}	GATTTAGAAA	AAGCTGGTAA	AAAAGTGAGC	gTTCCAAATA	ATAAACCTAA
msa237456.2{328_H36B}	GATTTAGAAA	AAGCTGGTAA	AAAAGTGAGC	gTTCCAAATA	ATAAACCTAA
msa237456.2{328_COH1}	GATTTAGAAA	AAGCTGGTAA	AAAAGTGAGC	gTTCCAAATA	ATAAACCTAA
msa237456.2{328_M732}	GATTTAGAAA	AAGCTGGTAA	AAAAGTGAGC	gTTCCAAATA	ATAAACCTAA
msa237456.2{328_M781}	GATTTAGAAA	AAGCTGGTAA	AAAAGTGAGC	gTTCCAAATA	ATAAACCTAA
msa237456.2{328_JM9130013}	GATTTAGAAA	AAGCTGGTAA	AAAAGTGAGC	gTTCCAAATA	ATAAACCTAA
msa237456.2{328_A909}	GATTTAGAAA	AAGCTGGTAA	AAAAGTGAGC	gTTCCAAATA	ATAAACCTAA
msa237456.2{328_090}	GATTTAGAAA	AAGCTGGTAA	AAAAGTGAGC	gTTCCAAATA	ATAAACCTAA
msa237456.2{328_CJB110}	GATTTAGAAA	AAGCTGGTAA	AAAAGTGAGC	gTTCCAAATA	ATAAACCTAA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****

msa237456.2{328_1169NT}	AATCTATGTC	ACTATGAAGA	TGGTTAATGA	AACATTATCA	CAAAATGATG
msa237456.2{328_2603}	AATCTATGTC	ACTATGAAGA	TGGTTAATGA	AACATTATCA	CAAAATGATG
msa237456.2{328_18RS21}	AATCTATGTC	ACTATGAAGA	TGGTTAATGA	AACATTATCA	CAAAATGATG
msa237456.2{328_H36B}	AATCTATGTC	ACTATGAAGA	TGGTTAATGA	AACATTATCA	CAAAATGATG
msa237456.2{328_COH1}	AATCTATGTC	ACTATGAAGA	TGGTTAATGA	AACATTATCA	CAAAATGATG
msa237456.2{328_M732}	AATCTATGTC	ACTATGAAGA	TGGTTAATGA	AACATTATCA	CAAAATGATG
msa237456.2{328_M781}	AATCTATGTC	ACTATGAAGA	TGGTTAATGA	AACATTATCA	CAAAATGATG
msa237456.2{328_JM9130013}	AATCTATGTC	ACTATGAAGA	TGGTTAATGA	AACATTATCA	CAAAATGATG
msa237456.2{328_A909}	AATCTATGTC	ACTATGAAGA	TGGTTAATGA	AACATTATCA	CAAAATGATG
msa237456.2{328_090}	AATCTATGTC	ACTATGAAGA	TGGTTAATGA	AACATTATCA	CAAAATGATG
msa237456.2{328_CJB110}	AATCTATGTC	ACTATGAAGA	TGGTTAATGA	AACATTATCA	CAAAATGATG
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****

msa237456.2{328_1169NT}	GTACACATAG	CATTATTaAG	AAACTTTATT	TAGATCGACA	AGGAAATATT
msa237456.2{328_2603}	GTACACATAG	CATTATTaAG	AAACTTTATT	TAGATCGACA	AGGAAATATT
msa237456.2{328_18RS21}	GTACACATAG	CATTATTaAG	AAACTTTATT	TAGATCGACA	AGGAAATATT
msa237456.2{328_H36B}	GTACACATAG	CATTATTaAG	AAACTTTATT	TAGATCGACA	AGGAAATATT
msa237456.2{328_COH1}	GTACACATAG	CATTATTaAG	AAACTTTATT	TAGATCGACA	AGGAAATATT
msa237456.2{328_M732}	GTACACATAG	CATTATTaAG	AAACTTTATT	TAGATCGACA	AGGAAATATT
msa237456.2{328_M781}	GTACACATAG	CATTATTaAG	AAACTTTATT	TAGATCGACA	AGGAAATATT
msa237456.2{328_JM9130013}	GTACACATAG	CATTATTaAG	AAACTTTATT	TAGATCGACA	AGGAAATATT
msa237456.2{328_A909}	GTACACATAG	CATTATTaAG	AAACTTTATT	TAGATCGACA	AGGAAATATT
msa237456.2{328_090}	GTACACATAG	CATTATTaAG	AAACTTTATT	TAGATCGACA	AGGAAATATT
msa237456.2{328_CJB110}	GTACACATAG	CATTATTaAG	AAACTTTATT	TAGATCGACA	AGGAAATATT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****

msa237456.2{328_1169NT}	GTAGCACAAG	AGATTGTATC	AGACACTTTA	AACCAAACAA	AATCAAATC
msa237456.2{328_2603}	GTAGCACAAG	AGATTGTATC	AGACACTTTA	AACCAAACAA	AATCAAATC
msa237456.2{328_18RS21}	GTAGCACAAG	AGATTGTATC	AGACACTTTA	AACCAAACAA	AATCAAATC
msa237456.2{328_H36B}	GTAGCACAAG	AGATTGTATC	AGACACTTTA	AACCAAACAA	AATCAAATC
msa237456.2{328_COH1}	GTAGCACAAG	AGATTGTATC	AGACACTTTA	AACCAAACAA	AATCAAATC
msa237456.2{328_M732}	GTAGCACAAG	AGATTGTATC	AGACACTTTA	AACCAAACAA	AATCAAATC
msa237456.2{328_M781}	GTAGCACAAG	AGATTGTATC	AGACACTTTA	AACCAAACAA	AATCAAATC
msa237456.2{328_JM9130013}	GTAGCACAAG	AGATTGTATC	AGACACTTTA	AACCAAACAA	AATCAAATC
msa237456.2{328_A909}	GTAGCACAAG	AGATTGTATC	AGACACTTTA	AACCAAACAA	AATCAAATC
msa237456.2{328_090}	GTAGCACAAG	AGATTGTATC	AGACACTTTA	AACCAAACAA	AATCAAATC
msa237456.2{328_CJB110}	GTAGCACAAG	AGATTGTATC	AGACACTTTA	AACCAAACAA	AATCAAATC
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****

msa237456.2{328_1169NT}	TACAAAAATC	AACCCGTGTA	CTACAATTCA	CAAAAAACAA	TTACACCAAT
msa237456.2{328_2603}	TACAAAAATC	AACCCGTGTA	CTACAATTCA	CAAAAAACAA	TTACACCAAT
msa237456.2{328_18RS21}	TACAAAAATC	AACCCGTGTA	CTACAATTCA	CAAAAAACAA	TTACACCAAT
msa237456.2{328_H36B}	TACAAAAATC	AACCCGTGTA	CTACAATTCA	CAAAAAACAA	TTACACCAAT
msa237456.2{328_COH1}	TACAAAAATC	AACCCGTGTA	CTACAATTCA	CAAAAAACAA	TTACACCAAT
msa237456.2{328_M732}	TACAAAAATC	AACCCGTGTA	CTACAATTCA	CAAAAAACAA	TTACACCAAT
msa237456.2{328_M781}	TACAAAAATC	AACCCGTGTA	CTACAATTCA	CAAAAAACAA	TTACACCAAT
msa237456.2{328_JM9130013}	TACAAAAATC	AACCCGTGTA	CTACAATTCA	CAAAAAACAA	TTACACCAAT
msa237456.2{328_A909}	TACAAAAATC	AACCCGTGTA	CTACAATTCA	CAAAAAACAA	TTACACCAAT
msa237456.2{328_090}	TACAAAAATC	AACCCGTGTA	CTACAATTCA	CAAAAAACAA	TTACACCAAT
msa237456.2{328_CJB110}	TACAAAAATC	AACCCGTGTA	CTACAATTCA	CAAAAAACAA	TTACACCAAT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****

msa237456.2{328_1169NT}	TTACAGCTAT	TAACCCCTATG	AGAAATTATG	GCAAACCATC	AAACTCCACT
msa237456.2{328_2603}	TTACAGCTAT	TAACCCCTATG	AGAAATTATG	GCAAACCATC	AAACTCCACT
msa237456.2{328_18RS21}	TTACAGCTAT	TAACCCCTATG	AGAAATTATG	GCAAACCATC	AAACTCCACT
msa237456.2{328_H36B}	TTACAGCTAT	TAACCCCTATG	AGAAATTATG	GCAAACCATC	AAACTCCACT
msa237456.2{328_COH1}	TTACAGCTAT	TAACCCCTATG	AGAAATTATG	GCAAACCATC	AAACTCCACT
msa237456.2{328_M732}	TTACAGCTAT	TAACCCCTATG	AGAAATTATG	GCAAACCATC	AAACTCCACT
msa237456.2{328_M781}	TTACAGCTAT	TAACCCCTATG	AGAAATTATG	GCAAACCATC	AAACTCCACT
msa237456.2{328_JM9130013}	TTACAGCTAT	TAACCCCTATG	AGAAATTATG	GCAAACCATC	AAACTCCACT
msa237456.2{328_A909}	TTACAGCTAT	TAACCCCTATG	AGAAATTATG	GCAAACCATC	AAACTCCACT
msa237456.2{328_090}	TTACAGCTAT	TAACCCCTATG	AGAAATTATG	GCAAACCATC	AAACTCCACT
msa237456.2{328_CJB110}	TTACAGCTAT	TAACCCCTATG	AGAAATTATG	GCAAACCATC	AAACTCCACT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****

Table 71: Comparative Sequences relating to SAG1333

	1951			2000
msa237456.2{328_1169NT}	ACTGTAAAAAT	CAaa-----	-----	-----
msa237456.2{328_2603}	ACTGTAAAAAT	CAaaACAAAt	accaaaaaca	aactctgaat atggacaatc
msa237456.2{328_18RS21}	ACTGTAAAAAT	CAaaA-----	-----	-----
msa237456.2{328_H36B}	ACTGTAAAAAT	CAaa-----	-----	-----
msa237456.2{328_COH1}	ACTGTAAAAAT	CAaa-----	-----	-----
msa237456.2{328_M732}	ACTGTAAAAAT	CAaaACAA--	-----	-----
msa237456.2{328_M781}	ACTGTAAAAAT	CAaa-----	-----	-----
msa237456.2{328_JM9130013}	ACTGTAAAAAT	CAaaA-----	-----	-----
msa237456.2{328_A909}	ACTGTAAAAAT	CAaaACAA--	-----	-----
msa237456.2{328_090}	ACTGTAAAAAT	CAaaACAA--	-----	-----
msa237456.2{328_CJB110}	ACTGTAAAAAT	CA-----	-----	-----
Consensus	*****	*****	*****	*****
	2001			2050
msa237456.2{328_1169NT}	-----	-----	-----	-----
msa237456.2{328_2603}	attccttatg	tctgtctttg	gtgttggaat	tataggaatt gctttaaata
msa237456.2{328_18RS21}	-----	-----	-----	-----
msa237456.2{328_H36B}	-----	-----	-----	-----
msa237456.2{328_COH1}	-----	-----	-----	-----
msa237456.2{328_M732}	-----	-----	-----	-----
msa237456.2{328_M781}	-----	-----	-----	-----
msa237456.2{328_JM9130013}	-----	-----	-----	-----
msa237456.2{328_A909}	-----	-----	-----	-----
msa237456.2{328_090}	-----	-----	-----	-----
msa237456.2{328_CJB110}	-----	-----	-----	-----
Consensus	*****	*****	*****	*****
	2051		2070	
msa237456.2{328_1169NT}	-----	-----	-----	-----
msa237456.2{328_2603}	caaagaaaaa	acatatgaaa	-----	-----
msa237456.2{328_18RS21}	-----	-----	-----	-----
msa237456.2{328_H36B}	-----	-----	-----	-----
msa237456.2{328_COH1}	-----	-----	-----	-----
msa237456.2{328_M732}	-----	-----	-----	-----
msa237456.2{328_M781}	-----	-----	-----	-----
msa237456.2{328_JM9130013}	-----	-----	-----	-----
msa237456.2{328_A909}	-----	-----	-----	-----
msa237456.2{328_090}	-----	-----	-----	-----
msa237456.2{328_CJB110}	-----	-----	-----	-----
Consensus	*****	*****	-----	-----

## SEQ ID NO. 7112

STRAIN 2603 frame: 1

MKKKI ILKSSVLGLVAGTSIMFSSVFADQVGVQVIGVNDPHGALDNTGTANMPDGKVVANA  
 GTAAQLDAYMDDAQKDFKQTNPNGESIRVQAGDMVGASPANSGLLQDEPTVKNFNAMNVE  
 YGTGLNHEFDEGLAEYNIIVTGKAPAPDSNINNITKSYPHAAKQEIIVVANVIDKVNKQI  
 PYNWKPYAIKNI PVNKSVMVGFIGIVTKDIPNLVLRKNYQYEFLEAETIVKYAKELQ  
 AKNVKAIIVLAHVPAISKNDIAEGEAAEMMKVNQLFPENSVDIVFAGHNHGYTNGLVGK  
 TRIVQALSQKAYADVRGVLDITDQDFIETPSAKVIAVAPGKKTGSADIQAIVDQANTIV  
 KQVTEAKIGTAEVSMITRSVDQDNVSPVGSLLITEAQLAIARKSWPDIIDFAMTNNGGIRA  
 DLLIKPDGTITWGAAQAVQPPGNILQVVEITGRDLYKALNEQYDQKQNFLLQIAGLRYTY  
 TDNKEGGGETPFKVVKAYKSNGBEINPDACYKLVINDFLPGGGDGFASFRNAKLLGAINP  
 DTEVFMAIITDLEKAGKKVSPVNNKPKIYVTMKNVNETITQNDGTHSI IKKLYLDRQGN  
 IVAQEI VSDITLNQTKSKSTKINPVTTIHKQLHQFTAINPMRNNGKPSNSTTVKSKQLPKT  
 NSBYGQSLMSVFGVLIGIALNTKKKHK

## SEQ ID NO. 7113

STRAIN 090 frame: 3

VGVQVIGVNDPHGALDNTGTANMPDGKVTNAGTAAQLDAYMDDAQKDFKQTNPNGESIRV  
 QAGDMVGASPANSGLLQDEPTVKTNFAMNVEYGTGLNHEFDEGLAEYNIIVTGKAPAPDS  
 NINNITKSYPHAAKQEIIVVANVIDKVNKQI PYNWKPYAIKNI PVNKSVMVGFIGIVTK  
 DIPNLVLRKNYQYEFLEAETIVKYAKELQAKNVKAIIVLAHVPAISKNDIAEGEAAEM  
 MKVNQLFPENSVDIVFAGHNHGYTNGLVGKTRIVQALSQKAYADVRGVLDITDQDFIE  
 TPSAKVIAVAPGKKTGSADIQAIVDQANTIVKQVTEAKIGTAEVSGMITRSVDQDNVSPV  
 GSLITEAQLAIARKSWPDIIDFAMTNNGGIRADLLIKPDGTITWGAAQAVQPPGNILQVVE  
 ITGRDLYKALNEQYDQKQNFLLQIAGLRYTYTDNKEGGGETPFKVVKAYKSNGBEINPD  
 KYKLVINDFLPGGGDGFASFRNAKLLGAINPDTEVFMAIITDLEKAGKKVSPVNNKPKIY  
 VTMKNVNETITQNDGTHSI IKKLYLDRQGNIVAQEI VSDITLNQTKSKSTKINPVTTIHK  
 QLHQFTAINPMRNNGKPSNSTTVKSKQ

## SEQ ID NO. 7114

STRAIN A909 frame: 3

VNDPHGALDNTGTANMPDGKVTNAGTAAQLDAYMDDAQKDFKQTNPNGESIRVQAGDMVG  
 ASPANSGLLQDEPTVKTNFAMNVEYGTGLNHEFDEGLAEYNIIVTGKAPAPDSNINNITK  
 SYPHAAKQEIIVVANVIDKVNKQI PYNWKPYTIKNI PVNKSVMVGFIGIVTKDIPNLV  
 RKNYQYEFLEAETIVKYAKELQAKNVKAIIVLAHVPAISKNDIAEGEAAEMMKVNQL  
 FPENSVDIVFAGHNHGYTNGLVGKTRIVQALSQKAYADVRGVLDITDQDFIETPSAKVI  
 AVAPGKKTGSADIQAIVDQANTIVKQVTEAKIGTAEVSGMITRSVDQDNVSPVGSLLITEA  
 QLAIARKSWPDIIDFAMTNNGGIRADLLIKPDGTITWGAAQAVQPPGNILQVVEITGRDLY  
 KALNEQYDQKQNFLLQIAGLRYTYTDNKEGGGETPFKVVKAYKSNGBEINPDACYKLVIN  
 DFLPGGGDGFASFRNAKLLGAINPDTEVFMAIITDLEKAGKKVSPVNNKPKIYVTMKNV  
 ETITQNDGTYSI IKKLYLDRQGNIVAQEI VSDITLNQTKSKSTKINPVTTIHKQLHQFTA

Table 71: Comparative Sequences relating to SAG1333

INPMRNYGKPSNSTTVKSKQ

SEQ ID NO. 7115

STRAIN H36B frame: 2

QVGVQVIGVNDPFGALDNTGTANMPDGKVTNAGTAAQLDAYMDDAQKDFKQTNPNGESIR  
 VQAGDMVGASPANSGLLQDEPTVKT FNAMNVEYGT LGNHEFDEGLAEYNRI VTGKAPAPD  
 SNINNITKSY PHEAAKQEI VVANVIDKVNKQI PYNWKPYTI KNI PVNNKSVNVGFIGIVT  
 KDIPNLVLRKNYEQYEFLEDEASTI VKYAKELQAKNVKAI VVLAHV PATSKDDIAEGEAAE  
 MMKKVNQLFPENSVDI VFAGHNHQYTNGLVGKTRI VQALSQ GKAYADVRGVLDTDTQDFI  
 ETSPSAKVI AVAPGKKTGSADI QAI VDOQANTIVKQVTEAKI GTAEVSGMITRSVDQDNVSP  
 VGSLLITEAQLAIARKSWPDI DFAMTNNGGI RADLLI KPDGTITWGAAQAVQPFNGILQVV  
 EITGRDLYKALNEQYDQKQNFLLQIAGLRYTTYTDNKEGGEBTPFKVVKAYKSNGBEINPD  
 AKYKLVINDFLFGGGDGFASFRNAKLLGAINPDTEVF MAYITDLEKAGKKVSVPNKPKI  
 YVTMKNVNETITQNDGTYSI I KKL YLDRQGNIVAQEIVSDTLNQTKSKSTKINPVTTIHK  
 KQLHQFTAINPMRNYGKPSNSTTVKS

SEQ ID NO. 7116

STRAIN 18RS21 frame: 1

DQVGVQVIGVNDPFGALDNTGTANMPDGKVTNAGTAAQLDAYMDDAQKDFKQTNPNGESIR  
 VQAGDMVGASPANSGLLQDEPTVKT FNAMNVEYGT LGNHEFDEGLAEYNRI VTGKAPAPD  
 DSNINNITKSY PHEAAKQEI VVANVIDKVNKQI PYNWKPYTI KNI PVNNKSVNVGFIGIV  
 TKDIPNLVLRKNYEQYEFLEDEASTI VKYAKELQAKNVKAI VVLAHV PATSKDDIAEGEAAE  
 EMKKVNQLFPENSVDI VFAGHNHQYTNGLVGKTRI VQALSQ GKAYADVRGVLDTDTQDFI  
 IETPSAKVI AVAPGKKTGSADI QAI VDOQANTIVKQVTEAKI GTAEVSGMITRSVDQDNVSP  
 PVGSLITEAQLAIARKSWPDI DFAMTNNGGI RADLLI KPDGTITWGAAQAVQPFNGILQVV  
 VEITGRDLYKALNEQYDQKQNFLLQIAGLRYTTYTDNKEGGEBTPFKVVKAYKSNGBEINPD  
 DAKYKLVINDFLFGGGDGFASFRNAKLLGAINPDTEVF MAYITDLEKAGKKVSVPNKPKI  
 IYVTMKNVNETITQNDGTYSI I KKL YLDRQGNIVAQEIVSDTLNQTKSKSTKINPVTTIHK  
 KQLHQFTAINPMRNYGKPSNSTTVKS

SEQ ID NO. 7117

STRAIN M732 frame: 3

QVGVQVIGVNDPFGALDNTGTANMPDGKVTNAGTAAQLDAYMDDAQKDFKQTNPNGESIR  
 VQAGDMVGASPANSGLLQDEPTVKT FNAMNVEYGT LGNHEFDEGLAEYNRI VTGKAPAPD  
 SNINNITKSY PHEAAKQEI VVANVIDKVNKQI PYNWKPYTI KNI PVNNKSVNVGFIGIVT  
 KDIPNLVLRKNYEQYEFLEDEASTI VKYAKELQAKNVKAI VVLAHV PATSKDDIAEGEAAE  
 MMKKVNQLFPENSVDI VFAGHNHQYTNGLVGKTRI VQALSQ GKAYADVRGVLDTDTQDFI  
 ETSPSAKVI AVAPGKKTGSADI QAI VDOQANTIVKQVTEAKI GTAEVSGMITRSVDQDNVSP  
 VGSLLITEAQLAIARKSWPDI DFAMTNNGGI RADLLI KPDGTITWGAAQAVQPFNGILQVV  
 EITGRDLYKALNEQYDQKQNFLLQIAGLRYTTYTDNKEGGEBTPFKVVKAYKSNGBEINPD  
 AKYKLVINDFLFGGGDGFASFRNAKLLGAINPDTEVF MAYITDLEKAGKKVSVPNKPKI  
 YVTMKNVNETITQNDGTYSI I KKL YLDRQGNIVAQEIVSDTLNQTKSKSTKINPVTTIHK  
 KQLHQFTAINPMRNYGKPSNSTTVKSKQ

SEQ ID NO. 7118

STRAIN COHI frame: 3

QVGVQVIGVNDPFGALDNTGTANMPDGKVTNAGTAAQLDAYMDDAQKDFKQTNPNGESIR  
 VQAGDMVGASPANSGLLQDEPTVKT FNAMNVEYGT LGNHEFDEGLAEYNRI VTGKAPAPD  
 SNINNITKSY PHEAAKQEI VVANVIDKVNKQI PYNWKPYTI KNI PVNNKSVNVGFIGIVT  
 KDIPNLVLRKNYEQYEFLEDEASTI VKYAKELQAKNVKAI VVLAHV PATSKDDIAEGEAAE  
 MMKKVNQLFPENSVDI VFAGHNHQYTNGLVGKTRI VQALSQ GKAYADVRGVLDTDTQDFI  
 ETSPSAKVI AVAPGKKTGSADI QAI VDOQANTIVKQVTEAKI GTAEVSGMITRSVDQDNVSP  
 VGSLLITEAQLAIARKSWPDI DFAMTNNGGI RADLLI KPDGTITWGAAQAVQPFNGILQVV  
 EITGRDLYKALNEQYDQKQNFLLQIAGLRYTTYTDNKEGGEBTPFKVVKAYKSNGBEINPD  
 AKYKLVINDFLFGGGDGFASFRNAKLLGAINPDTEVF MAYITDLEKAGKKVSVPNKPKI  
 YVTMKNVNETITQNDGTYSI I KKL YLDRQGNIVAQEIVSDTLNQTKSKSTKINPVTTIHK  
 KQLHQFTAINPMRNYGKPSNSTTVKS

SEQ ID NO. 7119

STRAIN M781 frame: 1

QVGVQVIGVNDPFGALDNTGTANMPDGKVTNAGTAAQLDAYMDDAQKDFKQTNPNGESIR  
 VQAGDMVGASPANSGLLQDEPTVKT FNAMNVEYGT LGNHEFDEGLAEYNRI VTGKAPAPD  
 SNINNITKSY PHEAAKQEI VVANVIDKVNKQI PYNWKPYTI KNI PVNNKSVNVGFIGIVT  
 KDIPNLVLRKNYEQYEFLEDEASTI VKYAKELQAKNVKAI VVLAHV PATSKDDIAEGEAAE  
 MMKKVNQLFPENSVDI VFAGHNHQYTNGLVGKTRI VQALSQ GKAYADVRGVLDTDTQDFI  
 ETSPSAKVI AVAPGKKTGSADI QAI VDOQANTIVKQVTEAKI GTAEVSGMITRSVDQDNVSP  
 VGSLLITEAQLAIARKSWPDI DFAMTNNGGI RADLLI KPDGTITWGAAQAVQPFNGILQVV  
 EITGRDLYKALNEQYDQKQNFLLQIAGLRYTTYTDNKEGGEBTPFKVVKAYKSNGBEINPD  
 AKYKLVINDFLFGGGDGFASFRNAKLLGAINPDTEVF MAYITDLEKAGKKVSVPNKPKI  
 YVTMKNVNETITQNDGTYSI I KKL YLDRQGNIVAQEIVSDTLNQTKSKSTKINPVTTIHK  
 KQLHQFTAINPMRNYGKPSNSTTVKS

SEQ ID NO. 7120

STRAIN CJB110 frame: 1

DQVGVQVIGVNDPFGALDNTGTANMPDGKVTNAGTAAQLDAYMDDAQKDFKQTNPNGESIR  
 RVQAGDMVGASPANSGLLQDEPTVKT FNAMNVEYGT LGNHEFDEGLAEYNRI VTGKAPAPD  
 DSNINNITKSY PHEAAKQEI VVANVIDKVNKQI PYNWKPYTI KNI PVNNKSVNVGFIGIV  
 TKDIPNLVLRKNYEQYEFLEDEASTI VKYAKELQAKNVKAI VVLAHV PATSKDDIAEGEAAE  
 EMKKVNQLFPENSVDI VFAGHNHQYTNGLVGKTRI VQALSQ GKAYADVRGVLDTDTQDFI  
 IETPSAKVI AVAPGKKTGSADI QAI VDOQANTIVKQVTEAKI GTAEVSGMITRSVDQDNVSP  
 PVGSLITEAQLAIARKSWPDI DFAMTNNGGI RADLLI KPDGTITWGAAQAVQPFNGILQVV  
 VEITGRDLYKALNEQYDQKQNFLLQIAGLRYTTYTDNKEGGEBTPFKVVKAYKSNGBEINPD

Table 71: Comparative Sequences relating to SAG1333

DAKYKLVINDFLFGGGDGFASFRNAKLLGAINPDTEVFMAIITDLEKAGKCVSVPNKPK  
IYVIMKVNNETITQNDGTHSI IKKLYLDRQGNIVAQEI VSDTLNQTKSKSTKINPVTTIH  
KKQLHQFTAINPMRNYGKPSNSTTVKS

SEQ ID NO. 7121

STRAIN 1169NT frame: 1

QVGQVIGVNDFHGALDNTGTANMPDGKVNAGTAAQLDAYMDDAQKDFKQTNPNGESIR  
VQAGDMVGASPANSGLLQDEPTVKFNAMNVEYGTGLGNHEFDEGLAEYNRI VTGKAPAPD  
SNINNTKSYPHAAKQEI VVANVIDKVNKQI PYNWKPYAIKNI PVNKNKSVNVGFIGIVT  
KDIPNLVLRKNYEQYEFLEDEASTI VKYAKELQAKNVKAI VVLAHVLPATSKNDIAEGBAAB  
MMKKVNQLFPENSVDI VFAGHNHQYTNGLVGKTRIVQALSQKAYADVRGVLDITDQDFI  
ETPSAKVIAVAPGKKTGSADI QAI VQDQNTIVKQVTEAKIGTAEVSMITRSVDQDNVSP  
VGSLLITEAQLAIARKSWPDI DFAMTNNGGIRADLLIKPDGTITWGAAQAVQPFNQLQV  
BITGRDLKALNEQYDQKQNFLLQIAGLRYTTYTDNKEGGGETPFKVVKAYKSNGBEINPD  
AKYKLVINDFLFGGGDGFASFRNAKLLGAINPDTEVFMAIITDLEKAGKCVSVPNKPK  
IYVIMKVNNETITQNDGTHSI IKKLYLDRQGNIVAQEI VSDTLNQTKSKSTKINPVTTIH  
KKQLHQFTAINPMRNYGKPSNSTTVKS

SEQ ID NO. 7122

STRAIN JM9130013 frame: 2

GVQVIGVNDFHGALDNTGTANMPDGKVTNAGTAAQLDAYMDDAQKDFKQTNPNGESIRVQ  
AGDMVGASPANSGLLQDEPTVKFNAMNVEYGTGLGNHEFDEGLAEYNRI VTGKAPAPDSN  
INNITKSYPHAAKQEI VVANVIDKVNKQI PYNWKPYTIKNI PVNKNKSVNVGFIGIVTKD  
IPNLVLRKNYEQYEFLEDEASTI VKYAKELQAKNVKAI VVLAHVLPATSKDDIAEGEAAEMM  
KKVNQLFPENSVDI VFAGHNHQYTNGLVGKTRIVQALSQKAYADVRGVLDITDQDFIET  
PSAKVIAVAPGKKTGSADI QAI VQDQNTIVKQVTEAKIGTAEVSGMITRSVDQDNVSPVG  
SLITEAQLAIARKSWPDI DFAMTNNGGIRADLLIKPDGTITWGAAQAVQPFNQLQVVEI  
TGRDLKALNEQYDQKQNFLLQIAGLRYTTYTDNKEGGGETPFKVVKAYKSNGBEINPDAK  
YKLVINDFLFGGGDGFASFRNAKLLGAINPDTEVFMAIITDLEKAGKCVSVPNKPKIYV  
IMKVNNETITQNDGTHSI IKKLYLDRQGNIVAQEI VSDTLNQTKSKSTKINPVTTIHKKQ  
LHQFTAINPMRNYGKPSNSTTVKS

PRETTY of: /biotmp/msa237615.2{\*} May 14, 2003 03:22 ..

msa237615.2{328_1169NT}	1	50
msa237615.2{328_2603}	-----q	g
msa237615.2{328_A909}	-----q	g
msa237615.2{328_M732}	-----q	g
msa237615.2{328_COH1}	-----q	g
msa237615.2{328_M781}	-----q	g
msa237615.2{328_H36B}	-----q	g
msa237615.2{328_JM9130013}	-----q	g
msa237615.2{328_18RS21}	-----q	g
msa237615.2{328_090}	-----q	g
msa237615.2{328_CJB110}	-----q	g
Consensus	*****	*****
msa237615.2{328_1169NT}	51	100
msa237615.2{328_2603}	NMPDGKVA	AGDMVGASPA
msa237615.2{328_A909}	NMPDGKVA	AGDMVGASPA
msa237615.2{328_M732}	NMPDGKVA	AGDMVGASPA
msa237615.2{328_COH1}	NMPDGKVA	AGDMVGASPA
msa237615.2{328_M781}	NMPDGKVA	AGDMVGASPA
msa237615.2{328_H36B}	NMPDGKVA	AGDMVGASPA
msa237615.2{328_JM9130013}	NMPDGKVA	AGDMVGASPA
msa237615.2{328_18RS21}	NMPDGKVA	AGDMVGASPA
msa237615.2{328_090}	NMPDGKVA	AGDMVGASPA
msa237615.2{328_CJB110}	NMPDGKVA	AGDMVGASPA
Consensus	*****	*****
msa237615.2{328_1169NT}	101	150
msa237615.2{328_2603}	NSGLLQDEPT	TGKAPAPDSN
msa237615.2{328_A909}	NSGLLQDEPT	TGKAPAPDSN
msa237615.2{328_M732}	NSGLLQDEPT	TGKAPAPDSN
msa237615.2{328_COH1}	NSGLLQDEPT	TGKAPAPDSN
msa237615.2{328_M781}	NSGLLQDEPT	TGKAPAPDSN
msa237615.2{328_H36B}	NSGLLQDEPT	TGKAPAPDSN
msa237615.2{328_JM9130013}	NSGLLQDEPT	TGKAPAPDSN
msa237615.2{328_18RS21}	NSGLLQDEPT	TGKAPAPDSN
msa237615.2{328_090}	NSGLLQDEPT	TGKAPAPDSN
msa237615.2{328_CJB110}	NSGLLQDEPT	TGKAPAPDSN
Consensus	*****	*****
msa237615.2{328_1169NT}	151	200
msa237615.2{328_2603}	INNITKSYPH	NIPVNNKSVN
msa237615.2{328_A909}	INNITKSYPH	NIPVNNKSVN
msa237615.2{328_M732}	INNITKSYPH	NIPVNNKSVN
msa237615.2{328_COH1}	INNITKSYPH	NIPVNNKSVN
msa237615.2{328_M781}	INNITKSYPH	NIPVNNKSVN

Table 71: Comparative Sequences relating to SAG1333

msa237615.2{328_H36B}	INNITKSYPH	BAAKQEIWVA	NVIDKVNKQI	PYNWKPYtIK	NIPVNNKSVN
msa237615.2{328_JM9130013}	INNITKSYPH	BAAKQEIWVA	NVIDKVNKQI	PYNWKPYtIK	NIPVNNKSVN
msa237615.2{328_18RS21}	INNITKSYPH	BAAKQEIWVA	NVIDKVNKQI	PYNWKPYtIK	NIPVNNKSVN
msa237615.2{328_090}	INNITKSYPH	BAAKQEIWVA	NVIDKVNKQI	PYNWKPYaIK	NIPVNNKSVN
msa237615.2{328_CJB110}	INNITKSYPH	BAAKQEIWVA	NVIDKVNKQI	PYNWKPYaIK	NIPVNNKSVN
Consensus	*****	*****	*****	*****_...*	*****
201					
msa237615.2{328_1169NT}	VGFIGIVTKD	IPNLVLRKNY	EQYEFLEDEAE	TIVKYAKELQ	AKNVKAIIVVL
msa237615.2{328_2603}	VGFIGIVTKD	IPNLVLRKNY	EQYEFLEDEAE	TIVKYAKELQ	AKNVKAIIVVL
msa237615.2{328_A909}	VGFIGIVTKD	IPNLVLRKNY	EQYEFLEDEAE	TIVKYAKELQ	AKNVKAIIVVL
msa237615.2{328_M732}	VGFIGIVTKD	IPNLVLRKNY	EQYEFLEDEAE	TIVKYAKELQ	AKNVKAIIVVL
msa237615.2{328_COH1}	VGFIGIVTKD	IPNLVLRKNY	EQYEFLEDEAE	TIVKYAKELQ	AKNVKAIIVVL
msa237615.2{328_M781}	VGFIGIVTKD	IPNLVLRKNY	EQYEFLEDEAE	TIVKYAKELQ	AKNVKAIIVVL
msa237615.2{328_H36B}	VGFIGIVTKD	IPNLVLRKNY	EQYEFLEDEAE	TIVKYAKELQ	AKNVKAIIVVL
msa237615.2{328_JM9130013}	VGFIGIVTKD	IPNLVLRKNY	EQYEFLEDEAE	TIVKYAKELQ	AKNVKAIIVVL
msa237615.2{328_18RS21}	VGFIGIVTKD	IPNLVLRKNY	EQYEFLEDEAE	TIVKYAKELQ	AKNVKAIIVVL
msa237615.2{328_090}	VGFIGIVTKD	IPNLVLRKNY	EQYEFLEDEAE	TIVKYAKELQ	AKNVKAIIVVL
msa237615.2{328_CJB110}	VGFIGIVTKD	IPNLVLRKNY	EQYEFLEDEAE	TIVKYAKELQ	AKNVKAIIVVL
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
251					
msa237615.2{328_1169NT}	AHVPAATSKnD	IAEGEAAEMM	KKVNQLFPEN	SVDIVFAGHN	HQYTNGLVVGK
msa237615.2{328_2603}	AHVPAATSKnD	IAEGEAAEMM	KKVNQLFPEN	SVDIVFAGHN	HQYTNGLVVGK
msa237615.2{328_A909}	AHVPAATSKnD	IAEGEAAEMM	KKVNQLFPEN	SVDIVFAGHN	HQYTNGLVVGK
msa237615.2{328_M732}	AHVPAATSKnD	IAEGEAAEMM	KKVNQLFPEN	SVDIVFAGHN	HQYTNGLVVGK
msa237615.2{328_COH1}	AHVPAATSKnD	IAEGEAAEMM	KKVNQLFPEN	SVDIVFAGHN	HQYTNGLVVGK
msa237615.2{328_M781}	AHVPAATSKnD	IAEGEAAEMM	KKVNQLFPEN	SVDIVFAGHN	HQYTNGLVVGK
msa237615.2{328_H36B}	AHVPAATSKnD	IAEGEAAEMM	KKVNQLFPEN	SVDIVFAGHN	HQYTNGLVVGK
msa237615.2{328_JM9130013}	AHVPAATSKnD	IAEGEAAEMM	KKVNQLFPEN	SVDIVFAGHN	HQYTNGLVVGK
msa237615.2{328_18RS21}	AHVPAATSKnD	IAEGEAAEMM	KKVNQLFPEN	SVDIVFAGHN	HQYTNGLVVGK
msa237615.2{328_090}	AHVPAATSKnD	IAEGEAAEMM	KKVNQLFPEN	SVDIVFAGHN	HQYTNGLVVGK
msa237615.2{328_CJB110}	AHVPAATSKnD	IAEGEAAEMM	KKVNQLFPEN	SVDIVFAGHN	HQYTNGLVVGK
Consensus	*****_..*	*****	*****	*****	*****
301					
msa237615.2{328_1169NT}	TRIVQALSQG	KAYADVRGVL	DTDTQDFIET	PSAKVIAVAP	GKKTGSADIQ
msa237615.2{328_2603}	TRIVQALSQG	KAYADVRGVL	DTDTQDFIET	PSAKVIAVAP	GKKTGSADIQ
msa237615.2{328_A909}	TRIVQALSQG	KAYADVRGVL	DTDTQDFIET	PSAKVIAVAP	GKKTGSADIQ
msa237615.2{328_M732}	TRIVQALSQG	KAYADVRGVL	DTDTQDFIET	PSAKVIAVAP	GKKTGSADIQ
msa237615.2{328_COH1}	TRIVQALSQG	KAYADVRGVL	DTDTQDFIET	PSAKVIAVAP	GKKTGSADIQ
msa237615.2{328_M781}	TRIVQALSQG	KAYADVRGVL	DTDTQDFIET	PSAKVIAVAP	GKKTGSADIQ
msa237615.2{328_H36B}	TRIVQALSQG	KAYADVRGVL	DTDTQDFIET	PSAKVIAVAP	GKKTGSADIQ
msa237615.2{328_JM9130013}	TRIVQALSQG	KAYADVRGVL	DTDTQDFIET	PSAKVIAVAP	GKKTGSADIQ
msa237615.2{328_18RS21}	TRIVQALSQG	KAYADVRGVL	DTDTQDFIET	PSAKVIAVAP	GKKTGSADIQ
msa237615.2{328_090}	TRIVQALSQG	KAYADVRGVL	DTDTQDFIET	PSAKVIAVAP	GKKTGSADIQ
msa237615.2{328_CJB110}	TRIVQALSQG	KAYADVRGVL	DTDTQDFIET	PSAKVIAVAP	GKKTGSADIQ
Consensus	*****	*****	*****	*****_..**	*****
351					
msa237615.2{328_1169NT}	AIVDQANTIV	KQVTEAKIGT	AEVSGMITRS	VDQDNVSPVG	SLITEAQLAI
msa237615.2{328_2603}	AIVDQANTIV	KQVTEAKIGT	AEVSGMITRS	VDQDNVSPVG	SLITEAQLAI
msa237615.2{328_A909}	AIVDQANTIV	KQVTEAKIGT	AEVSGMITRS	VDQDNVSPVG	SLITEAQLAI
msa237615.2{328_M732}	AIVDQANTIV	KQVTEAKIGT	AEVSGMITRS	VDQDNVSPVG	SLITEAQLAI
msa237615.2{328_COH1}	AIVDQANTIV	KQVTEAKIGT	AEVSGMITRS	VDQDNVSPVG	SLITEAQLAI
msa237615.2{328_M781}	AIVDQANTIV	KQVTEAKIGT	AEVSGMITRS	VDQDNVSPVG	SLITEAQLAI
msa237615.2{328_H36B}	AIVDQANTIV	KQVTEAKIGT	AEVSGMITRS	VDQDNVSPVG	SLITEAQLAI
msa237615.2{328_JM9130013}	AIVDQANTIV	KQVTEAKIGT	AEVSGMITRS	VDQDNVSPVG	SLITEAQLAI
msa237615.2{328_18RS21}	AIVDQANTIV	KQVTEAKIGT	AEVSGMITRS	VDQDNVSPVG	SLITEAQLAI
msa237615.2{328_090}	AIVDQANTIV	KQVTEAKIGT	AEVSGMITRS	VDQDNVSPVG	SLITEAQLAI
msa237615.2{328_CJB110}	AIVDQANTIV	KQVTEAKIGT	AEVSGMITRS	VDQDNVSPVG	SLITEAQLAI
Consensus	*****	*****	*****_..**	*****	*****
401					
msa237615.2{328_1169NT}	ARKSWPDIDF	AMTNNGGIRA	DLLIKPDGTI	TWGAAQAVQP	FGNQLQVVEI
msa237615.2{328_2603}	ARKSWPDIDF	AMTNNGGIRA	DLLIKPDGTI	TWGAAQAVQP	FGNQLQVVEI
msa237615.2{328_A909}	ARKSWPDIDF	AMTNNGGIRA	DLLIKPDGTI	TWGAAQAVQP	FGNQLQVVEI
msa237615.2{328_M732}	ARKSWPDIDF	AMTNNGGIRA	DLLIKPDGTI	TWGAAQAVQP	FGNQLQVVEI
msa237615.2{328_COH1}	ARKSWPDIDF	AMTNNGGIRA	DLLIKPDGTI	TWGAAQAVQP	FGNQLQVVEI
msa237615.2{328_M781}	ARKSWPDIDF	AMTNNGGIRA	DLLIKPDGTI	TWGAAQAVQP	FGNQLQVVEI
msa237615.2{328_H36B}	ARKSWPDIDF	AMTNNGGIRA	DLLIKPDGTI	TWGAAQAVQP	FGNQLQVVEI
msa237615.2{328_JM9130013}	ARKSWPDIDF	AMTNNGGIRA	DLLIKPDGTI	TWGAAQAVQP	FGNQLQVVEI
msa237615.2{328_18RS21}	ARKSWPDIDF	AMTNNGGIRA	DLLIKPDGTI	TWGAAQAVQP	FGNQLQVVEI
msa237615.2{328_090}	ARKSWPDIDF	AMTNNGGIRA	DLLIKPDGTI	TWGAAQAVQP	FGNQLQVVEI
msa237615.2{328_CJB110}	ARKSWPDIDF	AMTNNGGIRA	DLLIKPDGTI	TWGAAQAVQP	FGNQLQVVEI
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
451					
msa237615.2{328_1169NT}	TGRDLYKALN	BOYDQKQNP	LQIAGLRYTY	TDNKEGGGEET	PFKVVKAYKS
msa237615.2{328_2603}	TGRDLYKALN	BOYDQKQNP	LQIAGLRYTY	TDNKEGGGEET	PFKVVKAYKS
msa237615.2{328_A909}	TGRDLYKALN	BOYDQKQNP	LQIAGLRYTY	TDNKEGGGEET	PFKVVKAYKS
msa237615.2{328_M732}	TGRDLYKALN	BOYDQKQNP	LQIAGLRYTY	TDNKEGGGEET	PFKVVKAYKS
msa237615.2{328_COH1}	TGRDLYKALN	BOYDQKQNP	LQIAGLRYTY	TDNKEGGGEET	PFKVVKAYKS

Table 71: Comparative Sequences relating to SAG1333

msa237615.2{328_M781}	TGRDLYKALN	EQYDQKQNF	LQIAGLRITY	TDNKEGGEET	PFKVVVKAYKS
msa237615.2{328_H36B}	TGRDLYKALN	EQYDQKQNF	LQIAGLRITY	TDNKEGGEET	PFKVVVKAYKS
msa237615.2{328_JM9130013}	TGRDLYKALN	EQYDQKQNF	LQIAGLRITY	TDNKEGGEET	PFKVVVKAYKS
msa237615.2{328_18RS21}	TGRDLYKALN	EQYDQKQNF	LQIAGLRITY	TDNKEGGEET	PFKVVVKAYKS
msa237615.2{328_090}	TGRDLYKALN	EQYDQKQNF	LQIAGLRITY	TDNKEGGEET	PFKVVVKAYKS
msa237615.2{328_CJB110}	TGRDLYKALN	EQYDQKQNF	LQIAGLRITY	TDNKEGGEET	PFKVVVKAYKS
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa237615.2{328_1169NT}	NGEEINPDAK	YKLVINDFLF	GGGDGFASFR	NAKLLGAINP	DTEVFMAYIT
msa237615.2{328_2603}	NGEEINPDAK	YKLVINDFLF	GGGDGFASFR	NAKLLGAINP	DTEVFMAYIT
msa237615.2{328_A909}	NGEEINPDAK	YKLVINDFLF	GGGDGFASFR	NAKLLGAINP	DTEVFMAYIT
msa237615.2{328_M732}	NGEEINPDAK	YKLVINDFLF	GGGDGFASFR	NAKLLGAINP	DTEVFMAYIT
msa237615.2{328_COH1}	NGEEINPDAK	YKLVINDFLF	GGGDGFASFR	NAKLLGAINP	DTEVFMAYIT
msa237615.2{328_M781}	NGEEINPDAK	YKLVINDFLF	GGGDGFASFR	NAKLLGAINP	DTEVFMAYIT
msa237615.2{328_H36B}	NGEEINPDAK	YKLVINDFLF	GGGDGFASFR	NAKLLGAINP	DTEVFMAYIT
msa237615.2{328_JM9130013}	NGEEINPDAK	YKLVINDFLF	GGGDGFASFR	NAKLLGAINP	DTEVFMAYIT
msa237615.2{328_18RS21}	NGEEINPDAK	YKLVINDFLF	GGGDGFASFR	NAKLLGAINP	DTEVFMAYIT
msa237615.2{328_090}	NGEEINPDAK	YKLVINDFLF	GGGDGFASFR	NAKLLGAINP	DTEVFMAYIT
msa237615.2{328_CJB110}	NGEEINPDAK	YKLVINDFLF	GGGDGFASFR	NAKLLGAINP	DTEVFMAYIT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa237615.2{328_1169NT}	DLEKAGKKVS	VPNNKPKIYV	TMKMVNETIT	QNDGThSIik	KLYLDRQGNi
msa237615.2{328_2603}	DLEKAGKKVS	VPNNKPKIYV	TMKMVNETIT	QNDGThSIik	KLYLDRQGNi
msa237615.2{328_A909}	DLEKAGKKVS	VPNNKPKIYV	TMKMVNETIT	QNDGThSIik	KLYLDRQGNi
msa237615.2{328_M732}	DLEKAGKKVS	VPNNKPKIYV	TMKMVNETIT	QNDGThSIik	KLYLDRQGNi
msa237615.2{328_COH1}	DLEKAGKKVS	VPNNKPKIYV	TMKMVNETIT	QNDGThSIik	KLYLDRQGNi
msa237615.2{328_M781}	DLEKAGKKVS	VPNNKPKIYV	TMKMVNETIT	QNDGThSIik	KLYLDRQGNi
msa237615.2{328_H36B}	DLEKAGKKVS	VPNNKPKIYV	TMKMVNETIT	QNDGThSIik	KLYLDRQGNi
msa237615.2{328_JM9130013}	DLEKAGKKVS	VPNNKPKIYV	TMKMVNETIT	QNDGThSIik	KLYLDRQGNi
msa237615.2{328_18RS21}	DLEKAGKKVS	VPNNKPKIYV	TMKMVNETIT	QNDGThSIik	KLYLDRQGNi
msa237615.2{328_090}	DLEKAGKKVS	VPNNKPKIYV	TMKMVNETIT	QNDGThSIik	KLYLDRQGNi
msa237615.2{328_CJB110}	DLEKAGKKVS	VPNNKPKIYV	TMKMVNETIT	QNDGThSIik	KLYLDRQGNi
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa237615.2{328_1169NT}	VAQEIVSDTL	NQTKSKSTKI	NPVTTIHKKQ	LHQFTAINPM	RNYGKPSNST
msa237615.2{328_2603}	VAQEIVSDTL	NQTKSKSTKI	NPVTTIHKKQ	LHQFTAINPM	RNYGKPSNST
msa237615.2{328_A909}	VAQEIVSDTL	NQTKSKSTKI	NPVTTIHKKQ	LHQFTAINPM	RNYGKPSNST
msa237615.2{328_M732}	VAQEIVSDTL	NQTKSKSTKI	NPVTTIHKKQ	LHQFTAINPM	RNYGKPSNST
msa237615.2{328_COH1}	VAQEIVSDTL	NQTKSKSTKI	NPVTTIHKKQ	LHQFTAINPM	RNYGKPSNST
msa237615.2{328_M781}	VAQEIVSDTL	NQTKSKSTKI	NPVTTIHKKQ	LHQFTAINPM	RNYGKPSNST
msa237615.2{328_H36B}	VAQEIVSDTL	NQTKSKSTKI	NPVTTIHKKQ	LHQFTAINPM	RNYGKPSNST
msa237615.2{328_JM9130013}	VAQEIVSDTL	NQTKSKSTKI	NPVTTIHKKQ	LHQFTAINPM	RNYGKPSNST
msa237615.2{328_18RS21}	VAQEIVSDTL	NQTKSKSTKI	NPVTTIHKKQ	LHQFTAINPM	RNYGKPSNST
msa237615.2{328_090}	VAQEIVSDTL	NQTKSKSTKI	NPVTTIHKKQ	LHQFTAINPM	RNYGKPSNST
msa237615.2{328_CJB110}	VAQEIVSDTL	NQTKSKSTKI	NPVTTIHKKQ	LHQFTAINPM	RNYGKPSNST
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa237615.2{328_1169NT}	TVKS-----	-----	-----	-----	-----
msa237615.2{328_2603}	TVKSKQlpkt	nseygqsfilm	svfgvgligi	alntkddchmk	-----
msa237615.2{328_A909}	TVKSKQ----	-----	-----	-----	-----
msa237615.2{328_M732}	TVKSKQ----	-----	-----	-----	-----
msa237615.2{328_COH1}	TVKS-----	-----	-----	-----	-----
msa237615.2{328_M781}	TVKS-----	-----	-----	-----	-----
msa237615.2{328_H36B}	TVKS-----	-----	-----	-----	-----
msa237615.2{328_JM9130013}	TVKSK-----	-----	-----	-----	-----
msa237615.2{328_18RS21}	TVKSK-----	-----	-----	-----	-----
msa237615.2{328_090}	TVKSKQ----	-----	-----	-----	-----
msa237615.2{328_CJB110}	TVKS-----	-----	-----	-----	-----
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****



Table 72: Comparative Sequences relating to SAG0941

SEQ ID NO. 7201

STRAIN 2603

ATGAATAAACCAGCGTAAAAATCGTTGCAACACTTGGTCTCGCGGTGAATTCGGTGGTG  
 GTAAGAACTTTGGTGGTCTGGATACTGGGGTGAAAGCCTTGACGTAGAAGCTTCAGCAG  
 AAAAAATGCTCAATGATTAAAGAAGGTGCTAACGTTTTCCGTTTCAACTTCTCACATG  
 GAGATCATGCTGAGCAAGGAGCTCGTATGGCTACTGTTGCTAAAGCAGAAGAGATTGCG  
 GACAAAAAGTTGGCTTCCCTCTTGATATAAGGACCTGAAATTCGTACAGAACTTTTGG  
 AAGATGGTGCAGATTTCCATTATCATATACACAGGTACAAAATTACGTGTTGCTACTAAGC  
 AAGGTATCAAACTCACTCCAGAAAGTGTGCTTGAATGTTGCTGGTGGACTTGACATCT  
 TTGATGACGTTGAAGTTGGTAAGCAAACTCTTGTGATGATGGTAACTAGGTCTTACTG  
 TGTTTGCAAAAGATAAAGCACTCGTGAATTTGAAGTAGTTGTTGAGAAATGATGGCCTTA  
 TTGGTAAACAAAAGGTGTAACATCCCTTATATAAAATTCCTTTCCAGCACTTGCGAG  
 AACGCGATAATGCTGATATCCGTTTGGACTTGAGCAAGGACTTAACITTTATGCTATCT  
 CATTTGTACGTACTGCTAAAGATGTTAATGAAGTTCGTGCTATTTGTGAAGAACTGGsm  
 ATGGACACGTTAAGTTGTTTGTAAAATTGAAATCAACAAGGTATCGATAATATTGATG  
 AGATTATCGAAGCAGCAGATGGTATTATGATTGCTCGTGGTGAATGGGTATCGAAGTTC  
 CATTTGAAATGGTTCCAGTTTACCAAAAAATGATCATTAATAAGTTAATGCGAGCTGGTA  
 AAGCAGTTATTACAGCAACAAATATGCTTGAACAATGACTGATAAACCAAGTGCAGCTC  
 GTTCAGAAAGTATCGATGCTTCAATGCTGTTATGATGGTACTGATGCTACAATGCTTT  
 CAGGTGAGTCAGCTAATGGTAAATACCCAGTTGAGTCAGTTGCTACAATGGCTACTATTG  
 ATAAAAATGCTCAAACTTACTCAATGAGTATGGTGGCTTAGACTCATCTGCATTTCCAC  
 GTAAATAACAAAATGATGTTATGCTATGCTGGTTAAAGATGCAACACACTCAATGGATA  
 TCAAACTTGTGTTGAACAATTACTGAAACAGGTAAATACAGCTCGTGCCATTTCTAAATTC  
 GTCCAGATGCGACATTTTGGCTGTTACATTTGATGAAAAGTACAACGTTTCAATGATGA  
 TTAATCTGGGGTGTATCCCTGCTCTTGACAGCAAAACAGCATCTACAGATGATATGTTTG  
 AGGTTGCAAGACGCTGTAGCACTTGAAGCAGGATTTGTTGAATCAGGCGATAATATCGTTA  
 TCGTTGACAGGTGTTCTGTAGGTACAGGTGGAACATAACAATGCGTGTCTGCTACTGTTA  
 AA

SEQ ID NO. 7202

STRAIN 090

AATAAACCGCGTAAAAATCGTTGCAACACT  
 TGGTCTCGCGGTAGAATTCGGTGGTGAAGAGTTTGGTGGTCTGGAT  
 ACTGGGGTGAAAGCCTTGACGTAGAAGCTTCAGCAGAAAAAATGCTCAA  
 TTGATTAAAGAAGGTGCTAACGTTTTCCGTTTCAACTTCTCACATGGAGA  
 TCATGCTGAGCAAGGAGCTCGTATGGCTACTGTTGCTAAAGCAGAAGAGA  
 TTGCGAGACAAAAAGTTGGCTTCCCTCTTGATACTAAAGGACCTGAAAT  
 CGTACAGAACTTTTGAAGATGGTTGAGTTTCCATTATATACACAGG  
 TACAGAAATTACGTTGCTACTAAGCAAGGTATCAAATCAACTCCAGAAG  
 TGATTGCAATGAATGTTGCTGGTGGACTTGACATCTTTGATGACGTTGAA  
 GTTGGTAAGCAAACTCTTGTGATGATGGTAACTAGGTCTTACTGTGTT  
 TGCAAAAGATAAAGACACTCGTGAATTTGAAGTAGTTGTTGAGAATGATG  
 GCCTTATTTGGTAAACAAAAAGGTGTAACATCCCTTATACTAAATTCCT  
 TTCCAGCACTTGCGAGAACGCGATAATGCTGATATCCGTTTGGACTTGA  
 GCAAGGACTTAACITTTATGCTATCTCATTGTTAGCTACTGCTAAAGATG  
 TTAATGAAGTTCTGCTATTTGTTGAAGAACTGGCAATGGACATGTTAAG  
 TTGTTTGTCTAAATTTGAAAAATCAACAAGGTATCGATAATATTGATGAGT  
 TATCGAAGCAGCAGATGTTATGATGCTCGTGGTGAATGGGTATCG  
 AAGTTCCATTGAAATGGTTCCAGTTTACCAAAAAATGATCATTACTAAA  
 GTTAATGCGAGCTGGTAAAGCAGTTATTACAGCAACAAATATGCTTGAAAC  
 AATGACTGATAAACCAAGCTGCGACTCGTTGAGAAGTATCTGATGCTTCA  
 ATGCTGTATTGATGGTACTGATGCTACAATGCTTTGAGGTGAGTCAGCT  
 AATGGTAAATACCCAGTTGAGTCAGTTGCTACAATGGCTACTATTGATAA  
 AATGCTCAAACTTACTCAATGAGTATGGTGGCTTAGACTCATCTGCAT  
 TCCACGTAATAACAAAACTGATGTTATTGCTATCGCGTTAAAGATGCA  
 ACACACTCAATGGATATCAAACTTGTGTTGACAAATTAAGAACAGGTAA  
 TACAGCTCGTGCCATTTCTAAATTCGTCAGATGCGACATTTTGGCTG  
 TTACATTTGATGAAAAAGTACAACGTTTCAATGATGATTAACTGGGGTGT  
 ATCCCTGCTCTTGACAGCAAAACAGCATCTACAGATGATATGTTTGAGGT  
 TGCAGAAACGTTAGCACTTGAAGCAGGACTTGTGAATCAGGCGATAATA  
 TCGTTATCGTTGACGGTGTCTGTAGGTACAGGTGGAACATAACAATG  
 CGTGTCTGCTACTGTTAAA

SEQ ID NO. 7203

STRAIN A909

AATAAACCGCGTAAAAATCGTTGCAACACTTGGTC  
 CTGCGGTGGAATTCGGTGGTGAAGAGTTTGGTGGTCTGGATACTGG  
 GGTGAAGCCTTGACGTAGAAGCTTCAGCAGAAAAAATGCTCAATGAT  
 TAAAGAAGGTGCTAACGTTTTCCGTTTCAACTTCTCACATGGAGATCATG  
 CTGAGCAAGGAGCTCGTATGGCTACTGTTGCTAAAGCAGAAGAGATTGCA  
 GGACAAAAAGTTGGCTTCCCTCTTGATACTAAAGGACCTGAAATTCGTAC  
 AGAACTTTTGAAGATGGTGCAGATTTCCATTATATACACAGGTACAA  
 AATTAAGTGTGCTACTAAGCAAGGTATCAAATCAACTCCAGAAGTATT  
 GCATTGAATGTTGCTGGTGGACTTGACATCTTTGATGACGTTGAAGTTGG  
 TAAGCAAACTCTTGTGATGATGGTAACTAGGTCTTACTGTGTTTGCAA  
 AAGATAAGACACTCGTGAATTTGAAGTAGTTGTTGAGAATGATGGCCTT  
 ATTGGTAAACAAAAGGTGTAACATCCCTTATACTAAATTCCTTTCCC  
 AGCACTTGCAAGACGCGATAATGCTGATATCCGTTTGGACTTGAGCAAG  
 GACTTAACITTTATGCTATCTCATTGTTGACGTACTGCTAAAGATGTTAAT  
 GAAGTTCTGTCTATTGTTGAAGAACTGGCAATGGACAGCTTAAGTTGTT  
 TGCTAAATTTGAAAAATCAACAAGGTATCGATAATATTGATGAGATTATCG  
 AAGCAGCAGATGGTATTATGATGCTCGTGGTGAATGGGTATCGAAGTT  
 CCATTTGAAATGGTTCCAGTTTACCAAAAAATGATCATTACTAAGTTAA

Table 72: Comparative Sequences relating to SAG0941

TGCAGCTGGTAAAGCAGTTATTACAGCAACAAATATGCTTGAAACAAATGA  
CTGATAAACCCAGTGGGACTCGTTGAGAAGTATCTGATGTCTTCAATGCT  
GTTATTGATGGTACTGATGCTACAAATGCTTTCAGGTGAGTCAGCTAATGG  
TAAATACCCAGTTGAGTCAGTTTCGTACAAATGGCTACTATTGATAAAAAATG  
CTCAAACTTACTCAATGAGTATGGTTCGCTTAGACTCATCTGCATTCCCA  
CGTAATAACAAAAGTATGTTATTGCATCTGCGGTTAAAGATGCAACACA  
CTCAATGGATATCAAACTTGTGTAAACAATTACTGAAACAGGTAAATACAG  
CTCGTGCCATTCTTAAATTCGTCAGATGCGAGACATTTTGGCTGTTACA  
TTTGATGAAAAAGTACAACGTTTATTGATGATTAATCGGGGTGTTATCCC  
TGTCCTTGACAGACAAACAGCATCTACAGATGATATGTTTGAGGTTGCAG  
AACGTGTAGCACTTGAAGCAGGATTGTTGAATCAGGCGATAATATCGTT  
ATCGTTGAGGTGTTCTGTAGGTACAGGTGGAACTAACAAATGCGTGT  
TCGTACTGTTAAA

SEQ ID NO. 7204

STRAIN H36B

AATAAACCGCTAAAAATCGTTGCAAC  
ACTTGGTCTCGCGTTGAATTCGTTGGTGAAGAAGTTTGGTGAAGTCTG  
GATACTGGGGTGAAGCCCTTGACGTAGAAGCTTCAGCAGAAAAATTGCT  
CAATTGATTAAAGAAAGTGCTAACGTTTTCGTTTCAACTTCTCACATGG  
AGATCATGCTGAGCAAGGAGCTCGTATGGCTACTGTTGTAAGCAGAAAG  
AGATTGCAGGACAAAAGTTGGCTTCTCTGATACTAAAGGACCTGAA  
ATTGTCACAGAACTTTTGAAGATGGTGCAGATTCCATTCAATATACAAC  
AGGTACAAAATTACGTGTTGCTACTAAGCAAGGTATCAAAATCACTCCAG  
AAGTGATTGCATTGAATGTTGCTGGTGGACTTGACATCTTGTATGACGTT  
GAAGTTGGTAAAGCAAACTCCTTGTGATGATGGTAAACTAGGTCTTACTGT  
GTTTGCAAAAGATAAAGACACTCGTGAATTTGAAGTAGTTGTTGAGAATG  
ATGGCCTTATTGGTAAACAAAAGGTGTAACATCCCTTATACTAAAAT  
CCTTTCCAGCACTTGCAAGACGCGATAATGCTGATATCCGTTTGGACT  
TGAGCAAGGACTTAACTTTATGCTATCTCATTGTACGTAAGTCTGTAAG  
ATGTTAATGAAGTTCGTGCTATTTGTGAAGAACTGGCAATGGACACGTT  
AAGTTGTTTGTCTAAAATGAAAATCAACAAGGTATCGATAATATTGATGA  
GATTATCGAAGCAGCAGATGGTATTATGATGCTCGTGGTGAATGGGTA  
TCGAAGTTCATTGAAATGGTTCAGTTTACCAAAAAATGATCAATACT  
AAAGTTAATGACGCTGGTAAAGCAGTTATTACAGCAACAAATATGCTTGA  
AACAAATGACTGATAAACCAAGTGCAGTCTGTTGAGAAGTATCTGATGCT  
TCAATGCTGTTATTGATGGTACTGATGCTACAATGCTTTCAGGTGAGTCA  
GCTAATGGTAAATACCCAGTTGAGTCAGTTTCGTACAAATGGCTACTATTGA  
TAAAAATGCTCAAACTTACTCAATGAGTATGGTTCGCTTAGACTCATCTG  
CATTCACAGTAAATCAAACTGATGTTATTGCTATCTGCGGTTAAAGAT  
GCAACACACTCAATGGATATCAAACTTGTGTAACAATTACTGAACACAG  
TAATACAGCTCGTGCCATTCTTAAATTCGTCAGATGCGAGACATTTGG  
CTGTTACATTGATGAAAAAGTACAACGTTTATTGATGATTAAGTGGGT  
GTTATCCCTGTCCTTGACAGACAAACAGCATCTACAGATGATATGTTGA  
GGTTGCAGAACGTTAGCACTTGAAGCAGGATTGTTGAATCAGGCGATA  
ATATCGTTATCGTTGACAGGTGTTCTGTAGGTACAGGTGGAACTAACACA  
ATGCGTGTTCGTACTGTTAAA

SEQ ID NO. 7205

STRAIN 18RS21

AATAAACCGCTAAAAATCGTTGCAAC  
ACTTGGTCTCGCGTTGAATTCGTTGGTGAAGAAGTTTGGTGAAGTCTG  
GATACTGGGGTGAAGCCCTTGACGTAGAAGCTTCAGCAGAAAAATTGCT  
CAATTGATTAAAGAAAGTGCTAACGTTTTCGTTTCAACTTCTCACATGG  
AGATCATGCTGAGCAAGGAGCTCGTATGGCTACTGTTGTAAGCAGAAAG  
AGATTGCAGGACAAAAGTTGGCTTCTCTGATACTAAAGGACCTGAA  
ATTGTCACAGAACTTTTGAAGATGGTGCAGATTCCATTCAATATACAAC  
AGGTACAAAATTACGTGTTGCTACTAAGCAAGGTATCAAAATCACTCCAG  
AAGTGATTGCATTGAATGTTGCTGGTGGACTTGACATCTTGTATGACGTT  
GAAGTTGGTAAAGCAAACTCCTTGTGATGATGGTAAACTAGGTCTTACTGT  
GTTTGCAAAAGATAAAGACACTCGTGAATTTGAAGTAGTTGTTGAGAATG  
ATGGCCTTATTGGTAAACAAAAGGTGTAACATCCCTTATACTAAAAT  
CCTTTCCAGCACTTGCAAGACGCGATAATGCTGATATCCGTTTGGACT  
TGAGCAAGGACTTAACTTTATGCTATCTCATTGTAAGTACTGCTAAAG  
ATGTTAATGAAGTTCGTGCTATTTGTGAAGAACTGGCAATGGACACGTT  
AAGTTGTTTGTCTAAAATGAAAATCAACAAGGTATCGATAATATTGATGA  
GATTATCGAAGCAGCAGATGGTATTATGATGCTCGTGGTGAATGGGTA  
TCGAAGTTCATTGAAATGGTTCAGTTTACCAAAAAATGATCAATACT  
AAAGTTAATGACGCTGGTAAAGCAGTTATTACAGCAACAAATATGCTTGA  
AACAAATGACTGATAAACCAAGTGCAGTCTGTTGAGAAGTATCTGATGCT  
TCAATGCTGTTATTGATGGTACTGATGCTACAATGCTTTCAGGTGAGTCA  
GCTAATGGTAAATACCCAGTTGAGTCAGTTTCGTACAAATGGCTACTATTGA  
TAAAAATGCTCAAACTTACTCAATGAGTATGGTTCGCTTAGACTCATCTG  
CATTCACAGTAAATCAAACTGATGTTATTGCTATCTGCGGTTAAAGAT  
GCAACACACTCAATGGATATCAAACTTGTGTAACAATTACTGAACACAG  
TAATACAGCTCGTGCCATTCTTAAATTCGTCAGATGCGAGACATTTGG  
CTGTTACATTGATGAAAAAGTACAACGTTTATTGATGATTAAGTGGGT  
GTTATCCCTGTCCTTGACAGACAAACAGCATCTACAGATGATATGTTGA  
GGTTGCAGAACGTTAGCACTTGAAGCAGGATTGTTGAATCAGGCGATA  
ATATCGTTATCGTTGACAGGTGTTCTGTAGGTACAGGTGGAACTAACACA  
ATGCGTGTTCGTACTGTTAAA

SEQ ID NO. 7206

Table 72: Comparative Sequences relating to SAG0941

## STRAIN M732

AATAAACGCGTAAAAATCGTTGCAAC  
 ACTTGGTCCTGCGGTAGAATTCCGTTGGTGGTAAGAAGTTTGGTGAGTCTG  
 GATACTGGGGTGAAAGCCTTGACGTAGAAGCTTCAGCAGAAAAAATTGCT  
 CAATTGATTAAAGAAGGTGCTAACGTTTTCCGTTTCAACTTCTCACATGG  
 AGATCATGCTGAGCAAGGAGCTCGTATGGCTACTGTTTCGTAAAGCAGAAG  
 AGATTGCAGGACAAAAAGTTGGCTTCCTCCTTGATACTAAAGGACCTGAA  
 ATTTCGTACAGAACTTTTGAAGATGGTGAGATTTCATTTCATATACAAC  
 AGGTACAAAAATTACGTTTGTCTACTAAGCAAGGTATCAAATCAACTCCAG  
 AAGTGATTGCATTGAATGTTGCTGGTGGACTTGACATCTTTGATGACGTT  
 GAAGTTGGTAAGCAAATCCTTGTGATGATGGTAAACTAGGTCTTACTGT  
 GTTTGCAAAAGATAAAGACACTCGTGAATTTGAAGTAGTTGTTGAGAATG  
 ATGGCCTTATTGGTAAACAAAAAGGTGTAACATCCCTTATACTAAAAAT  
 CCTTTCCAGCACTTGAGAACGCGATAATGCTGATATCCGTTTGGACT  
 TGAGCAAGGACTTAACTTTATTGCTATCTCATTTGTACGTACTGCTAAAG  
 ATGTTAATGAAGTTTCGTGCTATTTGTGAAGAACTGGCAATGGACACGTT  
 AAGTTGTTTGTCTAAAAATGAAAATCAACAAGGTATCGATAATATTGATGA  
 GATTATCGAAGCAGCAGATGGTATTATGATTGCTCGTGGTGATATGGGTA  
 TCGAAGTTCCATTGAAATGGTTCCAGTTTACCAAAAAATGATCATTACT  
 AAAGTTAATGCAGCTGGTAAAGCAGTTATTACAGCAACAAATATGCTTGA  
 AACAAATGACTGATAAACACCGTGGGACTCGTTGAGAAGTATCTGATGTCT  
 TCAATGCTGTTATTGATGGTACTGATGCTACAATGCTTTCCAGGTGAGTCA  
 GCTAATGGTAAATACCCAGTTGAGTCAGTTTCGTACAATGGCTACTATTGA  
 TAAAAATGCTCAACATTACTCAATGAGTATGGTCGCTTAGACTCATCTG  
 CATTCCCAGCTAATAACAAAACTGATGTTATTGTCATCTGCGGTTAAAGAT  
 GCAACACACTCAATGGATATCAAACTTGTGTAACAATTACTGAAACAGG  
 TAATACAGCTCGTGCCATTCTAAATTCGGTCCAGATGCAGACATTTTGG  
 CTGTTACATTGATGAAAAAGTACAACGTTTATTGATGATTAACTGGGGT  
 GTTATCCCTGTCTTGCAGACAAACAGCATCTACAGATGATATGTTTGA  
 GGTTCGAGAACGTGTAGCACTTGAAGCAGGACTTGTGAAATCAGGCGATA  
 ATATCGTTATCGTTGCAGGTGTTCTGTAGGTACAGGTGGAACATAACACA  
 ATGCGTGTTCGTACTGTTAAA

## SEQ ID NO. 7207

## STRAIN COH1

AATAAACGCGTAAAAATCGTTGCAAC  
 ACTTGGTCCTGCGGTAGAATTCCGTTGGTGGTAAGAAGTTTGGTGAGTCTG  
 GATACTGGGGTGAAAGCCTTGACGTAGAAGCTTCAGCAGAAAAAATTGCT  
 CAATTGATTAAAGAAGGTGCTAACGTTTTCCGTTTCAACTTCTCACATGG  
 AGATCATGCTGAGCAAGGAGCTCGTATGGCTACTGTTTCGTAAAGCAGAAG  
 AGATTGCAGGACAAAAAGTTGGCTTCCTCCTTGATACTAAAGGACCTGAA  
 ATTTCGTACAGAACTTTTGAAGATGGTGAGATTTCATTTCATATACAAC  
 AGGTACAAAAATTACGTTTGTCTACTAAGCAAGGTATCAAATCAACTCCAG  
 AAGTGATTGCTATTGAATGTTGCTGGTGGACTTGACATCTTTGATGACGTT  
 GAAGTTGGTAAGCAAATCCTTGTGATGATGGTAAACTAGGTCTTACTGT  
 GTTTGCAAAAGATAAAGCACTCGTGAATTTGAAGTAGTTGTTGAGAATG  
 ATGGCCTTATCGGTAACAAAAAGGTGTAACATCCCTTATACTAAAAAT  
 CCTTTCCAGCACTTGAGAACGCGATAATGCTGATATCCGTTTGGACT  
 TGAGCAAGGACTTAACTTTATTGCTATCTCATTTGTACGTACTGCTAAAG  
 ATGTTAATGAAGTTTCGTGCTATTTGTGAAGAACTGGCAATGGACACGTT  
 AAGTTGTTTGTCTAAAAATGAAAATCAACAAGGTATCGATAATATTGATGA  
 GATTATCGAAGCAGCAGATGGTATTATGATTGCTCGTGGTGATATGGGTA  
 TCGAAGTTCCATTGAAATGGTTCCAGTTTACCAAAAAATGATCATTACT  
 AAAGTTAATGCAGCTGGTAAAGCAGTTATTACAGCAACAAATATGCTTGA  
 AACAAATGACTGATAAACACCGTGGGACTCGTTGAGAAAGTATCTGATGTCT  
 TCAATGCTGTTATTGATGGTACTGATGCTACAATGCTTCCAGGTGAGTCA  
 GCTAATGGTAAATACCCAGTTGAGTCAGTTTCGTACAATGGCTACTATTGA  
 TAAAAATGCTCAACATTACTCAATGAGTATGGTCGCTTAGACTCATCTG  
 CATTCCCAGCTAATAACAAAACTGATGTTATTGTCATCTGCGGTTAAAGAT  
 GCAACACACTCAATGGATATCAAACTTGTGTAACAATTACTGAAACAGG  
 TAATACAGCTCGTGCCATTCTAAATTCGGTCCAGATGCAGACATTTTGG  
 CTGTTACATTGATGAAAAAGTACAACGTTTATTGATGATTAACTGGGGT  
 GTTATCCCTGTCTTGCAGACAAACAGCATCTACAGATGATATGTTTGA  
 GGTTCGAGAACGTGTAGCACTTGAAGCAGGACTTGTGAAATCAGGCGATA  
 ATATCGTTATCGTTGCAGGTGTTCTGTAGGTACAGGTGGAACATAACACA  
 ATGCGTGTTCGTACTGTTAAA

## SEQ ID NO. 7208

## STRAIN M781

AATAAACGCGTAAAAATCGTTGCAAC  
 ACTTGGTCCTGCGGTAGAATTCCGTTGGTGGTAAGAAGTTTGGTGAGTCTG  
 GATACTGGGGTGAAAGCCTTGACGTAGAAGCTTCAGCAGAAAAAATTGCT  
 CAATTGATTAAAGAAGGTGCTAACGTTTTCCGTTTCAACTTCTCACATGG  
 AGATCATGCTGAGCAAGGAGCTCGTATGGCTACTGTTTCGTAAAGCAGAAG  
 AGATTGCAGGACAAAAAGTTGGCTTCCTCCTTGATACTAAAGGACCTGAA  
 ATTTCGTACAGAACTTTTGAAGATGGTGAGATTTCATTTCATATACAAC  
 AGGTACAAAAATTACGTTTGTCTACTAAGCAAGGTATCAAATCAACTCCAG  
 AAGTGATTGCATTGAATGTTGCTGGTGGACTTGACATCTTTGATGACGTT  
 GAAGTTGGTAAGCAAATCCTTGTGATGATGGTAAACTAGGTCTTACTGT  
 GTTTGCAAAAGATAAAGACACTCGTGAATTTGAAGTAGTTGTTGAGAATG  
 ATGGCCTTATTGGTAAACAAAAAGGTGTAACATCCCTTATACTAAAAAT  
 CCTTTCCAGCACTTGAGAACGCGATAATGCTGATATCCGTTTGGACT  
 TGAGCAAGGACTTAACTTTATTGCTATCTCATTTGTACGTACTGCTAAAG

Table 72: Comparative Sequences relating to SAG0941

ATGTTAATGAAGTTCGTGCTATTTGTGAAGAACTGGCAATGGACACGTT  
 AAGTTGTTTGTCTAAAATTGAAAATCAACAAGGTATCGATAATATTGATGA  
 GATTATCGAAGCAGCAGATGGTATTATGATTGCTCGTGGTGATATGGGTA  
 TCGAAGTTCCATTGTAATGGTTCAGTTTACCAAAAAATGATCATTACT  
 AAAGTTAATGCAGCTGGTAAAGCAGTTATTACAGCAACAAATATGCTTGA  
 AACAATGACTGATAAACACCGTGCAGCTCGTTCAGAAGTATCTGATGTCT  
 TCAATGCTGTTATTGATGGTACTGATGCTACAATGCTTTCAGGTGAGTCA  
 GCTAATGGTAAATACCCAGTTGAGTCAGTTTCGTACAATGGCTACTATTGA  
 TAAAAATGCTCAAACTTACTCAATGAGTATGGTTCGCTTAGACTCATCTG  
 CATTCCACGTAATAACAAAACCTGATGTTATTGCATCTGCGGTTAAAGAT  
 GCAACACACTCAATGGATATCAAACCTGTTGTAAACAATTACTGAAACAGG  
 TAATACAGCTCGTGCCATTTCCTAAGTTCCGTCAGATGCAGACATTTTGG  
 CTGTTACATTGATGAAAAAGTACAACGTTCAATTGATGATTAACTGGGGT  
 GTTATCCCTGTCTTGCAGACAAACAGCATCTACAGATGATATGTTTGA  
 GGTTCAGAACGTTAGTACCTTGAAGCAGGACTTGTGAATCAGGCGATA  
 ATATCGTTATCGTTGCAGGTGTTCTCTGTAGGTACAGGTGGAACCTAACACA  
 ATGCGTGTTTCGTACTGTTAAA

SEQ ID NO. 7209

STRAIN CJB110

AATAAACCGGTAAAAATCGTTGCAAC  
 ACTTGGTCTCGCGTTGAATTCGTTGGTGGTAAGAAGTTTGGTGAGTCTG  
 GATACTGGGGTGAAGCCTTGACGTGAAGCTTCAGCAGAAAAAATTGCT  
 CAATTGATTAAAGAAGGTGCTAACGTTTTCGTTTCAACTTCTCATGAG  
 AGATCATGCTGAGCAAGGAGCTCGTATGGCTACTGTTTCGTAAAGCAGAAG  
 AGATTGCAGGACAAAAAGTTGGCTTCTCTCTGATACTAAAGGACCTGAA  
 ATTCTGACAGAACTTTTGAAGATGGTGCAGATTTCATTATATACAAAC  
 AGGTACAAAATTACGTTGTTGCTACTAAGCAAGGTATCAAACTCACTCCAG  
 AAGTGATTGCAATTGAATGTTGCTGGTGGACTTGACATCTTGTATGACGTT  
 GAAGTTGGTAAGCAAACTCTTGTGATGATGGTAACTAGGTTCTACTGT  
 GTTTGCAAAAGATAAAGACACTCGTGAATTTGAAGTAGTTGTTGAGAATG  
 ATGGCCTTATGGTAAACAAAAAGGTGTAACATCCCTTATACTAAAATT  
 CCTTTCCAGCACTTGCAGAACGCGATAATGCTGATATCCGTTTGGACT  
 TGAACAAGGACTTAACTTTATTGCTATCTCATTGTACGTACTGCTAAAG  
 ATGTTAATGAAGTTCTGCTATTTGTGAAGAACTGGCAATGGACACGTT  
 AAGTTGTTTGTCTAAAATTGAAAATCAACAAGGTATCGATAATATTGATGA  
 GATTATCGAAGCAGCAGATGGTATTATGATTGCTCGTGGTGATATGGGTA  
 TCGAAGTTCCATTGAAATGGTTCAGTTTACCAAAAAATGATCATTACT  
 AAAGTTAATGCAGCTGGTAAAGCAGTTATTACAGCAACAAATATGCTTGA  
 AACAATGACTGATAAACACCGTGCAGCTCGTTCAGAAGTATCTGATGTCT  
 TCAATGCTGTTATTGATGGTACTGATGCTACAATGCTTTCAGGTGAGTCA  
 GCTAATGGTAAATACCCAGTTGAGTCAGTTTCGTACAATGGCTACTATTGA  
 TAAAAATGCTCAAACTTACTCAATGAGTATGGTTCGCTTAGACTCATCTG  
 CATTCCACGTAATAACAAAACCTGATGTTATTGCATCTGCGGTTAAAGAT  
 GCAACACACTCAATGGATATCAAACCTGTTGTAAACAATTACTGAAACAGG  
 TAATACAGCTCGTGCCATTTCCTAATTCGTCAGATGCAGACATTTTGG  
 CTGTTACATTGATGAAAAAGTACAACGTTCAATTGATGATTAACTGGGGT  
 GTTATCCCTGTCTTGCAGACAAACAGCATCTACAGATGATATGTTTGA  
 GGTTCAGAACGTTAGTACCTTGAAGCAGGATTGTTGAATCAGGCGATA  
 ATATCGTATCGTTGCAGGTGTTCTCTGTAGGTACAGGTGGAACCTAACACA  
 ATGCGTGTTTCGTACTGTTAAA

SEQ ID NO. 7210

STRAIN 1169NT

AATAAACCGGTAAAAATCGTTGCAAC  
 ACTTGGTCTCGCGTTGAATTCGTTGGTGGTAAGAAGTTTGGTGAGTCTG  
 GATACTGGGGTGAAGCCTTGACGTGAAGCTTCAGCAGAAAAAATTGCT  
 CAATTGATTAAAGAAGGTGCTAACGTTTTCGTTTCAACTTCTCATGAG  
 AGATCATGCTGAGCAAGGAGCTCGTATGGCTACTGTTTCGTAAAGCAGAAG  
 AGATTGCAGGACAAAAAGTTGGCTTCTCTCTGATACTAAAGGACCTGAA  
 ATTCTGACAGAACTTTTGAAGATGGTGCAGATTTCATTATATACAAAC  
 AGGTACAAAATTACGTTGTTGCTACTAAGCAAGGTATCAAACTCACTCCAG  
 AAGTGATTGCAATTGAATGTTGCTGGTGGACTTGACATCTTGTATGACGTT  
 GAAGTTGGTAAGCAAACTCTTGTGATGATGGTAACTAGGTTCTACTGT  
 GTTTGCAAAAGATAAAGACACTCGTGAATTTGAAGTAGTTGTTGAGAATG  
 ATGGCCTTATTGGTAAACAAAAAGGTGTAACATCCCTTATACTAAAATT  
 CCTTTCCAGCACTTGCAGAACGCGATAATGCTGATATCCGTTTGGACT  
 TGAACAAGGACTTAACTTTATTGCTATCTCATTGTACGTACTGCTAAAG  
 ATGTTAATGAAGTTCTGCTATTTGTGAAGAACTGGCAATGGACACGTT  
 AAGTTGTTTGTCTAAAATTGAAAATCAACAAGGTATCGATAATATTGATGA  
 GATTATCGAAGCAGCAGATGGTATTATGATTGCTCGTGGTGATATGGGTA  
 TCGAAGTTCCATTGAAATGGTTCAGTTTACCAAAAAATGATCATTACT  
 AAAGTTAATGCAGCTGGTAAAGCAGTTATTACAGCAACAAATATGCTTGA  
 AACAATGACTGATAAACACCGTGCAGCTCGTTCAGAAGTATCTGATGTCT  
 TCAATGCTGTTATTGATGGTACTGATGCTACAATGCTTTCAGGTGAGTCA  
 GCTAATGGTAAATACCCAGTTGAGTCAGTTTCGTACAATGGCTACTATTGA  
 TAAAAATGCTCAAACTTACTCAATGAGTATGGTTCGCTTAGACTCATCTG  
 CATTCCACGTAATAACAAAACCTGATGTTATTGCATCTGCGGTTAAAGAT  
 GCAACACACTCAATGGATATCAAACCTGTTGTAAACAATTACTGAAACAGG  
 TAATACAGCTCGTGCCATTTCCTAATTCGTCAGATGCAGACATTTTGG  
 CTGTTACATTGATGAAAAAGTACAACGTTCAATTGATGATTAACTGGGGT  
 GTTATCCCTGTCTTGCAGACAAACAGCATCTACAGATGATATGTTTGA  
 GGTTCAGAACGTTAGTACCTTGAAGCAGGATTGTTGAATCAGGCGATA  
 ATATCGTATCGTTGCAGGTGTTCTCTGTAGGTACAGGTGGAACCTAACACA  
 ATGCGTGTTTCGTACTGTTAAA

Table 72: Comparative Sequences relating to SAG0941

ATATCGTATCGTTGCAGGTGTTCTCTGTAGGTACAGGTGGAACATAACACA  
ATGCGTGTTCGTACTGTATAA

SEQ ID NO. 7211

STRAIN JM9130013

AATAAACCGCTAAAAATCGTTGCAAC

ACTTGGTCTCGCGTAGAATTCCGTGGTGAAGAAGTTTGGTGAGTCTG  
GATACGGGGTGAAGCCTTGACGTAGAAGCTTCAGCAGAAAAAATTGCT  
CAATTGATTAAAGAGGTGCTAACGTTTTCGGTTTCAACTTCTCACATGG  
AGATCATGCTGAGCAAGGAGCTCGTATGGCTACTGTTTGTAAAGCAGAAG  
AGATTGCAGGACAAAAAGTTGGCTTCTCTCTTGATATAAAGGACCTGAA  
ATTGCTACAGAACTTTTGAAGATGGTTAGATTTCATTCATATACAAAC  
AGGTACAAAAATTACGTGTGCTACTAAGCAAGGTATCAAATCAACTCCAG  
AAGTGATTGCATTGAATGTGCTGGTGGACTTGACATCTTTGATGACGTT  
GAAGTTGGTAAGCAAAATCCTGTGTTGATGATGGTAAACTAGGCTCTACTGT  
GTTTGC AAAAGATAAAGACACTCGTGAATTTGAAGTAGTTGTTGAGAATG  
ATGGCCTTATTGGTAAACAAAAAGGTGTAAACATCCCTTATACTAAAAAT  
CCTTTCAGCACTTGACAGAACGGGATAATGCTGATATCCGTTTGGACT  
TGAGCAAGGACTTAACCTTTATTGCTATCTCATTTGTACGTACTGCTAAAG  
ATGTTAATGAAGTTCGTGCTATTGTTGAAGAACTGGCAATGGACATGTT  
AAGTTGTTGCTAAAAATGAAAAATCAaCAAGGTATCGATAATATTGATGA  
GATTATCGAAGCAGCAGATGGTATTGATGCTCGTGGTGATATGGGTA  
TCGAAGTTCCATTGAAATGGTTCCAGTTTACCAAAAAATGATCATTACT  
AAAGTTAATGCAGCTGGTAAAGCAGTTATACAGCAACAAATATGCTTGA  
AACATGACTGATAAACCAAGTGGGACTCGTTGAGAGTATCTGATGCTCT  
TCAATGCTGTTATTGATGGTACTGATGCTACAAATGCTTTCAGGTGAGTCA  
GCTAATGGTAAATACCCAGTTGAGTCAGTTGCTACAAATGGCTACTATTGA  
TAAAAATGCTCAAAACATTACTCAATGATGATGGTGGCTTAGACTCATCG  
CATTCCACGTAATAAaCAAACTGATGTTATTGCATCTGCGGTTAAAGAT  
GCAACACACTCAATGGATATCAAACTTGTGTTGACAAATTAAGAACAGG  
TAATACAGCTCGTGCCATTTCAAATTCGGTCCAGATGCAGACATTTTGG  
CTGTACATTTGATGAAAAAGTACAACGTTTATTGATGATTAACTGGGGT  
GTTATCCCTGCTCTGCAGACAAACCAGCATCTACAGATGATATGTTGA  
GGTTGCAGAACGTTAGCACTTGAAGCAGGACTTGTGAATCAGGCGATA  
ATATCGTTATCGTTGCAGGTGTTCTGTAGGTACAGGTGGAACATAACACA  
ATGCGTGTTCGTACTGTATAA

PRETTY of: /biotmp/msa277466.2{\*} February 24, 2003 01:44 ..

msa277466.2{330_090}	1	50
msa277466.2{330_JM9130013}	---AATAAAC GCGTAAAAAT CGTTGCAACA CTTGGTCCCTG CGGTaGAATT	
msa277466.2{330_18RS21}	---AATAAAC GCGTAAAAAT CGTTGCAACA CTTGGTCCCTG CGGTaGAATT	
msa277466.2{330_2603}	atgaATAAAC GCGTAAAAAT CGTTGCAACA CTTGGTCCCTG CGGTtGAATT	
msa277466.2{330_A909}	---AATAAAC GCGTAAAAAT CGTTGCAACA CTTGGTCCCTG CGGTtGAATT	
msa277466.2{330_H36B}	---AATAAAC GCGTAAAAAT CGTTGCAACA CTTGGTCCCTG CGGTtGAATT	
msa277466.2{330_CJB110}	---AATAAAC GCGTAAAAAT CGTTGCAACA CTTGGTCCCTG CGGTtGAATT	
msa277466.2{330_COH1}	---AATAAAC GCGTAAAAAT CGTTGCAACA CTTGGTCCCTG CGGTaGAATT	
msa277466.2{330_M732}	---AATAAAC GCGTAAAAAT CGTTGCAACA CTTGGTCCCTG CGGTaGAATT	
msa277466.2{330_1169NT}	---AATAAAC GCGTAAAAAT CGTTGCAACA CTTGGTCCCTG CGGTaGAATT	
msa277466.2{330_M781}	---AATAAAC GCGTAAAAAT CGTTGCAACA CTTGGTCCCTG CGGTaGAATT	
Consensus	*****	*****
msa277466.2{330_090}	51	100
msa277466.2{330_JM9130013}	CCGTGGTGGT AAGAAGTTTG GTGAGTCTGG ATACTGGGGT GAAAGCCTTG	
msa277466.2{330_18RS21}	CCGTGGTGGT AAGAAGTTTG GTGAGTCTGG ATACTGGGGT GAAAGCCTTG	
msa277466.2{330_2603}	CCGTGGTGGT AAGAAGTTTG GTGAGTCTGG ATACTGGGGT GAAAGCCTTG	
msa277466.2{330_A909}	CCGTGGTGGT AAGAAGTTTG GTGAGTCTGG ATACTGGGGT GAAAGCCTTG	
msa277466.2{330_H36B}	CCGTGGTGGT AAGAAGTTTG GTGAGTCTGG ATACTGGGGT GAAAGCCTTG	
msa277466.2{330_CJB110}	CCGTGGTGGT AAGAAGTTTG GTGAGTCTGG ATACTGGGGT GAAAGCCTTG	
msa277466.2{330_COH1}	CCGTGGTGGT AAGAAGTTTG GTGAGTCTGG ATACTGGGGT GAAAGCCTTG	
msa277466.2{330_M732}	CCGTGGTGGT AAGAAGTTTG GTGAGTCTGG ATACTGGGGT GAAAGCCTTG	
msa277466.2{330_1169NT}	CCGTGGTGGT AAGAAGTTTG GTGAGTCTGG ATACTGGGGT GAAAGCCTTG	
msa277466.2{330_M781}	CCGTGGTGGT AAGAAGTTTG GTGAGTCTGG ATACTGGGGT GAAAGCCTTG	
Consensus	*****	*****
msa277466.2{330_090}	101	150
msa277466.2{330_JM9130013}	ACGTAGAAGC TTCAGCAGAA AAAATTGCTC AATTGATTAA AGAAGGTGCT	
msa277466.2{330_18RS21}	ACGTAGAAGC TTCAGCAGAA AAAATTGCTC AATTGATTAA AGAAGGTGCT	
msa277466.2{330_2603}	ACGTAGAAGC TTCAGCAGAA AAAATTGCTC AATTGATTAA AGAAGGTGCT	
msa277466.2{330_A909}	ACGTAGAAGC TTCAGCAGAA AAAATTGCTC AATTGATTAA AGAAGGTGCT	
msa277466.2{330_H36B}	ACGTAGAAGC TTCAGCAGAA AAAATTGCTC AATTGATTAA AGAAGGTGCT	
msa277466.2{330_CJB110}	ACGTAGAAGC TTCAGCAGAA AAAATTGCTC AATTGATTAA AGAAGGTGCT	
msa277466.2{330_COH1}	ACGTAGAAGC TTCAGCAGAA AAAATTGCTC AATTGATTAA AGAAGGTGCT	
msa277466.2{330_M732}	ACGTAGAAGC TTCAGCAGAA AAAATTGCTC AATTGATTAA AGAAGGTGCT	
msa277466.2{330_1169NT}	ACGTAGAAGC TTCAGCAGAA AAAATTGCTC AATTGATTAA AGAAGGTGCT	
msa277466.2{330_M781}	ACGTAGAAGC TTCAGCAGAA AAAATTGCTC AATTGATTAA AGAAGGTGCT	
Consensus	*****	*****
msa277466.2{330_090}	151	200
	AACGTTTTCC GTTCAACTT CTCACATGGA GATCATGCTG AGCAAGGAGC	

Table 72: Comparative Sequences relating to SAG0941

msa277466.2{330_JM9130013}	AACGTTTTCC	GTTTCAACTT	CTCACATGGA	GATCATGCTG	AGCAAGGAGC
msa277466.2{330_18RS21}	AACGTTTTCC	GTTTCAACTT	CTCACATGGA	GATCATGCTG	AGCAAGGAGC
msa277466.2{330_2603}	AACGTTTTCC	GTTTCAACTT	CTCACATGGA	GATCATGCTG	AGCAAGGAGC
msa277466.2{330_A909}	AACGTTTTCC	GTTTCAACTT	CTCACATGGA	GATCATGCTG	AGCAAGGAGC
msa277466.2{330_H36B}	AACGTTTTCC	GTTTCAACTT	CTCACATGGA	GATCATGCTG	AGCAAGGAGC
msa277466.2{330_CJB110}	AACGTTTTCC	GTTTCAACTT	CTCACATGGA	GATCATGCTG	AGCAAGGAGC
msa277466.2{330_COH1}	AACGTTTTCC	GTTTCAACTT	CTCACATGGA	GATCATGCTG	AGCAAGGAGC
msa277466.2{330_M732}	AACGTTTTCC	GTTTCAACTT	CTCACATGGA	GATCATGCTG	AGCAAGGAGC
msa277466.2{330_1169NT}	AACGTTTTCC	GTTTCAACTT	CTCACATGGA	GATCATGCTG	AGCAAGGAGC
msa277466.2{330_M781}	AACGTTTTCC	GTTTCAACTT	CTCACATGGA	GATCATGCTG	AGCAAGGAGC
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa277466.2{330_090}	TCGTATGGCT	ACTGTTTCGTA	AAGCAGAAGA	GATTGCAGGA	CAAAAAGTTG
msa277466.2{330_JM9130013}	TCGTATGGCT	ACTGTTTCGTA	AAGCAGAAGA	GATTGCAGGA	CAAAAAGTTG
msa277466.2{330_18RS21}	TCGTATGGCT	ACTGTTTCGTA	AAGCAGAAGA	GATTGCAGGA	CAAAAAGTTG
msa277466.2{330_2603}	TCGTATGGCT	ACTGTTTCGTA	AAGCAGAAGA	GATTGCAGGA	CAAAAAGTTG
msa277466.2{330_A909}	TCGTATGGCT	ACTGTTTCGTA	AAGCAGAAGA	GATTGCAGGA	CAAAAAGTTG
msa277466.2{330_H36B}	TCGTATGGCT	ACTGTTTCGTA	AAGCAGAAGA	GATTGCAGGA	CAAAAAGTTG
msa277466.2{330_CJB110}	TCGTATGGCT	ACTGTTTCGTA	AAGCAGAAGA	GATTGCAGGA	CAAAAAGTTG
msa277466.2{330_COH1}	TCGTATGGCT	ACTGTTTCGTA	AAGCAGAAGA	GATTGCAGGA	CAAAAAGTTG
msa277466.2{330_M732}	TCGTATGGCT	ACTGTTTCGTA	AAGCAGAAGA	GATTGCAGGA	CAAAAAGTTG
msa277466.2{330_1169NT}	TCGTATGGCT	ACTGTTTCGTA	AAGCAGAAGA	GATTGCAGGA	CAAAAAGTTG
msa277466.2{330_M781}	TCGTATGGCT	ACTGTTTCGTA	AAGCAGAAGA	GATTGCAGGA	CAAAAAGTTG
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa277466.2{330_090}	GCTTCCTCCT	TGATACTAAA	GGACCTGAAA	TTCGTACAGA	ACTTTTGTGA
msa277466.2{330_JM9130013}	GCTTCCTCCT	TGATACTAAA	GGACCTGAAA	TTCGTACAGA	ACTTTTGTGA
msa277466.2{330_18RS21}	GCTTCCTCCT	TGATACTAAA	GGACCTGAAA	TTCGTACAGA	ACTTTTGTGA
msa277466.2{330_2603}	GCTTCCTCCT	TGATACTAAA	GGACCTGAAA	TTCGTACAGA	ACTTTTGTGA
msa277466.2{330_A909}	GCTTCCTCCT	TGATACTAAA	GGACCTGAAA	TTCGTACAGA	ACTTTTGTGA
msa277466.2{330_H36B}	GCTTCCTCCT	TGATACTAAA	GGACCTGAAA	TTCGTACAGA	ACTTTTGTGA
msa277466.2{330_CJB110}	GCTTCCTCCT	TGATACTAAA	GGACCTGAAA	TTCGTACAGA	ACTTTTGTGA
msa277466.2{330_COH1}	GCTTCCTCCT	TGATACTAAA	GGACCTGAAA	TTCGTACAGA	ACTTTTGTGA
msa277466.2{330_M732}	GCTTCCTCCT	TGATACTAAA	GGACCTGAAA	TTCGTACAGA	ACTTTTGTGA
msa277466.2{330_1169NT}	GCTTCCTCCT	TGATACTAAA	GGACCTGAAA	TTCGTACAGA	ACTTTTGTGA
msa277466.2{330_M781}	GCTTCCTCCT	TGATACTAAA	GGACCTGAAA	TTCGTACAGA	ACTTTTGTGA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa277466.2{330_090}	GATGGTtCAG	ATTTCCATTC	ATATACAACA	GGTACaAAT	TACGTGTTGC
msa277466.2{330_JM9130013}	GATGGTtCAG	ATTTCCATTC	ATATACAACA	GGTACaAAT	TACGTGTTGC
msa277466.2{330_18RS21}	GATGGTtCAG	ATTTCCATTC	ATATACAACA	GGTACaAAT	TACGTGTTGC
msa277466.2{330_2603}	GATGGTtCAG	ATTTCCATTC	ATATACAACA	GGTACaAAT	TACGTGTTGC
msa277466.2{330_A909}	GATGGTtCAG	ATTTCCATTC	ATATACAACA	GGTACaAAT	TACGTGTTGC
msa277466.2{330_H36B}	GATGGTtCAG	ATTTCCATTC	ATATACAACA	GGTACaAAT	TACGTGTTGC
msa277466.2{330_CJB110}	GATGGTtCAG	ATTTCCATTC	ATATACAACA	GGTACaAAT	TACGTGTTGC
msa277466.2{330_COH1}	GATGGTtCAG	ATTTCCATTC	ATATACAACA	GGTACaAAT	TACGTGTTGC
msa277466.2{330_M732}	GATGGTtCAG	ATTTCCATTC	ATATACAACA	GGTACaAAT	TACGTGTTGC
msa277466.2{330_1169NT}	GATGGTtCAG	ATTTCCATTC	ATATACAACA	GGTACaAAT	TACGTGTTGC
msa277466.2{330_M781}	GATGGTtCAG	ATTTCCATTC	ATATACAACA	GGTACaAAT	TACGTGTTGC
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa277466.2{330_090}	TACTAAGCAA	GGTATCAAAT	CAACTCCAGA	AGTGATTGCA	TTGAATGTTG
msa277466.2{330_JM9130013}	TACTAAGCAA	GGTATCAAAT	CAACTCCAGA	AGTGATTGCA	TTGAATGTTG
msa277466.2{330_18RS21}	TACTAAGCAA	GGTATCAAAT	CAACTCCAGA	AGTGATTGCA	TTGAATGTTG
msa277466.2{330_2603}	TACTAAGCAA	GGTATCAAAT	CAACTCCAGA	AGTGATTGCA	TTGAATGTTG
msa277466.2{330_A909}	TACTAAGCAA	GGTATCAAAT	CAACTCCAGA	AGTGATTGCA	TTGAATGTTG
msa277466.2{330_H36B}	TACTAAGCAA	GGTATCAAAT	CAACTCCAGA	AGTGATTGCA	TTGAATGTTG
msa277466.2{330_CJB110}	TACTAAGCAA	GGTATCAAAT	CAACTCCAGA	AGTGATTGCA	TTGAATGTTG
msa277466.2{330_COH1}	TACTAAGCAA	GGTATCAAAT	CAACTCCAGA	AGTGATTGCA	TTGAATGTTG
msa277466.2{330_M732}	TACTAAGCAA	GGTATCAAAT	CAACTCCAGA	AGTGATTGCA	TTGAATGTTG
msa277466.2{330_1169NT}	TACTAAGCAA	GGTATCAAAT	CAACTCCAGA	AGTGATTGCA	TTGAATGTTG
msa277466.2{330_M781}	TACTAAGCAA	GGTATCAAAT	CAACTCCAGA	AGTGATTGCA	TTGAATGTTG
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa277466.2{330_090}	CTGGTGGACT	TGACATCTTT	GATGACGTTG	AAGTTGGTAA	GCAAAATCCTT
msa277466.2{330_JM9130013}	CTGGTGGACT	TGACATCTTT	GATGACGTTG	AAGTTGGTAA	GCAAAATCCTT
msa277466.2{330_18RS21}	CTGGTGGACT	TGACATCTTT	GATGACGTTG	AAGTTGGTAA	GCAAAATCCTT
msa277466.2{330_2603}	CTGGTGGACT	TGACATCTTT	GATGACGTTG	AAGTTGGTAA	GCAAAATCCTT
msa277466.2{330_A909}	CTGGTGGACT	TGACATCTTT	GATGACGTTG	AAGTTGGTAA	GCAAAATCCTT
msa277466.2{330_H36B}	CTGGTGGACT	TGACATCTTT	GATGACGTTG	AAGTTGGTAA	GCAAAATCCTT
msa277466.2{330_CJB110}	CTGGTGGACT	TGACATCTTT	GATGACGTTG	AAGTTGGTAA	GCAAAATCCTT
msa277466.2{330_COH1}	CTGGTGGACT	TGACATCTTT	GATGACGTTG	AAGTTGGTAA	GCAAAATCCTT
msa277466.2{330_M732}	CTGGTGGACT	TGACATCTTT	GATGACGTTG	AAGTTGGTAA	GCAAAATCCTT
msa277466.2{330_1169NT}	CTGGTGGACT	TGACATCTTT	GATGACGTTG	AAGTTGGTAA	GCAAAATCCTT
msa277466.2{330_M781}	CTGGTGGACT	TGACATCTTT	GATGACGTTG	AAGTTGGTAA	GCAAAATCCTT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****

Table 72: Comparative Sequences relating to SAG0941

msa277466.2{330_090}	GTTGATGATG	GTAACTAGG	TCCTACTGTG	TTTGCAAAAG	ATAAAGACAC
msa277466.2{330_JM9130013}	GTTGATGATG	GTAACTAGG	TCCTACTGTG	TTTGCAAAAG	ATAAAGACAC
msa277466.2{330_18RS21}	GTTGATGATG	GTAACTAGG	TCCTACTGTG	TTTGCAAAAG	ATAAAGACAC
msa277466.2{330_2603}	GTTGATGATG	GTAACTAGG	TCCTACTGTG	TTTGCAAAAG	ATAAAGACAC
msa277466.2{330_A909}	GTTGATGATG	GTAACTAGG	TCCTACTGTG	TTTGCAAAAG	ATAAAGACAC
msa277466.2{330_H36B}	GTTGATGATG	GTAACTAGG	TCCTACTGTG	TTTGCAAAAG	ATAAAGACAC
msa277466.2{330_CJB110}	GTTGATGATG	GTAACTAGG	TCCTACTGTG	TTTGCAAAAG	ATAAAGACAC
msa277466.2{330_COH1}	GTTGATGATG	GTAACTAGG	TCCTACTGTG	TTTGCAAAAG	ATAAAGACAC
msa277466.2{330_M732}	GTTGATGATG	GTAACTAGG	TCCTACTGTG	TTTGCAAAAG	ATAAAGACAC
msa277466.2{330_1169NT}	GTTGATGATG	GTAACTAGG	TCCTACTGTG	TTTGCAAAAG	ATAAAGACAC
msa277466.2{330_M781}	GTTGATGATG	GTAACTAGG	TCCTACTGTG	TTTGCAAAAG	ATAAAGACAC
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa277466.2{330_090}	TCGTGAATTT	GAAGTAGTTG	TTGAGAATGA	TGGCCTTATT	GGTAAACAAA
msa277466.2{330_JM9130013}	TCGTGAATTT	GAAGTAGTTG	TTGAGAATGA	TGGCCTTATT	GGTAAACAAA
msa277466.2{330_18RS21}	TCGTGAATTT	GAAGTAGTTG	TTGAGAATGA	TGGCCTTATT	GGTAAACAAA
msa277466.2{330_2603}	TCGTGAATTT	GAAGTAGTTG	TTGAGAATGA	TGGCCTTATT	GGTAAACAAA
msa277466.2{330_A909}	TCGTGAATTT	GAAGTAGTTG	TTGAGAATGA	TGGCCTTATT	GGTAAACAAA
msa277466.2{330_H36B}	TCGTGAATTT	GAAGTAGTTG	TTGAGAATGA	TGGCCTTATT	GGTAAACAAA
msa277466.2{330_CJB110}	TCGTGAATTT	GAAGTAGTTG	TTGAGAATGA	TGGCCTTATT	GGTAAACAAA
msa277466.2{330_COH1}	TCGTGAATTT	GAAGTAGTTG	TTGAGAATGA	TGGCCTTATT	GGTAAACAAA
msa277466.2{330_M732}	TCGTGAATTT	GAAGTAGTTG	TTGAGAATGA	TGGCCTTATT	GGTAAACAAA
msa277466.2{330_1169NT}	TCGTGAATTT	GAAGTAGTTG	TTGAGAATGA	TGGCCTTATT	GGTAAACAAA
msa277466.2{330_M781}	TCGTGAATTT	GAAGTAGTTG	TTGAGAATGA	TGGCCTTATT	GGTAAACAAA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa277466.2{330_090}	AAGGTGTAAA	CATCCCTTAT	ACTAAAATTC	CTTCCCAGC	ACTTGCAGAA
msa277466.2{330_JM9130013}	AAGGTGTAAA	CATCCCTTAT	ACTAAAATTC	CTTCCCAGC	ACTTGCAGAA
msa277466.2{330_18RS21}	AAGGTGTAAA	CATCCCTTAT	ACTAAAATTC	CTTCCCAGC	ACTTGCAGAA
msa277466.2{330_2603}	AAGGTGTAAA	CATCCCTTAT	ACTAAAATTC	CTTCCCAGC	ACTTGCAGAA
msa277466.2{330_A909}	AAGGTGTAAA	CATCCCTTAT	ACTAAAATTC	CTTCCCAGC	ACTTGCAGAA
msa277466.2{330_H36B}	AAGGTGTAAA	CATCCCTTAT	ACTAAAATTC	CTTCCCAGC	ACTTGCAGAA
msa277466.2{330_CJB110}	AAGGTGTAAA	CATCCCTTAT	ACTAAAATTC	CTTCCCAGC	ACTTGCAGAA
msa277466.2{330_COH1}	AAGGTGTAAA	CATCCCTTAT	ACTAAAATTC	CTTCCCAGC	ACTTGCAGAA
msa277466.2{330_M732}	AAGGTGTAAA	CATCCCTTAT	ACTAAAATTC	CTTCCCAGC	ACTTGCAGAA
msa277466.2{330_1169NT}	AAGGTGTAAA	CATCCCTTAT	ACTAAAATTC	CTTCCCAGC	ACTTGCAGAA
msa277466.2{330_M781}	AAGGTGTAAA	CATCCCTTAT	ACTAAAATTC	CTTCCCAGC	ACTTGCAGAA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa277466.2{330_090}	CGCGATAATG	CTGATATCCG	TTTGGACTT	GAGCAAGGAC	TTAACCTTTAT
msa277466.2{330_JM9130013}	CGCGATAATG	CTGATATCCG	TTTGGACTT	GAGCAAGGAC	TTAACCTTTAT
msa277466.2{330_18RS21}	CGCGATAATG	CTGATATCCG	TTTGGACTT	GAGCAAGGAC	TTAACCTTTAT
msa277466.2{330_2603}	CGCGATAATG	CTGATATCCG	TTTGGACTT	GAGCAAGGAC	TTAACCTTTAT
msa277466.2{330_A909}	CGCGATAATG	CTGATATCCG	TTTGGACTT	GAGCAAGGAC	TTAACCTTTAT
msa277466.2{330_H36B}	CGCGATAATG	CTGATATCCG	TTTGGACTT	GAGCAAGGAC	TTAACCTTTAT
msa277466.2{330_CJB110}	CGCGATAATG	CTGATATCCG	TTTGGACTT	GAGCAAGGAC	TTAACCTTTAT
msa277466.2{330_COH1}	CGCGATAATG	CTGATATCCG	TTTGGACTT	GAGCAAGGAC	TTAACCTTTAT
msa277466.2{330_M732}	CGCGATAATG	CTGATATCCG	TTTGGACTT	GAGCAAGGAC	TTAACCTTTAT
msa277466.2{330_1169NT}	CGCGATAATG	CTGATATCCG	TTTGGACTT	GAGCAAGGAC	TTAACCTTTAT
msa277466.2{330_M781}	CGCGATAATG	CTGATATCCG	TTTGGACTT	GAGCAAGGAC	TTAACCTTTAT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa277466.2{330_090}	TGCTATCTCA	TTTGTACGTA	CTGCTAAAGA	TGTTAATGAA	GTTCTGTGCTA
msa277466.2{330_JM9130013}	TGCTATCTCA	TTTGTACGTA	CTGCTAAAGA	TGTTAATGAA	GTTCTGTGCTA
msa277466.2{330_18RS21}	TGCTATCTCA	TTTGTACGTA	CTGCTAAAGA	TGTTAATGAA	GTTCTGTGCTA
msa277466.2{330_2603}	TGCTATCTCA	TTTGTACGTA	CTGCTAAAGA	TGTTAATGAA	GTTCTGTGCTA
msa277466.2{330_A909}	TGCTATCTCA	TTTGTACGTA	CTGCTAAAGA	TGTTAATGAA	GTTCTGTGCTA
msa277466.2{330_H36B}	TGCTATCTCA	TTTGTACGTA	CTGCTAAAGA	TGTTAATGAA	GTTCTGTGCTA
msa277466.2{330_CJB110}	TGCTATCTCA	TTTGTACGTA	CTGCTAAAGA	TGTTAATGAA	GTTCTGTGCTA
msa277466.2{330_COH1}	TGCTATCTCA	TTTGTACGTA	CTGCTAAAGA	TGTTAATGAA	GTTCTGTGCTA
msa277466.2{330_M732}	TGCTATCTCA	TTTGTACGTA	CTGCTAAAGA	TGTTAATGAA	GTTCTGTGCTA
msa277466.2{330_1169NT}	TGCTATCTCA	TTTGTACGTA	CTGCTAAAGA	TGTTAATGAA	GTTCTGTGCTA
msa277466.2{330_M781}	TGCTATCTCA	TTTGTACGTA	CTGCTAAAGA	TGTTAATGAA	GTTCTGTGCTA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa277466.2{330_090}	TTTGTGAAGA	AACCTGGcaAT	GGACatGTTA	AGTTGTTTGC	TAAAAITGAA
msa277466.2{330_JM9130013}	TTTGTGAAGA	AACCTGGcaAT	GGACatGTTA	AGTTGTTTGC	TAAAAITGAA
msa277466.2{330_18RS21}	TTTGTGAAGA	AACCTGGcaAT	GGACacGTTA	AGTTGTTTGC	TAAAAITGAA
msa277466.2{330_2603}	TTTGTGAAGA	AACCTGGsmAT	GGACacGTTA	AGTTGTTTGC	TAAAAITGAA
msa277466.2{330_A909}	TTTGTGAAGA	AACCTGGcaAT	GGACacGTTA	AGTTGTTTGC	TAAAAITGAA
msa277466.2{330_H36B}	TTTGTGAAGA	AACCTGGcaAT	GGACacGTTA	AGTTGTTTGC	TAAAAITGAA
msa277466.2{330_CJB110}	TTTGTGAAGA	AACCTGGcaAT	GGACacGTTA	AGTTGTTTGC	TAAAAITGAA
msa277466.2{330_COH1}	TTTGTGAAGA	AACCTGGcaAT	GGACacGTTA	AGTTGTTTGC	TAAAAITGAA
msa277466.2{330_M732}	TTTGTGAAGA	AACCTGGcaAT	GGACacGTTA	AGTTGTTTGC	TAAAAITGAA
msa277466.2{330_1169NT}	TTTGTGAAGA	AACCTGGcaAT	GGACacGTTA	AGTTGTTTGC	TAAAAITGAA
msa277466.2{330_M781}	TTTGTGAAGA	AACCTGGcaAT	GGACacGTTA	AGTTGTTTGC	TAAAAITGAA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****

Table 72: Comparative Sequences relating to SAG0941

		751			800
msa277466.2{330_090}	AATCAACAAG	GTATCGATAA	TATTGATGAG	ATTATCGAAG	CAGCAGATGG
msa277466.2{330_JM9130013}	AATCAACAAG	GTATCGATAA	TATTGATGAG	ATTATCGAAG	CAGCAGATGG
msa277466.2{330_18RS21}	AATCAACAAG	GTATCGATAA	TATTGATGAG	ATTATCGAAG	CAGCAGATGG
msa277466.2{330_2603}	AATCAACAAG	GTATCGATAA	TATTGATGAG	ATTATCGAAG	CAGCAGATGG
msa277466.2{330_A909}	AATCAACAAG	GTATCGATAA	TATTGATGAG	ATTATCGAAG	CAGCAGATGG
msa277466.2{330_H36B}	AATCAACAAG	GTATCGATAA	TATTGATGAG	ATTATCGAAG	CAGCAGATGG
msa277466.2{330_CJB110}	AATCAACAAG	GTATCGATAA	TATTGATGAG	ATTATCGAAG	CAGCAGATGG
msa277466.2{330_COH1}	AATCAACAAG	GTATCGATAA	TATTGATGAG	ATTATCGAAG	CAGCAGATGG
msa277466.2{330_M732}	AATCAACAAG	GTATCGATAA	TATTGATGAG	ATTATCGAAG	CAGCAGATGG
msa277466.2{330_1169NT}	AATCAACAAG	GTATCGATAA	TATTGATGAG	ATTATCGAAG	CAGCAGATGG
msa277466.2{330_M781}	AATCAACAAG	GTATCGATAA	TATTGATGAG	ATTATCGAAG	CAGCAGATGG
Consensus		*****	*****	*****	*****
		801			850
msa277466.2{330_090}	TATTATGATT	GCTCGTGGTG	ATATGGGTAT	CGAAGTTCCA	TTTGAAATGG
msa277466.2{330_JM9130013}	TATTATGATT	GCTCGTGGTG	ATATGGGTAT	CGAAGTTCCA	TTTGAAATGG
msa277466.2{330_18RS21}	TATTATGATT	GCTCGTGGTG	ATATGGGTAT	CGAAGTTCCA	TTTGAAATGG
msa277466.2{330_2603}	TATTATGATT	GCTCGTGGTG	ATATGGGTAT	CGAAGTTCCA	TTTGAAATGG
msa277466.2{330_A909}	TATTATGATT	GCTCGTGGTG	ATATGGGTAT	CGAAGTTCCA	TTTGAAATGG
msa277466.2{330_H36B}	TATTATGATT	GCTCGTGGTG	ATATGGGTAT	CGAAGTTCCA	TTTGAAATGG
msa277466.2{330_CJB110}	TATTATGATT	GCTCGTGGTG	ATATGGGTAT	CGAAGTTCCA	TTTGAAATGG
msa277466.2{330_COH1}	TATTATGATT	GCTCGTGGTG	ATATGGGTAT	CGAAGTTCCA	TTTGAAATGG
msa277466.2{330_M732}	TATTATGATT	GCTCGTGGTG	ATATGGGTAT	CGAAGTTCCA	TTTGAAATGG
msa277466.2{330_1169NT}	TATTATGATT	GCTCGTGGTG	ATATGGGTAT	CGAAGTTCCA	TTTGAAATGG
msa277466.2{330_M781}	TATTATGATT	GCTCGTGGTG	ATATGGGTAT	CGAAGTTCCA	TTTGAAATGG
Consensus		*****	*****	*****	*****
		851			900
msa277466.2{330_090}	TTCCAGTTTA	CCAAAAAATG	ATCATTACTA	AAGTTAATGC	AGCTGGTAAA
msa277466.2{330_JM9130013}	TTCCAGTTTA	CCAAAAAATG	ATCATTACTA	AAGTTAATGC	AGCTGGTAAA
msa277466.2{330_18RS21}	TTCCAGTTTA	CCAAAAAATG	ATCATTACTA	AAGTTAATGC	AGCTGGTAAA
msa277466.2{330_2603}	TTCCAGTTTA	CCAAAAAATG	ATCATTACTA	AAGTTAATGC	AGCTGGTAAA
msa277466.2{330_A909}	TTCCAGTTTA	CCAAAAAATG	ATCATTACTA	AAGTTAATGC	AGCTGGTAAA
msa277466.2{330_H36B}	TTCCAGTTTA	CCAAAAAATG	ATCATTACTA	AAGTTAATGC	AGCTGGTAAA
msa277466.2{330_CJB110}	TTCCAGTTTA	CCAAAAAATG	ATCATTACTA	AAGTTAATGC	AGCTGGTAAA
msa277466.2{330_COH1}	TTCCAGTTTA	CCAAAAAATG	ATCATTACTA	AAGTTAATGC	AGCTGGTAAA
msa277466.2{330_M732}	TTCCAGTTTA	CCAAAAAATG	ATCATTACTA	AAGTTAATGC	AGCTGGTAAA
msa277466.2{330_1169NT}	TTCCAGTTTA	CCAAAAAATG	ATCATTACTA	AAGTTAATGC	AGCTGGTAAA
msa277466.2{330_M781}	TTCCAGTTTA	CCAAAAAATG	ATCATTACTA	AAGTTAATGC	AGCTGGTAAA
Consensus		*****	*****	*****	*****
		901			950
msa277466.2{330_090}	GCAGTTATTA	CAGCAACAAA	TATGCTTGAA	ACAATGACTG	ATAAACCACG
msa277466.2{330_JM9130013}	GCAGTTATTA	CAGCAACAAA	TATGCTTGAA	ACAATGACTG	ATAAACCACG
msa277466.2{330_18RS21}	GCAGTTATTA	CAGCAACAAA	TATGCTTGAA	ACAATGACTG	ATAAACCACG
msa277466.2{330_2603}	GCAGTTATTA	CAGCAACAAA	TATGCTTGAA	ACAATGACTG	ATAAACCACG
msa277466.2{330_A909}	GCAGTTATTA	CAGCAACAAA	TATGCTTGAA	ACAATGACTG	ATAAACCACG
msa277466.2{330_H36B}	GCAGTTATTA	CAGCAACAAA	TATGCTTGAA	ACAATGACTG	ATAAACCACG
msa277466.2{330_CJB110}	GCAGTTATTA	CAGCAACAAA	TATGCTTGAA	ACAATGACTG	ATAAACCACG
msa277466.2{330_COH1}	GCAGTTATTA	CAGCAACAAA	TATGCTTGAA	ACAATGACTG	ATAAACCACG
msa277466.2{330_M732}	GCAGTTATTA	CAGCAACAAA	TATGCTTGAA	ACAATGACTG	ATAAACCACG
msa277466.2{330_1169NT}	GCAGTTATTA	CAGCAACAAA	TATGCTTGAA	ACAATGACTG	ATAAACCACG
msa277466.2{330_M781}	GCAGTTATTA	CAGCAACAAA	TATGCTTGAA	ACAATGACTG	ATAAACCACG
Consensus		*****	*****	*****	*****
		951			1000
msa277466.2{330_090}	TGCGACTCGT	TCAGAAGTAT	CTGATGTCCT	CAATGCTGTT	ATTGATGGTA
msa277466.2{330_JM9130013}	TGCGACTCGT	TCAGAAGTAT	CTGATGTCCT	CAATGCTGTT	ATTGATGGTA
msa277466.2{330_18RS21}	TGCGACTCGT	TCAGAAGTAT	CTGATGTCCT	CAATGCTGTT	ATTGATGGTA
msa277466.2{330_2603}	TGCGACTCGT	TCAGAAGTAT	CTGATGTCCT	CAATGCTGTT	ATTGATGGTA
msa277466.2{330_A909}	TGCGACTCGT	TCAGAAGTAT	CTGATGTCCT	CAATGCTGTT	ATTGATGGTA
msa277466.2{330_H36B}	TGCGACTCGT	TCAGAAGTAT	CTGATGTCCT	CAATGCTGTT	ATTGATGGTA
msa277466.2{330_CJB110}	TGCGACTCGT	TCAGAAGTAT	CTGATGTCCT	CAATGCTGTT	ATTGATGGTA
msa277466.2{330_COH1}	TGCGACTCGT	TCAGAAGTAT	CTGATGTCCT	CAATGCTGTT	ATTGATGGTA
msa277466.2{330_M732}	TGCGACTCGT	TCAGAAGTAT	CTGATGTCCT	CAATGCTGTT	ATTGATGGTA
msa277466.2{330_1169NT}	TGCGACTCGT	TCAGAAGTAT	CTGATGTCCT	CAATGCTGTT	ATTGATGGTA
msa277466.2{330_M781}	TGCGACTCGT	TCAGAAGTAT	CTGATGTCCT	CAATGCTGTT	ATTGATGGTA
Consensus		*****	*****	*****	*****
		1001			1050
msa277466.2{330_090}	CTGATGCTAC	AATGCTTTCA	GGTGAGTCAG	CTAATGGTAA	ATACCCAGTT
msa277466.2{330_JM9130013}	CTGATGCTAC	AATGCTTTCA	GGTGAGTCAG	CTAATGGTAA	ATACCCAGTT
msa277466.2{330_18RS21}	CTGATGCTAC	AATGCTTTCA	GGTGAGTCAG	CTAATGGTAA	ATACCCAGTT
msa277466.2{330_2603}	CTGATGCTAC	AATGCTTTCA	GGTGAGTCAG	CTAATGGTAA	ATACCCAGTT
msa277466.2{330_A909}	CTGATGCTAC	AATGCTTTCA	GGTGAGTCAG	CTAATGGTAA	ATACCCAGTT
msa277466.2{330_H36B}	CTGATGCTAC	AATGCTTTCA	GGTGAGTCAG	CTAATGGTAA	ATACCCAGTT
msa277466.2{330_CJB110}	CTGATGCTAC	AATGCTTTCA	GGTGAGTCAG	CTAATGGTAA	ATACCCAGTT
msa277466.2{330_COH1}	CTGATGCTAC	AATGCTTTCA	GGTGAGTCAG	CTAATGGTAA	ATACCCAGTT
msa277466.2{330_M732}	CTGATGCTAC	AATGCTTTCA	GGTGAGTCAG	CTAATGGTAA	ATACCCAGTT
msa277466.2{330_1169NT}	CTGATGCTAC	AATGCTTTCA	GGTGAGTCAG	CTAATGGTAA	ATACCCAGTT
msa277466.2{330_M781}	CTGATGCTAC	AATGCTTTCA	GGTGAGTCAG	CTAATGGTAA	ATACCCAGTT
Consensus		*****	*****	*****	*****



Table 72: Comparative Sequences relating to SAG0941

msa277466.2{330_090}	1051	GAGTCAGTTC	GTACAATGGC	TACTATTGAT	AAAAATGCTC	AAACATTACT
		GAGTCAGTTC	GTACAATGGC	TACTATTGAT	AAAAATGCTC	AAACATTACT
	msa277466.2{330_JM9130013}	GAGTCAGTTC	GTACAATGGC	TACTATTGAT	AAAAATGCTC	AAACATTACT
	msa277466.2{330_18RS21}	GAGTCAGTTC	GTACAATGGC	TACTATTGAT	AAAAATGCTC	AAACATTACT
	msa277466.2{330_2603}	GAGTCAGTTC	GTACAATGGC	TACTATTGAT	AAAAATGCTC	AAACATTACT
	msa277466.2{330_A909}	GAGTCAGTTC	GTACAATGGC	TACTATTGAT	AAAAATGCTC	AAACATTACT
	msa277466.2{330_H36B}	GAGTCAGTTC	GTACAATGGC	TACTATTGAT	AAAAATGCTC	AAACATTACT
	msa277466.2{330_CJB110}	GAGTCAGTTC	GTACAATGGC	TACTATTGAT	AAAAATGCTC	AAACATTACT
	msa277466.2{330_COH1}	GAGTCAGTTC	GTACAATGGC	TACTATTGAT	AAAAATGCTC	AAACATTACT
	msa277466.2{330_M732}	GAGTCAGTTC	GTACAATGGC	TACTATTGAT	AAAAATGCTC	AAACATTACT
	msa277466.2{330_1169NT}	GAGTCAGTTC	GTACAATGGC	TACTATTGAT	AAAAATGCTC	AAACATTACT
	msa277466.2{330_M781}	GAGTCAGTTC	GTACAATGGC	TACTATTGAT	AAAAATGCTC	AAACATTACT
	Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa277466.2{330_090}	1101	CAATGAGTAT	GGTCGCTTAG	ACTCATCTGC	ATTCCCACGT	AATAACAAAA
		CAATGAGTAT	GGTCGCTTAG	ACTCATCTGC	ATTCCCACGT	AATAACAAAA
	msa277466.2{330_JM9130013}	CAATGAGTAT	GGTCGCTTAG	ACTCATCTGC	ATTCCCACGT	AATAACAAAA
	msa277466.2{330_18RS21}	CAATGAGTAT	GGTCGCTTAG	ACTCATCTGC	ATTCCCACGT	AATAACAAAA
	msa277466.2{330_2603}	CAATGAGTAT	GGTCGCTTAG	ACTCATCTGC	ATTCCCACGT	AATAACAAAA
	msa277466.2{330_A909}	CAATGAGTAT	GGTCGCTTAG	ACTCATCTGC	ATTCCCACGT	AATAACAAAA
	msa277466.2{330_H36B}	CAATGAGTAT	GGTCGCTTAG	ACTCATCTGC	ATTCCCACGT	AATAACAAAA
	msa277466.2{330_CJB110}	CAATGAGTAT	GGTCGCTTAG	ACTCATCTGC	ATTCCCACGT	AATAACAAAA
	msa277466.2{330_COH1}	CAATGAGTAT	GGTCGCTTAG	ACTCATCTGC	ATTCCCACGT	AATAACAAAA
	msa277466.2{330_M732}	CAATGAGTAT	GGTCGCTTAG	ACTCATCTGC	ATTCCCACGT	AATAACAAAA
	msa277466.2{330_1169NT}	CAATGAGTAT	GGTCGCTTAG	ACTCATCTGC	ATTCCCACGT	AATAACAAAA
	msa277466.2{330_M781}	CAATGAGTAT	GGTCGCTTAG	ACTCATCTGC	ATTCCCACGT	AATAACAAAA
	Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa277466.2{330_090}	1151	CTGATGTTAT	TGCATCTGCG	GTTAAAGATG	CAACACACTC	AATGGATATC
		CTGATGTTAT	TGCATCTGCG	GTTAAAGATG	CAACACACTC	AATGGATATC
	msa277466.2{330_JM9130013}	CTGATGTTAT	TGCATCTGCG	GTTAAAGATG	CAACACACTC	AATGGATATC
	msa277466.2{330_18RS21}	CTGATGTTAT	TGCATCTGCG	GTTAAAGATG	CAACACACTC	AATGGATATC
	msa277466.2{330_2603}	CTGATGTTAT	TGCATCTGCG	GTTAAAGATG	CAACACACTC	AATGGATATC
	msa277466.2{330_A909}	CTGATGTTAT	TGCATCTGCG	GTTAAAGATG	CAACACACTC	AATGGATATC
	msa277466.2{330_H36B}	CTGATGTTAT	TGCATCTGCG	GTTAAAGATG	CAACACACTC	AATGGATATC
	msa277466.2{330_CJB110}	CTGATGTTAT	TGCATCTGCG	GTTAAAGATG	CAACACACTC	AATGGATATC
	msa277466.2{330_COH1}	CTGATGTTAT	TGCATCTGCG	GTTAAAGATG	CAACACACTC	AATGGATATC
	msa277466.2{330_M732}	CTGATGTTAT	TGCATCTGCG	GTTAAAGATG	CAACACACTC	AATGGATATC
	msa277466.2{330_1169NT}	CTGATGTTAT	TGCATCTGCG	GTTAAAGATG	CAACACACTC	AATGGATATC
	msa277466.2{330_M781}	CTGATGTTAT	TGCATCTGCG	GTTAAAGATG	CAACACACTC	AATGGATATC
	Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa277466.2{330_090}	1201	AAACTTGTG	TaACAATTAC	TGAAACAGGT	AATACAGCTC	GTGCCATTTC
		AAACTTGTG	TaACAATTAC	TGAAACAGGT	AATACAGCTC	GTGCCATTTC
	msa277466.2{330_JM9130013}	AAACTTGTG	TaACAATTAC	TGAAACAGGT	AATACAGCTC	GTGCCATTTC
	msa277466.2{330_18RS21}	AAACTTGTG	TaACAATTAC	TGAAACAGGT	AATACAGCTC	GTGCCATTTC
	msa277466.2{330_2603}	AAACTTGTG	TaACAATTAC	TGAAACAGGT	AATACAGCTC	GTGCCATTTC
	msa277466.2{330_A909}	AAACTTGTG	TaACAATTAC	TGAAACAGGT	AATACAGCTC	GTGCCATTTC
	msa277466.2{330_H36B}	AAACTTGTG	TaACAATTAC	TGAAACAGGT	AATACAGCTC	GTGCCATTTC
	msa277466.2{330_CJB110}	AAACTTGTG	TaACAATTAC	TGAAACAGGT	AATACAGCTC	GTGCCATTTC
	msa277466.2{330_COH1}	AAACTTGTG	TaACAATTAC	TGAAACAGGT	AATACAGCTC	GTGCCATTTC
	msa277466.2{330_M732}	AAACTTGTG	TaACAATTAC	TGAAACAGGT	AATACAGCTC	GTGCCATTTC
	msa277466.2{330_1169NT}	AAACTTGTG	TaACAATTAC	TGAAACAGGT	AATACAGCTC	GTGCCATTTC
	msa277466.2{330_M781}	AAACTTGTG	TaACAATTAC	TGAAACAGGT	AATACAGCTC	GTGCCATTTC
	Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa277466.2{330_090}	1251	TAAaTTCCGT	CCAGATGCAG	ACATTTTGGC	TGTTACATTT	GATGAAAAAG
		TAAaTTCCGT	CCAGATGCAG	ACATTTTGGC	TGTTACATTT	GATGAAAAAG
	msa277466.2{330_JM9130013}	TAAaTTCCGT	CCAGATGCAG	ACATTTTGGC	TGTTACATTT	GATGAAAAAG
	msa277466.2{330_18RS21}	TAAaTTCCGT	CCAGATGCAG	ACATTTTGGC	TGTTACATTT	GATGAAAAAG
	msa277466.2{330_2603}	TAAaTTCCGT	CCAGATGCAG	ACATTTTGGC	TGTTACATTT	GATGAAAAAG
	msa277466.2{330_A909}	TAAaTTCCGT	CCAGATGCAG	ACATTTTGGC	TGTTACATTT	GATGAAAAAG
	msa277466.2{330_H36B}	TAAaTTCCGT	CCAGATGCAG	ACATTTTGGC	TGTTACATTT	GATGAAAAAG
	msa277466.2{330_CJB110}	TAAaTTCCGT	CCAGATGCAG	ACATTTTGGC	TGTTACATTT	GATGAAAAAG
	msa277466.2{330_COH1}	TAAaTTCCGT	CCAGATGCAG	ACATTTTGGC	TGTTACATTT	GATGAAAAAG
	msa277466.2{330_M732}	TAAaTTCCGT	CCAGATGCAG	ACATTTTGGC	TGTTACATTT	GATGAAAAAG
	msa277466.2{330_1169NT}	TAAaTTCCGT	CCAGATGCAG	ACATTTTGGC	TGTTACATTT	GATGAAAAAG
	msa277466.2{330_M781}	TAAaTTCCGT	CCAGATGCAG	ACATTTTGGC	TGTTACATTT	GATGAAAAAG
	Consensus	***-*****	*****	*****	*****	*****
msa277466.2{330_090}	1301	TACAACGTTT	ATTGATGATT	AACTGGGGTG	TTATCCCTGT	CCTTGCAGAC
		TACAACGTTT	ATTGATGATT	AACTGGGGTG	TTATCCCTGT	CCTTGCAGAC
	msa277466.2{330_JM9130013}	TACAACGTTT	ATTGATGATT	AACTGGGGTG	TTATCCCTGT	CCTTGCAGAC
	msa277466.2{330_18RS21}	TACAACGTTT	ATTGATGATT	AACTGGGGTG	TTATCCCTGT	CCTTGCAGAC
	msa277466.2{330_2603}	TACAACGTTT	ATTGATGATT	AACTGGGGTG	TTATCCCTGT	CCTTGCAGAC
	msa277466.2{330_A909}	TACAACGTTT	ATTGATGATT	AACTGGGGTG	TTATCCCTGT	CCTTGCAGAC
	msa277466.2{330_H36B}	TACAACGTTT	ATTGATGATT	AACTGGGGTG	TTATCCCTGT	CCTTGCAGAC
	msa277466.2{330_CJB110}	TACAACGTTT	ATTGATGATT	AACTGGGGTG	TTATCCCTGT	CCTTGCAGAC
	msa277466.2{330_COH1}	TACAACGTTT	ATTGATGATT	AACTGGGGTG	TTATCCCTGT	CCTTGCAGAC
	msa277466.2{330_M732}	TACAACGTTT	ATTGATGATT	AACTGGGGTG	TTATCCCTGT	CCTTGCAGAC
	msa277466.2{330_1169NT}	TACAACGTTT	ATTGATGATT	AACTGGGGTG	TTATCCCTGT	CCTTGCAGAC
	msa277466.2{330_M781}	TACAACGTTT	ATTGATGATT	AACTGGGGTG	TTATCCCTGT	CCTTGCAGAC
	Consensus	*****	*****	*****	*****	*****

Table 72: Comparative Sequences relating to SAG0941

Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
	1351				1400
msa277466.2{330_090}	AAACCAGCAT	CTACAGATGA	TATGTTTGAG	GTTGCAGAAC	GTGTAGCACT
msa277466.2{330_JM9130013}	AAACCAGCAT	CTACAGATGA	TATGTTTGAG	GTTGCAGAAC	GTGTAGCACT
msa277466.2{330_18RS21}	AAACCAGCAT	CTACAGATGA	TATGTTTGAG	GTTGCAGAAC	GTGTAGCACT
msa277466.2{330_2603}	AAACCAGCAT	CTACAGATGA	TATGTTTGAG	GTTGCAGAAC	GTGTAGCACT
msa277466.2{330_A909}	AAACCAGCAT	CTACAGATGA	TATGTTTGAG	GTTGCAGAAC	GTGTAGCACT
msa277466.2{330_H36B}	AAACCAGCAT	CTACAGATGA	TATGTTTGAG	GTTGCAGAAC	GTGTAGCACT
msa277466.2{330_CJB110}	AAACCAGCAT	CTACAGATGA	TATGTTTGAG	GTTGCAGAAC	GTGTAGCACT
msa277466.2{330_COH1}	AAACCAGCAT	CTACAGATGA	TATGTTTGAG	GTTGCAGAAC	GTGTAGCACT
msa277466.2{330_M732}	AAACCAGCAT	CTACAGATGA	TATGTTTGAG	GTTGCAGAAC	GTGTAGCACT
msa277466.2{330_1169NT}	AAACCAGCAT	CTACAGATGA	TATGTTTGAG	GTTGCAGAAC	GTGTAGCACT
msa277466.2{330_M781}	AAACCAGCAT	CTACAGATGA	TATGTTTGAG	GTTGCAGAAC	GTGTAGCACT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
	1401				1450
msa277466.2{330_090}	TGAAGCAGGA	CTTGTTGAAT	CAGGCGATAA	TATCGTTATC	GTTGCAGGTG
msa277466.2{330_JM9130013}	TGAAGCAGGA	CTTGTTGAAT	CAGGCGATAA	TATCGTTATC	GTTGCAGGTG
msa277466.2{330_18RS21}	TGAAGCAGGA	CTTGTTGAAT	CAGGCGATAA	TATCGTTATC	GTTGCAGGTG
msa277466.2{330_2603}	TGAAGCAGGA	CTTGTTGAAT	CAGGCGATAA	TATCGTTATC	GTTGCAGGTG
msa277466.2{330_A909}	TGAAGCAGGA	CTTGTTGAAT	CAGGCGATAA	TATCGTTATC	GTTGCAGGTG
msa277466.2{330_H36B}	TGAAGCAGGA	CTTGTTGAAT	CAGGCGATAA	TATCGTTATC	GTTGCAGGTG
msa277466.2{330_CJB110}	TGAAGCAGGA	CTTGTTGAAT	CAGGCGATAA	TATCGTTATC	GTTGCAGGTG
msa277466.2{330_COH1}	TGAAGCAGGA	CTTGTTGAAT	CAGGCGATAA	TATCGTTATC	GTTGCAGGTG
msa277466.2{330_M732}	TGAAGCAGGA	CTTGTTGAAT	CAGGCGATAA	TATCGTTATC	GTTGCAGGTG
msa277466.2{330_1169NT}	TGAAGCAGGA	CTTGTTGAAT	CAGGCGATAA	TATCGTTATC	GTTGCAGGTG
msa277466.2{330_M781}	TGAAGCAGGA	CTTGTTGAAT	CAGGCGATAA	TATCGTTATC	GTTGCAGGTG
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
	1451				1500
msa277466.2{330_090}	TTCTGTAGG	TACAGGTGGA	ACTAACACAA	TGCGTGTTCG	TACTGTTAAA
msa277466.2{330_JM9130013}	TTCTGTAGG	TACAGGTGGA	ACTAACACAA	TGCGTGTTCG	TACTGTTAAA
msa277466.2{330_18RS21}	TTCTGTAGG	TACAGGTGGA	ACTAACACAA	TGCGTGTTCG	TACTGTTAAA
msa277466.2{330_2603}	TTCTGTAGG	TACAGGTGGA	ACTAACACAA	TGCGTGTTCG	TACTGTTAAA
msa277466.2{330_A909}	TTCTGTAGG	TACAGGTGGA	ACTAACACAA	TGCGTGTTCG	TACTGTTAAA
msa277466.2{330_H36B}	TTCTGTAGG	TACAGGTGGA	ACTAACACAA	TGCGTGTTCG	TACTGTTAAA
msa277466.2{330_CJB110}	TTCTGTAGG	TACAGGTGGA	ACTAACACAA	TGCGTGTTCG	TACTGTTAAA
msa277466.2{330_COH1}	TTCTGTAGG	TACAGGTGGA	ACTAACACAA	TGCGTGTTCG	TACTGTTAAA
msa277466.2{330_M732}	TTCTGTAGG	TACAGGTGGA	ACTAACACAA	TGCGTGTTCG	TACTGTTAAA
msa277466.2{330_1169NT}	TTCTGTAGG	TACAGGTGGA	ACTAACACAA	TGCGTGTTCG	TACTGTTAAA
msa277466.2{330_M781}	TTCTGTAGG	TACAGGTGGA	ACTAACACAA	TGCGTGTTCG	TACTGTTAAA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****

## SEQ ID NO. 7212

## STRAIN 2603 frame: 1

MNKRVKIVATLGPVAVFRGGKKFGESEGYWGESLDVEASAEKIAQLIKEGANVFRFNFSHG  
 DHAEQARMATVRKABEIAAGQKVGFLDITKGPEIRTELFEDGADPHSYTTGTLRVATKQ  
 GIKSTPEVIALNVAGGLDIFDDVEVGKQILVDDGKLGTLVFAKDKDTREFEVVVENDGLI  
 GKQGVNIPTTKIPFPALAEARNADIRFGLAQGLNFIAISFVRTAKDVNEVRAICEETGX  
 GHVKLFAKIEHQGGIDNIDIEIAADGIMIALRGDMGIEVPPFEMVVPVYQKMIITKVNAAGK  
 AVITATNMLETMDKPRATRSEVSDVFNVAIDGTDATMLSGESANGKYPVESVRTMATID  
 KNAQTLLNEYGRDSSAFPRNNKTDVIAAVKADATHSMDIKLVVTITETGNTARAIKFRP  
 PDADILAVTFDEKQVRSMLINWGVIPVLADKPASTDDMFEVAERVALEAGFVSEGDNI  
 VAGVPVGTGGTNTMRVRTVK

## SEQ ID NO. 7213

## STRAIN 090 frame: 1

NKRVKIVATLGPVAVFRGGKKFGESEGYWGESLDVEASAEKIAQLIKEGANVFRFNFSHG  
 HAEQARMATVRKABEIAAGQKVGFLDITKGPEIRTELFEDGADPHSYTTGTLRVATKQ  
 IKSTPEVIALNVAGGLDIFDDVEVGKQILVDDGKLGTLVFAKDKDTREFEVVVENDGLI  
 KQKGVNIPTTKIPFPALAEARNADIRFGLAQGLNFIAISFVRTAKDVNEVRAICEETGNG  
 HVKLFKIEHQGGIDNIDIEIAADGIMIALRGDMGIEVPPFEMVVPVYQKMIITKVNAAGK  
 VITATNMLETMDKPRATRSEVSDVFNVAIDGTDATMLSGESANGKYPVESVRTMATIDK  
 NAQTLLNEYGRDSSAFPRNNKTDVIAAVKADATHSMDIKLVVTITETGNTARAIKFRP  
 DADILAVTFDEKQVRSMLINWGVIPVLADKPASTDDMFEVAERVALEAGFVSEGDNI  
 VAGVPVGTGGTNTMRVRTVK

## SEQ ID NO. 7214

## STRAIN A909 frame: 1

NKRVKIVATLGPVAVFRGGKKFGESEGYWGESLDVEASAEKIAQLIKEGANVFRFNFSHG  
 HAEQARMATVRKABEIAAGQKVGFLDITKGPEIRTELFEDGADPHSYTTGTLRVATKQ  
 IKSTPEVIALNVAGGLDIFDDVEVGKQILVDDGKLGTLVFAKDKDTREFEVVVENDGLI  
 KQKGVNIPTTKIPFPALAEARNADIRFGLAQGLNFIAISFVRTAKDVNEVRAICEETGNG  
 HVKLFKIEHQGGIDNIDIEIAADGIMIALRGDMGIEVPPFEMVVPVYQKMIITKVNAAGK  
 VITATNMLETMDKPRATRSEVSDVFNVAIDGTDATMLSGESANGKYPVESVRTMATIDK  
 NAQTLLNEYGRDSSAFPRNNKTDVIAAVKADATHSMDIKLVVTITETGNTARAIKFRP  
 DADILAVTFDEKQVRSMLINWGVIPVLADKPASTDDMFEVAERVALEAGFVSEGDNI  
 VAGVPVGTGGTNTMRVRTVK

## SEQ ID NO. 7215

## STRAIN H36B frame: 1

Table 72: Comparative Sequences relating to SAG0941

NKRVKIVATLGPVAFVFRGGKKFGESGYWGESLDVEASAEDIAQLIKEGANVFRFNFSHGD  
HAEQGMATVRKAEEIAGQKVGFLDDTKGPEIRTELFDGADFHSTTTGTLRVATKQG  
IKSTPEVIALNVAGGLDIFDDVEVGKQILVDDGKGLTVFAKDKDTREFEVVVENDGLIG  
KQKGVNIPTTKIPFPALAEARNADIRFGLAQGLNFIAISFVRTAKDVNEVRAICBETGNG  
HVKLFAKIENQGGIDNIDEIIEADGIMIARGDMGIEVPPFEMVVPYQKMIITKVNAAGKA  
VITATNMLETMTDKPRATRSEVSDVFNAVIDGTDATMLSGESANGKYPVESVRTMATIDK  
NAQTLLNEYGRLDSSAFPRNNKTDVIA SAVKDATHSMDIKLVVTITETGNTARAI SKFRP  
DADILAVTFDEKVQRSLMINWGVIPVLADKPASTDDMFEVAERVALEAGFVBSGDNIIVIV  
AGVPVGTGGTNTMRVRTVK

## SEQ ID NO. 7216

STRAIN 18RS21 frame: 1

NKRVKIVATLGPVAFVFRGGKKFGESGYWGESLDVEASAEDIAQLIKEGANVFRFNFSHGD  
HAEQGMATVRKAEEIAGQKVGFLDDTKGPEIRTELFDGADFHSTTTGTLRVATKQG  
IKSTPEVIALNVAGGLDIFDDVEVGKQILVDDGKGLTVFAKDKDTREFEVVVENDGLIG  
KQKGVNIPTTKIPFPALAEARNADIRFGLAQGLNFIAISFVRTAKDVNEVRAICBETGNG  
HVKLFAKIENQGGIDNIDEIIEADGIMIARGDMGIEVPPFEMVVPYQKMIITKVNAAGKA  
VITATNMLETMTDKPRATRSEVSDVFNAVIDGTDATMLSGESANGKYPVESVRTMATIDK  
NAQTLLNEYGRLDSSAFPRNNKTDVIA SAVKDATHSMDIKLVVTITETGNTARAI SKFRP  
DADILAVTFDEKVQRSLMINWGVIPVLADKPASTDDMFEVAERVALEAGFVBSGDNIIVIV  
AGVPVGTGGTNTMRVRTVK

## SEQ ID NO. 7217

STRAIN M732 frame: 1

NKRVKIVATLGPVAFVFRGGKKFGESGYWGESLDVEASAEDIAQLIKEGANVFRFNFSHGD  
HAEQGMATVRKAEEIAGQKVGFLDDTKGPEIRTELFDGADFHSTTTGTLRVATKQG  
IKSTPEVIALNVAGGLDIFDDVEVGKQILVDDGKGLTVFAKDKDTREFEVVVENDGLIG  
KQKGVNIPTTKIPFPALAEARNADIRFGLAQGLNFIAISFVRTAKDVNEVRAICBETGNG  
HVKLFAKIENQGGIDNIDEIIEADGIMIARGDMGIEVPPFEMVVPYQKMIITKVNAAGKA  
VITATNMLETMTDKPRATRSEVSDVFNAVIDGTDATMLSGESANGKYPVESVRTMATIDK  
NAQTLLNEYGRLDSSAFPRNNKTDVIA SAVKDATHSMDIKLVVTITETGNTARAI SKFRP  
DADILAVTFDEKVQRSLMINWGVIPVLADKPASTDDMFEVAERVALEAGFVBSGDNIIVIV  
AGVPVGTGGTNTMRVRTVK

## SEQ ID NO. 7218

STRAIN COH1 frame: 1

NKRVKIVATLGPVAFVFRGGKKFGESGYWGESLDVEASAEDIAQLIKEGANVFRFNFSHGD  
HAEQGMATVRKAEEIAGQKVGFLDDTKGPEIRTELFDGADFHSTTTGTLRVATKQG  
IKSTPEVIALNVAGGLDIFDDVEVGKQILVDDGKGLTVFAKDKDTREFEVVVENDGLIG  
KQKGVNIPTTKIPFPALAEARNADIRFGLAQGLNFIAISFVRTAKDVNEVRAICBETGNG  
HVKLFAKIENQGGIDNIDEIIEADGIMIARGDMGIEVPPFEMVVPYQKMIITKVNAAGKA  
VITATNMLETMTDKPRATRSEVSDVFNAVIDGTDATMLSGESANGKYPVESVRTMATIDK  
NAQTLLNEYGRLDSSAFPRNNKTDVIA SAVKDATHSMDIKLVVTITETGNTARAI SKFRP  
DADILAVTFDEKVQRSLMINWGVIPVLADKPASTDDMFEVAERVALEAGFVBSGDNIIVIV  
AGVPVGTGGTNTMRVRTVK

## SEQ ID NO. 7219

STRAIN M781 frame: 1

NKRVKIVATLGPVAFVFRGGKKFGESGYWGESLDVEASAEDIAQLIKEGANVFRFNFSHGD  
HAEQGMATVRKAEEIAGQKVGFLDDTKGPEIRTELFDGADFHSTTTGTLRVATKQG  
IKSTPEVIALNVAGGLDIFDDVEVGKQILVDDGKGLTVFAKDKDTREFEVVVENDGLIG  
KQKGVNIPTTKIPFPALAEARNADIRFGLAQGLNFIAISFVRTAKDVNEVRAICBETGNG  
HVKLFAKIENQGGIDNIDEIIEADGIMIARGDMGIEVPPFEMVVPYQKMIITKVNAAGKA  
VITATNMLETMTDKPRATRSEVSDVFNAVIDGTDATMLSGESANGKYPVESVRTMATIDK  
NAQTLLNEYGRLDSSAFPRNNKTDVIA SAVKDATHSMDIKLVVTITETGNTARAI SKFRP  
DADILAVTFDEKVQRSLMINWGVIPVLADKPASTDDMFEVAERVALEAGFVBSGDNIIVIV  
AGVPVGTGGTNTMRVRTVK

## SEQ ID NO. 7220

STRAIN CJB110 frame: 1

NKRVKIVATLGPVAFVFRGGKKFGESGYWGESLDVEASAEDIAQLIKEGANVFRFNFSHGD  
HAEQGMATVRKAEEIAGQKVGFLDDTKGPEIRTELFDGADFHSTTTGTLRVATKQG  
IKSTPEVIALNVAGGLDIFDDVEVGKQILVDDGKGLTVFAKDKDTREFEVVVENDGLIG  
KQKGVNIPTTKIPFPALAEARNADIRFGLAQGLNFIAISFVRTAKDVNEVRAICBETGNG  
HVKLFAKIENQGGIDNIDEIIEADGIMIARGDMGIEVPPFEMVVPYQKMIITKVNAAGKA  
VITATNMLETMTDKPRATRSEVSDVFNAVIDGTDATMLSGESANGKYPVESVRTMATIDK  
NAQTLLNEYGRLDSSAFPRNNKTDVIA SAVKDATHSMDIKLVVTITETGNTARAI SKFRP  
DADILAVTFDEKVQRSLMINWGVIPVLADKPASTDDMFEVAERVALEAGFVBSGDNIIVIV  
AGVPVGTGGTNTMRVRTVK

## SEQ ID NO. 7221

STRAIN 1169NT frame: 1

NKRVKIVATLGPVAFVFRGGKKFGESGYWGESLDVEASAEDIAQLIKEGANVFRFNFSHGD  
HAEQGMATVRKAEEIAGQKVGFLDDTKGPEIRTELFDGADFHSTTTGTLRVATKQG  
IKSTPEVIALNVAGGLDIFDDVEVGKQILVDDGKGLTVFAKDKDTREFEVVVENDGLIG  
KQKGVNIPTTKIPFPALAEARNADIRFGLAQGLNFIAISFVRTAKDVNEVRAICBETGNG  
HVKLFAKIENQGGIDNIDEIIEADGIMIARGDMGIEVPPFEMVVPYQKMIITKVNAAGKA  
VITATNMLETMTDKPRATRSEVSDVFNAVIDGTDATMLSGESANGKYPVESVRTMATIDK  
NAQTLLNEYGRLDSSAFPRNNKTDVIA SAVKDATHSMDIKLVVTITETGNTARAI SKFRP  
DADILAVTFDEKVQRSLMINWGVIPVLADKPASTDDMFEVAERVALEAGFVBSGDNIIVIV  
AGVPVGTGGTNTMRVRTVK

Table 72: Comparative Sequences relating to SAG0941

SEQ ID NO. 7222

STRAIN JM9130013 frame: 1

NKRVKIVATLGPVAFVRGGKKFGESGYWGESLDVEASAEKIAQLIKEGANVFRNFNSHGD  
 HAEQGARMATVRKAEIAGQKVGFLDITKGPETELFEDGSDPHSYTTGTGLRVATKQG  
 IKSTPEVIALNVAGGLDIFDDVEVGKQILVDDGKLGTLVFAKDKDTREFVVDGLIG  
 KQKGVNIPYTKIPFPALAEARNADIRFGLBQGLNFIAISFVRTAKDVNEVRAICEETGNG  
 HVKLFKAKIENQQGIDNIDBIIEAADGIMIARGDMGIEVPPFEMVVPYQKMIITKVNAAGKA  
 VITATNMLETMTDKPRATRESEVSDVFNVIDGTATMLSGESANGKYPVESVRTMATIDK  
 NAQTLLNBYGRDSSAFPRNNKTDVIAAVKDATHSMDIKLVVTITETGNTARAIKFRP  
 DADILAVTFDEKQVRSMLINWGVIPVLADKPASTDDMFEVAERVALEAGLVESGDNIVIV  
 AGVPVGTGGTNTMRVTVK

PRETTY of: /biotmp/msa277662.2{\*} February 24, 2003 01:49 ..

	1				50
msa277662.2{330_18RS21}	-NKRVKIVAT	LGPVAFVRGG	KKFGESGYWG	ESLDVEASAE	KIAQLIKEGA
msa277662.2{330_A909}	-NKRVKIVAT	LGPVAFVRGG	KKFGESGYWG	ESLDVEASAE	KIAQLIKEGA
msa277662.2{330_CJB110}	-NKRVKIVAT	LGPVAFVRGG	KKFGESGYWG	ESLDVEASAE	KIAQLIKEGA
msa277662.2{330_H36B}	-NKRVKIVAT	LGPVAFVRGG	KKFGESGYWG	ESLDVEASAE	KIAQLIKEGA
msa277662.2{330_1169NT}	-NKRVKIVAT	LGPVAFVRGG	KKFGESGYWG	ESLDVEASAE	KIAQLIKEGA
msa277662.2{330_COH1}	-NKRVKIVAT	LGPVAFVRGG	KKFGESGYWG	ESLDVEASAE	KIAQLIKEGA
msa277662.2{330_M732}	-NKRVKIVAT	LGPVAFVRGG	KKFGESGYWG	ESLDVEASAE	KIAQLIKEGA
msa277662.2{330_M781}	-NKRVKIVAT	LGPVAFVRGG	KKFGESGYWG	ESLDVEASAE	KIAQLIKEGA
msa277662.2{330_JM9130013}	-NKRVKIVAT	LGPVAFVRGG	KKFGESGYWG	ESLDVEASAE	KIAQLIKEGA
msa277662.2{330_090}	-NKRVKIVAT	LGPVAFVRGG	KKFGESGYWG	ESLDVEASAE	KIAQLIKEGA
msa277662.2{330_2603}	-NKRVKIVAT	LGPVAFVRGG	KKFGESGYWG	ESLDVEASAE	KIAQLIKEGA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
	51				100
msa277662.2{330_18RS21}	NVFRFNFSHG	DHAEQGARMA	TVRKAEIAG	QKVGFLDITK	GPEIRTELFE
msa277662.2{330_A909}	NVFRFNFSHG	DHAEQGARMA	TVRKAEIAG	QKVGFLDITK	GPEIRTELFE
msa277662.2{330_CJB110}	NVFRFNFSHG	DHAEQGARMA	TVRKAEIAG	QKVGFLDITK	GPEIRTELFE
msa277662.2{330_H36B}	NVFRFNFSHG	DHAEQGARMA	TVRKAEIAG	QKVGFLDITK	GPEIRTELFE
msa277662.2{330_1169NT}	NVFRFNFSHG	DHAEQGARMA	TVRKAEIAG	QKVGFLDITK	GPEIRTELFE
msa277662.2{330_COH1}	NVFRFNFSHG	DHAEQGARMA	TVRKAEIAG	QKVGFLDITK	GPEIRTELFE
msa277662.2{330_M732}	NVFRFNFSHG	DHAEQGARMA	TVRKAEIAG	QKVGFLDITK	GPEIRTELFE
msa277662.2{330_M781}	NVFRFNFSHG	DHAEQGARMA	TVRKAEIAG	QKVGFLDITK	GPEIRTELFE
msa277662.2{330_JM9130013}	NVFRFNFSHG	DHAEQGARMA	TVRKAEIAG	QKVGFLDITK	GPEIRTELFE
msa277662.2{330_090}	NVFRFNFSHG	DHAEQGARMA	TVRKAEIAG	QKVGFLDITK	GPEIRTELFE
msa277662.2{330_2603}	NVFRFNFSHG	DHAEQGARMA	TVRKAEIAG	QKVGFLDITK	GPEIRTELFE
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
	101				150
msa277662.2{330_18RS21}	DGADFHSYTT	GTKLRVATKQ	GIKSTPEVIA	LNAGGLDIF	DDVEVGKQIL
msa277662.2{330_A909}	DGADFHSYTT	GTKLRVATKQ	GIKSTPEVIA	LNAGGLDIF	DDVEVGKQIL
msa277662.2{330_CJB110}	DGADFHSYTT	GTKLRVATKQ	GIKSTPEVIA	LNAGGLDIF	DDVEVGKQIL
msa277662.2{330_H36B}	DGADFHSYTT	GTKLRVATKQ	GIKSTPEVIA	LNAGGLDIF	DDVEVGKQIL
msa277662.2{330_1169NT}	DGADFHSYTT	GTKLRVATKQ	GIKSTPEVIA	LNAGGLDIF	DDVEVGKQIL
msa277662.2{330_COH1}	DGADFHSYTT	GTKLRVATKQ	GIKSTPEVIA	LNAGGLDIF	DDVEVGKQIL
msa277662.2{330_M732}	DGADFHSYTT	GTKLRVATKQ	GIKSTPEVIA	LNAGGLDIF	DDVEVGKQIL
msa277662.2{330_M781}	DGADFHSYTT	GTKLRVATKQ	GIKSTPEVIA	LNAGGLDIF	DDVEVGKQIL
msa277662.2{330_JM9130013}	DGADFHSYTT	GTKLRVATKQ	GIKSTPEVIA	LNAGGLDIF	DDVEVGKQIL
msa277662.2{330_090}	DGADFHSYTT	GTKLRVATKQ	GIKSTPEVIA	LNAGGLDIF	DDVEVGKQIL
msa277662.2{330_2603}	DGADFHSYTT	GTKLRVATKQ	GIKSTPEVIA	LNAGGLDIF	DDVEVGKQIL
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
	151				200
msa277662.2{330_18RS21}	VDDGKLGTLV	FAKDKDTREF	EVVENDGLI	GKQKGVNIPY	TKIPFPALAE
msa277662.2{330_A909}	VDDGKLGTLV	FAKDKDTREF	EVVENDGLI	GKQKGVNIPY	TKIPFPALAE
msa277662.2{330_CJB110}	VDDGKLGTLV	FAKDKDTREF	EVVENDGLI	GKQKGVNIPY	TKIPFPALAE
msa277662.2{330_H36B}	VDDGKLGTLV	FAKDKDTREF	EVVENDGLI	GKQKGVNIPY	TKIPFPALAE
msa277662.2{330_1169NT}	VDDGKLGTLV	FAKDKDTREF	EVVENDGLI	GKQKGVNIPY	TKIPFPALAE
msa277662.2{330_COH1}	VDDGKLGTLV	FAKDKDTREF	EVVENDGLI	GKQKGVNIPY	TKIPFPALAE
msa277662.2{330_M732}	VDDGKLGTLV	FAKDKDTREF	EVVENDGLI	GKQKGVNIPY	TKIPFPALAE
msa277662.2{330_M781}	VDDGKLGTLV	FAKDKDTREF	EVVENDGLI	GKQKGVNIPY	TKIPFPALAE
msa277662.2{330_JM9130013}	VDDGKLGTLV	FAKDKDTREF	EVVENDGLI	GKQKGVNIPY	TKIPFPALAE
msa277662.2{330_090}	VDDGKLGTLV	FAKDKDTREF	EVVENDGLI	GKQKGVNIPY	TKIPFPALAE
msa277662.2{330_2603}	VDDGKLGTLV	FAKDKDTREF	EVVENDGLI	GKQKGVNIPY	TKIPFPALAE
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
	201				250
msa277662.2{330_18RS21}	RDNADIRFGL	EQGLNFIAIS	FVRTAKDVNE	VRAICEETGn	GHVKLFKAKIE
msa277662.2{330_A909}	RDNADIRFGL	EQGLNFIAIS	FVRTAKDVNE	VRAICEETGn	GHVKLFKAKIE
msa277662.2{330_CJB110}	RDNADIRFGL	EQGLNFIAIS	FVRTAKDVNE	VRAICEETGn	GHVKLFKAKIE
msa277662.2{330_H36B}	RDNADIRFGL	EQGLNFIAIS	FVRTAKDVNE	VRAICEETGn	GHVKLFKAKIE
msa277662.2{330_1169NT}	RDNADIRFGL	EQGLNFIAIS	FVRTAKDVNE	VRAICEETGn	GHVKLFKAKIE
msa277662.2{330_COH1}	RDNADIRFGL	EQGLNFIAIS	FVRTAKDVNE	VRAICEETGn	GHVKLFKAKIE
msa277662.2{330_M732}	RDNADIRFGL	EQGLNFIAIS	FVRTAKDVNE	VRAICEETGn	GHVKLFKAKIE
msa277662.2{330_M781}	RDNADIRFGL	EQGLNFIAIS	FVRTAKDVNE	VRAICEETGn	GHVKLFKAKIE
msa277662.2{330_JM9130013}	RDNADIRFGL	EQGLNFIAIS	FVRTAKDVNE	VRAICEETGn	GHVKLFKAKIE
msa277662.2{330_090}	RDNADIRFGL	EQGLNFIAIS	FVRTAKDVNE	VRAICEETGn	GHVKLFKAKIE
msa277662.2{330_2603}	RDNADIRFGL	EQGLNFIAIS	FVRTAKDVNE	VRAICEETGn	GHVKLFKAKIE
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****

Table 72: Comparative Sequences relating to SAG0941

	251		300
msa277662.2{330_18RS21}	NQQGIDNIDE IIEAADGIMI ARGDMGIEVP FEMVPVYQKM IITKVNAAGK		
msa277662.2{330_A909}	NQQGIDNIDE IIEAADGIMI ARGDMGIEVP FEMVPVYQKM IITKVNAAGK		
msa277662.2{330_CJB110}	NQQGIDNIDE IIEAADGIMI ARGDMGIEVP FEMVPVYQKM IITKVNAAGK		
msa277662.2{330_H36B}	NQQGIDNIDE IIEAADGIMI ARGDMGIEVP FEMVPVYQKM IITKVNAAGK		
msa277662.2{330_1169NT}	NQQGIDNIDE IIEAADGIMI ARGDMGIEVP FEMVPVYQKM IITKVNAAGK		
msa277662.2{330_COH1}	NQQGIDNIDE IIEAADGIMI ARGDMGIEVP FEMVPVYQKM IITKVNAAGK		
msa277662.2{330_M732}	NQQGIDNIDE IIEAADGIMI ARGDMGIEVP FEMVPVYQKM IITKVNAAGK		
msa277662.2{330_M781}	NQQGIDNIDE IIEAADGIMI ARGDMGIEVP FEMVPVYQKM IITKVNAAGK		
msa277662.2{330_JM9130013}	NQQGIDNIDE IIEAADGIMI ARGDMGIEVP FEMVPVYQKM IITKVNAAGK		
msa277662.2{330_090}	NQQGIDNIDE IIEAADGIMI ARGDMGIEVP FEMVPVYQKM IITKVNAAGK		
msa277662.2{330_2603}	NQQGIDNIDE IIEAADGIMI ARGDMGIEVP FEMVPVYQKM IITKVNAAGK		
Consensus	*****	*****	*****
	301		350
msa277662.2{330_18RS21}	AVITATNMLE TMTDKPRATR SEVSDVFNAV IDGTDATMLS GESANGKYPV		
msa277662.2{330_A909}	AVITATNMLE TMTDKPRATR SEVSDVFNAV IDGTDATMLS GESANGKYPV		
msa277662.2{330_CJB110}	AVITATNMLE TMTDKPRATR SEVSDVFNAV IDGTDATMLS GESANGKYPV		
msa277662.2{330_H36B}	AVITATNMLE TMTDKPRATR SEVSDVFNAV IDGTDATMLS GESANGKYPV		
msa277662.2{330_1169NT}	AVITATNMLE TMTDKPRATR SEVSDVFNAV IDGTDATMLS GESANGKYPV		
msa277662.2{330_COH1}	AVITATNMLE TMTDKPRATR SEVSDVFNAV IDGTDATMLS GESANGKYPV		
msa277662.2{330_M732}	AVITATNMLE TMTDKPRATR SEVSDVFNAV IDGTDATMLS GESANGKYPV		
msa277662.2{330_M781}	AVITATNMLE TMTDKPRATR SEVSDVFNAV IDGTDATMLS GESANGKYPV		
msa277662.2{330_JM9130013}	AVITATNMLE TMTDKPRATR SEVSDVFNAV IDGTDATMLS GESANGKYPV		
msa277662.2{330_090}	AVITATNMLE TMTDKPRATR SEVSDVFNAV IDGTDATMLS GESANGKYPV		
msa277662.2{330_2603}	AVITATNMLE TMTDKPRATR SEVSDVFNAV IDGTDATMLS GESANGKYPV		
Consensus	*****	*****	*****
	351		400
msa277662.2{330_18RS21}	ESVRTMATID KNAQTLLENEY GRLDSSAFPR NNKTDVIAA VKDATHSMDI		
msa277662.2{330_A909}	ESVRTMATID KNAQTLLENEY GRLDSSAFPR NNKTDVIAA VKDATHSMDI		
msa277662.2{330_CJB110}	ESVRTMATID KNAQTLLENEY GRLDSSAFPR NNKTDVIAA VKDATHSMDI		
msa277662.2{330_H36B}	ESVRTMATID KNAQTLLENEY GRLDSSAFPR NNKTDVIAA VKDATHSMDI		
msa277662.2{330_1169NT}	ESVRTMATID KNAQTLLENEY GRLDSSAFPR NNKTDVIAA VKDATHSMDI		
msa277662.2{330_COH1}	ESVRTMATID KNAQTLLENEY GRLDSSAFPR NNKTDVIAA VKDATHSMDI		
msa277662.2{330_M732}	ESVRTMATID KNAQTLLENEY GRLDSSAFPR NNKTDVIAA VKDATHSMDI		
msa277662.2{330_M781}	ESVRTMATID KNAQTLLENEY GRLDSSAFPR NNKTDVIAA VKDATHSMDI		
msa277662.2{330_JM9130013}	ESVRTMATID KNAQTLLENEY GRLDSSAFPR NNKTDVIAA VKDATHSMDI		
msa277662.2{330_090}	ESVRTMATID KNAQTLLENEY GRLDSSAFPR NNKTDVIAA VKDATHSMDI		
msa277662.2{330_2603}	ESVRTMATID KNAQTLLENEY GRLDSSAFPR NNKTDVIAA VKDATHSMDI		
Consensus	*****	*****	*****
	401		450
msa277662.2{330_18RS21}	KLVTITETG NTARAISKFR PDADILAVTF DEKVQSLMI NWGVIPVLAD		
msa277662.2{330_A909}	KLVTITETG NTARAISKFR PDADILAVTF DEKVQSLMI NWGVIPVLAD		
msa277662.2{330_CJB110}	KLVTITETG NTARAISKFR PDADILAVTF DEKVQSLMI NWGVIPVLAD		
msa277662.2{330_H36B}	KLVTITETG NTARAISKFR PDADILAVTF DEKVQSLMI NWGVIPVLAD		
msa277662.2{330_1169NT}	KLVTITETG NTARAISKFR PDADILAVTF DEKVQSLMI NWGVIPVLAD		
msa277662.2{330_COH1}	KLVTITETG NTARAISKFR PDADILAVTF DEKVQSLMI NWGVIPVLAD		
msa277662.2{330_M732}	KLVTITETG NTARAISKFR PDADILAVTF DEKVQSLMI NWGVIPVLAD		
msa277662.2{330_M781}	KLVTITETG NTARAISKFR PDADILAVTF DEKVQSLMI NWGVIPVLAD		
msa277662.2{330_JM9130013}	KLVTITETG NTARAISKFR PDADILAVTF DEKVQSLMI NWGVIPVLAD		
msa277662.2{330_090}	KLVTITETG NTARAISKFR PDADILAVTF DEKVQSLMI NWGVIPVLAD		
msa277662.2{330_2603}	KLVTITETG NTARAISKFR PDADILAVTF DEKVQSLMI NWGVIPVLAD		
Consensus	*****	*****	*****
	451		500
msa277662.2{330_18RS21}	KPASTDDMFE VAERVALEAG fVESGDNIVI VAGVPVGTGG TNTMRVRTVK		
msa277662.2{330_A909}	KPASTDDMFE VAERVALEAG fVESGDNIVI VAGVPVGTGG TNTMRVRTVK		
msa277662.2{330_CJB110}	KPASTDDMFE VAERVALEAG fVESGDNIVI VAGVPVGTGG TNTMRVRTVK		
msa277662.2{330_H36B}	KPASTDDMFE VAERVALEAG fVESGDNIVI VAGVPVGTGG TNTMRVRTVK		
msa277662.2{330_1169NT}	KPASTDDMFE VAERVALEAG fVESGDNIVI VAGVPVGTGG TNTMRVRTVK		
msa277662.2{330_COH1}	KPASTDDMFE VAERVALEAG fVESGDNIVI VAGVPVGTGG TNTMRVRTVK		
msa277662.2{330_M732}	KPASTDDMFE VAERVALEAG fVESGDNIVI VAGVPVGTGG TNTMRVRTVK		
msa277662.2{330_M781}	KPASTDDMFE VAERVALEAG fVESGDNIVI VAGVPVGTGG TNTMRVRTVK		
msa277662.2{330_JM9130013}	KPASTDDMFE VAERVALEAG fVESGDNIVI VAGVPVGTGG TNTMRVRTVK		
msa277662.2{330_090}	KPASTDDMFE VAERVALEAG fVESGDNIVI VAGVPVGTGG TNTMRVRTVK		
msa277662.2{330_2603}	KPASTDDMFE VAERVALEAG fVESGDNIVI VAGVPVGTGG TNTMRVRTVK		
Consensus	*****	*****	*****

Table 73: Comparative Sequences relating to SAG0981

SEQ ID NO. 7301  
STRAIN 2603

TTGTCTGCTATAATAGACAAAAAGGTGGTGATATTTATGTATTTAGCATTAAATCGGTGAT  
ATCATTAAATCAAAACAGATACCTGAACTGAACTTTCCAACAGTCTTTTCAGCAACTA  
ATGACCGAACTATCTGATGTATATGGTGAAGAGCTGATTTCTCCATTCACTATTACAGCT  
GGTGATGAATTTCAAGCTTTATGAAACCATCAAAAAGGTATTTCAAATTATTGACCAT  
ATTCAACTAGCTCTAAAACCTGTTAATGTAAGGTTGCGCCTCGGTACAGGAAACATTATA  
ACATCCATCAATTCAAATGAAAGTATCGGTGCTGATGGTCTGCTGCTACTGGCATGCTCGC  
TCAGCTATTAAATCATATACATGATAAAAAATGATTATGGAACAGTTCAAGTAGCTATTGTC  
CTTGATGATGAAGACCAAAACCTTGAATTAACTAAATAGTCTCATTTCAGCTGGTGAT  
TTTATCAAGTCAAAATGGACTACAAACCATTTTCAAATGCTTGAGCACTTAATACCTCAA  
GATAATTATCAAGAACAATTTCAACATCAAAAGTTAGCCCACTGGAAAATATTGAACT  
AGTGCCTGACTAAACGCTTAAAGCAAGCGCTCTGAAGATTTACTTAAGAACGAGAACA  
CAGGCAGCGATCTATTAGTTAAAGTTGCACTCAAACTAAAGGGGGAAGCTATGATTTT

SEQ ID NO. 7302  
STRAIN 090

TCTGCTATAATAGACAAAAAGGTGGTGATATTTATGTATTT  
AGCATTAAATCGGTGATATCATTAAATCAAAACAGATACCTGAACTGAAA  
CTTTCCAACAGTCTTTTCAGCAACTAATGACCGAACTATCTGATGTATAT  
GGTGAAGAGCTGATTTCTCCATTCACTATTACAGCTGGTGATGAATTTCA  
AGCTTTATGAAACCATCAAAAAGGTATTTCAAATTATTGACCATATTTC  
AACTAGCTCTAAAACCTGTTAATGTAAGGTTGCGCCTCGGTACAGGAAAC  
ATTATAACATCCATCAATTTAAATGAAAGTATCGGTGCTGATGGTCTGCTG  
CTACTGGCATGCTGCTGCTGCTGCTATTAAATCATATACATGATAAAAAATGATT  
ATGGAACAGTTCAAGTAGCTATTGCTTGGATGATGAAGACCAAAACCTT  
GAATTAACTAAATAGTCTCATTTCAGCTGGTGATTTTATCAAGTCAAA  
ATGGACTACAAACCATTTTCAAATGCTTGAGCACTTAATACTTCAAGATA  
ATTATCAAGAACAAATTTCAACATCAAAAGTTAGCCCACTGGAAAATATT  
GAACCTAGTGCCTGACTAAACGCTTAAAGCAAGCGCTCTGAAGATTTA  
CTTAAGAACGAGAACAACAGGCAGCGATCTATTAGTTAAAGTTGCACT  
AAACTAAAGGGGGAAGCTATGATTTT

SEQ ID NO. 7303  
STRAIN A909

TCTGCTATAATAGACAAAAAGGTGGTGATATTTATGTAT  
TTAGCATTAAATCGGTGATATCATTAAATCAAAACAGATACCTGAACTGAA  
AACTTTCCAACAGTCTTTTCAGCAACTAATGACCGAACTATCTGATGTAT  
ATGGTGAAGAGCTGATTTCTCCATTCACTATTACAGCTGGTGATGAATTT  
CAAGCTTTATGAAACCATCAAAAAGGTATTTCAAATTATTGACCATAT  
TCAACTAGCTCTAAAACCTGTTAATGTAAGGTTGCGCCTCGGTACAGGAA  
ACATTATAACATCCATCAATTTCAAATGAAAGTATCGGTGCTGATGGTCTG  
GCCTACTGGCATGCTGCTGCTGCTATTAAATCATATACATGATAAAAAATGA  
TTATGGAACAGTTCAAGTAGCTATTGCTTGGATGATGAAGACCAAAAC  
TTGAATTAACACTAAATAGTCTCATTTCAGCTGGTGATTTTATCAAGTCA  
AAATGGACTACAAACCATTTTCAAATGCTTGAGCACTTAATACTTCAAGA  
TAATTTATCAAGAACAAATTTCAACATCAAAAGTTAGCCCACTGGAAAATA  
TTGAACCTAGTGCCTGACTAAACGCTTAAAGCAAGCGCTCTGAAGATTT  
TACTTAAGAACGAGAACAACAGGCAGCGATCTATTAGTTAAAGTTGCACT  
TCAAACTAAAGGGGGAAGCTATGATTTT

SEQ ID NO. 7304  
STRAIN H36B

TCTGCTATAATAGACAAAAAGGTGGTGATATTT  
ATGTATTTAGCATTAAATCGGTGATATCATTAAATCAAAACAGATACCTGAA  
ACGTGAAACTTTCCAACAGTCTTTTCAGCAACTAATGACCGAACTATCTG  
ATGTATATGGTGAAGAGCTGATTTCTCCATTCACTATTACAGCTGGTGAT  
GAATTTCAAGCTTTATGAAACCATCAAAAAGGTATTTCAAATTATTGA  
CCATATTCACTAGCTCTAAAACCTGTTAATGTAAGGTTGCGCCTCGGTG  
CAGGAAACATTTATAACATCCATCAATTTCAAATGAAAGTATCGGTGCTGAT  
GGTCTGCTGCTACTGGCATGCTGCTGCTGCTATTAAATCATATACATGATAA  
AAATGATTATGGAACAGTTCAAGTAGCTATTGCTTGGATGATGAAGACC  
AAAACCTTGAATTAACACTAAATAGTCTCATTTCAGCTGGTGATTTTATC  
AAGTCAAAATGGACTACAAACCATTTTCAAATGCTTGAGCACTTAATACT  
TCAAGATAATTATCAAGAACAATTTCAACATCAAAAGTTAGCCCACTGG  
AAAATATTGAACCTAGTGCCTGACTAAACGCTTAAAGCAAGCGCTCTG  
AAGATTTACTTAAGAACGAGAACAACAGGCAGCGATCTATTAGTTAAAG  
TTGCACTCAAACTAAAGGGGGAAGCTATGATTTT

SEQ ID NO. 7305  
STRAIN 18RS21

TCTGCTATAATAGACAAAAAGGTGGTGATATTT  
ATGTATTTAGCATTAAATCGGTGATATCATTAAATCAAAACAGATACCTGAA  
ACGTGAAACTTTCCAACAGTCTTTTCAGCAACTAATGACCGAACTATCTG  
ATGTATATGGTGAAGAGCTGATTTCTCCATTCACTATTACAGCTGGTGAT  
GAATTTCAAGCTTTATGAAACCATCAAAAAGGTATTTCAAATTATTGA  
CCATATTCACTAGCTCTAAAACCTGTTAATGTAAGGTTGCGCCTCGGTG  
CAGGAAACATTTATAACATCCATCAATTTCAAATGAAAGTATCGGTGCTGAT  
GGTCTGCTGCTACTGGCATGCTGCTGCTGCTATTAAATCATATACATGATAA  
AAATGATTATGGAACAGTTCAAGTAGCTATTGCTTGGATGATGAAGACC  
AAAACCTTGAATTAACACTAAATAGTCTCATTTCAGCTGGTGATTTTATC  
AAGTCAAAATGGACTACAAACCATTTTCAAATGCTTGAGCACTTAATACT

Table 73: C mparative Sequences relating t SAG0981

TCAAGATAATTATCAAGAACAAATTCAACATCAAAAGTTAGCCCAACTGG  
AAAAATATTGAACCTAGTGCCTGACTAAACGCCTTAAAGCAAGCGGTCTG  
AAGATTTACTTAAGAACGAGAACACAGGCAGCCGATCTATTAGTTAAAAAG  
TTGCACTCAAACTAAAGGGGGAAGCTATGATTTC

SEQ ID NO. 7306

STRAIN M732

TCTGCTATAATAGACAAAAAGGTGGTGATATT  
TATGTATTTAGCATTAAATCGGTGATATCATTAAATCAAAACAGATACTTG  
AACGTGAAACTTTCCAAACAGTCTTTTCAGCAACTAATGACCGAAGCTATCT  
GATGTATATGGTGAAGAGCTGATTCTCCATTCACTATTACAGCTGGTGA  
TGAATTTCAAGCTTTATTGAAACaATCAAAAAGGTATTTCAAATTTATTG  
ACCATATTCAACTAGCTCTAAAACCTGTTAATGTAAGGTTCCGGCTCGGT  
ACAGGAAACATTATAACATCCATCAATTCAAATGAAAGTATCGGTGCTGA  
TGGTCTCGCTACTGGCATGCTCGCTCAGCTATTAAATCATATACATGATA  
AAAATGATTATGGAACAGTTCAAGTAGCTATTGTCCTTGATGATGAAGAC  
CAAAACCTTGAATTAACTAACTAAATAGTCTCATTTCAGCTGGTGATTTTAT  
CAAGTCAAAATGGACTACAAACCAATTTCAAATGCTTGAGCACTTAATAC  
TTCAAGATAATTATCAAGAACAAATTCAACATCAAAAGTTAGCCCAACTG  
TGAATATTGAACCTAGTGCCTGACTAAACGCCTTAAAGCAAGCGGTCT  
GAAGATTTACTTAAGAACGAGAACACAGGCAGCCGATCTATTAGTTAAAA  
GTTGCACTCAAACTAAAGGGGGAAGCTATGATTTC

SEQ ID NO. 7307

STRAIN COH1

TCTGCTATAATAGACAAAAAGGTGGTGATATT  
TATGTATTTAGCATTAAATCGGTGATATCATTAAATCAAAACAGATACTTG  
AACGTGAAACTTTCCAAACAGTCTTTTCAGCAACTAATGACCGAAGCTATCT  
GATGTATATGGTGAAGAGCTGATTCTCCATTCACTATTACAGCTGGTGA  
TGAATTTCAAGCTTTATTGAAACaATCAAAAAGGTATTTCAAATTTATTG  
ACCATATTCAACTAGCTCTAAAACCTGTTAATGTAAGGTTCCGGCTCGGT  
ACAGGAAACATTATAACATCCATCAATTCAAATGAAAGTATCGGTGCTGA  
TGGTCTCGCTACTGGCATGCTCGCTCAGCTATTAAATCATATACATGATA  
AAAATGATTATGGAACAGTTCAAGTAGCTATTGTCCTTGATGATGAAGAC  
CAAAACCTTGAATTAACTAACTAAATAGTCTCATTTCAGCTGGTGATTTTAT  
CAAGTCAAAATGGACTACAAACCAATTTCAAATGCTTGAGCACTTAATAC  
TTCAAGATAATTATCAAGAACAAATTCAACATCAAAAGTTAGCCCAACTG  
TGAATATTGAACCTAGTGCCTGACTAAACGCCTTAAAGCAAGCGGTCT  
GAAGATTTACTTAAGAACGAGAACACAGGCAGCCGATCTATTAGTTAAAA  
GTTGCACTCAAACTAAAGGGGGAAGCTATGATTTC

SEQ ID NO. 7308

STRAIN M781

TCTGCTATAATAGACAAAAAGGTGGTGATATT  
ATGTATTTAGCATTAAATCGGTGATATCATTAAATCAAAACAGATACTTGA  
ACGTGAAACTTTCCAAACAGTCTTTTCAGCAACTAATGACCGAAGCTATCTG  
ATGTATATGGTGAAGAGCTGATTCTCCATTCACTATTACAGCTGGTGAT  
GAATTTCAAGCTTTATTGAAACAAATCAAAAAGGTATTTCAAATTTATTGA  
CATATTTCAACTAGCTCTAAAACCTGTTAATGTAAGGTTCCGGCTCGGTGA  
CAGGAAACATTATAACATCCATCAATTCAAATGAAAGTATCGGTGCTGAT  
GGTCTCGCTACTGGCATGCTCGCTCAGCTATTAAATCATATACATGATAA  
AAATGATTATGGAACAGTTCAAGTAGCTATTGTCCTTGATGATGAAGACC  
AAAACCTTGAATTAACTAAATAGTCTCATTTCAGCTGGTGATTTTATC  
AAGTCAAAATGGACTACAAACCAATTTCAAATGCTTGAGCACTTAATACT  
TCAAGATAATTATCAAGAACAAATTCAACATCAAAAGTTAGCCCAACTGG  
AAAATATTGAACCTAGTGCCTGACTAAACGCCTTAAAGCAAGCGGTCTG  
AAGATTTACTTAAGAACGAGAACACAGGCAGCCGATCTATTAGTTAAAAAG  
TTGCACTCAAACTAAAGGGGGAAGCTATGATTTC

SEQ ID NO. 7309

STRAIN CJB110

TCTGCTATAATAGACAAAAAGGTGGTGGA  
TTTATGTATTTAGCATTAAATCGGTGATATCATTAAATCAAAACAGATACT  
TGAACGTGAAACTTTCCAAACAGTCTTTTCAGCAACTAATGACCGAAGCTAT  
CTGATGTATATGGTGAAGAGCTGATTCTCTATTCACTATTACAGCTGGT  
GATGAATTTCAAGCTTTATTGAAACCAATCAAAAAGGTATTTCAAATTTAT  
TGACCATATTCAACTAGCTCTAAAACCTGTTAATGTAAGGTTCCGGCTCG  
GTACAGGAAACATTATAACATCCATCAATTCAAATGAAAGTATCGGTGCT  
GATGGTCTCGCTACTGGCATGCTCGCTCAGCTATTAAATCATATACATGA  
TAAAAATGATTATGGAACAGTTCAAGTAGCTATTGTCCTTGATGATGAAG  
ACCAAAACCTTGAATTAACTAACTAAATAGTCTCATTTCAGCTGGTGATTTT  
ATCAAGTCAAAATGGACTACTAACCATTTTCAAATGCTTGAGCACTTAAT  
ACTTCAAGATAATTATCAAGAACAAATTCAACATCAAAAGTTAGCCCAAC  
TGGAAATATTGAACCTAGTGCCTGACTAAACGCCTTAAAGCAAGCGGT  
CTGAAGATTTACTTAAGAACGAGAACACAGGCAGCCGATCTATTAGTTAA  
AAGTTGCACTCAAACTAAAGGGGGAAGCTATGATTTC

SEQ ID NO. 7310

STRAIN JM9130013

TCTGCTATAATAGACAAAAAGGTGGTGATATT  
ATGTATTTAGCATTAAATCGGTGATATCATTAAATCAAAACAGATACTTGA  
ACGTGAAACTTTCCAAACAGTCTTTTCAGCAACTAATGACCGAAGCTATCTG

Table 73: Comparative Sequences relating to SAG0981

ATGTATATGGTGAAGAGCTGATTTCTCCATTCACTATTACAGCTGGTGAT  
 GAATTTCAAGCTTTATTGAAACCATCAAAAAGGTATTTCAAATTATTGA  
 CCATATTCACTAGCTCTAAACCTGTTAATGTAAGGTCGGCCTCGGTA  
 CAGGAAACATTATAACATCCATCAATTCAAATGAAAGTATCGGTGCTGAT  
 GGTCTGCTACTGGCATGCTCGCTCAGCTATTAATCATATACATGATAA  
 AAATGATTATGGAACAGTTCAAGTAGCTATTTGCCTTGATGATGAAGACC  
 AAAACCTTGAATTAACACTAAATAGTCTCAATTCAGCTGGTGATTTTATC  
 AAGTCAAATGGACTACAAACCATTTTCAAATGCTTGAGCACTTAATACT  
 TCAAGATAATTATCAAGAACAAATTTCAACATCAAAAGTTAGCCCACTGG  
 AAAATATTGAACCTAGTGCCTGACTAAACGCTTAAAGCAAGCGGTCTG  
 AAGATTTACTTAAGAACGAGAACACAGGCAGCGATCTATTAGTTAAAAG  
 TTGCACTCAAACCTAAAGGGGAAGCTATGATTTTC

PRETTY of: /biotmp/msa31912.2[\*] February 18, 2003 08:19 ..

	1		50
msa31912.2{338_18RS21}	---TCTGCTA	TAATAGACAA	AAAGGTGGTG aTATTTATGT ATTAGCATT
msa31912.2{338_2603}	ttgTCTGCTA	TAATAGACAA	AAAGGTGGTG aTATTTATGT ATTAGCATT
msa31912.2{338_A909}	---TCTGCTA	TAATAGACAA	AAAGGTGGTG aTATTTATGT ATTAGCATT
msa31912.2{338_H36B}	---TCTGCTA	TAATAGACAA	AAAGGTGGTG aTATTTATGT ATTAGCATT
msa31912.2{338_JM9130013}	---TCTGCTA	TAATAGACAA	AAAGGTGGTG aTATTTATGT ATTAGCATT
msa31912.2{338_COH1}	---TCTGCTA	TAATAGACAA	AAAGGTGGTG aTATTTATGT ATTAGCATT
msa31912.2{338_M732}	---TCTGCTA	TAATAGACAA	AAAGGTGGTG aTATTTATGT ATTAGCATT
msa31912.2{338_M781}	---TCTGCTA	TAATAGACAA	AAAGGTGGTG aTATTTATGT ATTAGCATT
msa31912.2{338_090}	---TCTGCTA	TAATAGACAA	AAAGGTGGTG aTATTTATGT ATTAGCATT
msa31912.2{338_CJB110}	---TCTGCTA	TAATAGACAA	AAAGGTGGTG gTATTTATGT ATTAGCATT
Consensus	*****	*****	*****
	51		100
msa31912.2{338_18RS21}	AATCGGTGAT	ATCATTAAAT	CAAAACAGAT ACTTGAACGT GAAACTTTCC
msa31912.2{338_2603}	AATCGGTGAT	ATCATTAAAT	CAAAACAGAT ACTTGAACGT GAAACTTTCC
msa31912.2{338_A909}	AATCGGTGAT	ATCATTAAAT	CAAAACAGAT ACTTGAACGT GAAACTTTCC
msa31912.2{338_H36B}	AATCGGTGAT	ATCATTAAAT	CAAAACAGAT ACTTGAACGT GAAACTTTCC
msa31912.2{338_JM9130013}	AATCGGTGAT	ATCATTAAAT	CAAAACAGAT ACTTGAACGT GAAACTTTCC
msa31912.2{338_COH1}	AATCGGTGAT	ATCATTAAAT	CAAAACAGAT ACTTGAACGT GAAACTTTCC
msa31912.2{338_M732}	AATCGGTGAT	ATCATTAAAT	CAAAACAGAT ACTTGAACGT GAAACTTTCC
msa31912.2{338_M781}	AATCGGTGAT	ATCATTAAAT	CAAAACAGAT ACTTGAACGT GAAACTTTCC
msa31912.2{338_090}	AATCGGTGAT	ATCATTAAAT	CAAAACAGAT ACTTGAACGT GAAACTTTCC
msa31912.2{338_CJB110}	AATCGGTGAT	ATCATTAAAT	CAAAACAGAT ACTTGAACGT GAAACTTTCC
Consensus	*****	*****	*****
	101		150
msa31912.2{338_18RS21}	AACAGTCTTT	TCAGCAACTA	ATGACCGAAC TATCTGATGT ATATGGTGAA
msa31912.2{338_2603}	AACAGTCTTT	TCAGCAACTA	ATGACCGAAC TATCTGATGT ATATGGTGAA
msa31912.2{338_A909}	AACAGTCTTT	TCAGCAACTA	ATGACCGAAC TATCTGATGT ATATGGTGAA
msa31912.2{338_H36B}	AACAGTCTTT	TCAGCAACTA	ATGACCGAAC TATCTGATGT ATATGGTGAA
msa31912.2{338_JM9130013}	AACAGTCTTT	TCAGCAACTA	ATGACCGAAC TATCTGATGT ATATGGTGAA
msa31912.2{338_COH1}	AACAGTCTTT	TCAGCAACTA	ATGACCGAAC TATCTGATGT ATATGGTGAA
msa31912.2{338_M732}	AACAGTCTTT	TCAGCAACTA	ATGACCGAAC TATCTGATGT ATATGGTGAA
msa31912.2{338_M781}	AACAGTCTTT	TCAGCAACTA	ATGACCGAAC TATCTGATGT ATATGGTGAA
msa31912.2{338_090}	AACAGTCTTT	TCAGCAACTA	ATGACCGAAC TATCTGATGT ATATGGTGAA
msa31912.2{338_CJB110}	AACAGTCTTT	TCAGCAACTA	ATGACCGAAC TATCTGATGT ATATGGTGAA
Consensus	*****	*****	*****
	151		200
msa31912.2{338_18RS21}	GAGCTGATTT	CTCATTTCAC	TATTACAGCT GGTGATGAAT TTCAAGCTTT
msa31912.2{338_2603}	GAGCTGATTT	CTCATTTCAC	TATTACAGCT GGTGATGAAT TTCAAGCTTT
msa31912.2{338_A909}	GAGCTGATTT	CTCATTTCAC	TATTACAGCT GGTGATGAAT TTCAAGCTTT
msa31912.2{338_H36B}	GAGCTGATTT	CTCATTTCAC	TATTACAGCT GGTGATGAAT TTCAAGCTTT
msa31912.2{338_JM9130013}	GAGCTGATTT	CTCATTTCAC	TATTACAGCT GGTGATGAAT TTCAAGCTTT
msa31912.2{338_COH1}	GAGCTGATTT	CTCATTTCAC	TATTACAGCT GGTGATGAAT TTCAAGCTTT
msa31912.2{338_M732}	GAGCTGATTT	CTCATTTCAC	TATTACAGCT GGTGATGAAT TTCAAGCTTT
msa31912.2{338_M781}	GAGCTGATTT	CTCATTTCAC	TATTACAGCT GGTGATGAAT TTCAAGCTTT
msa31912.2{338_090}	GAGCTGATTT	CTCATTTCAC	TATTACAGCT GGTGATGAAT TTCAAGCTTT
msa31912.2{338_CJB110}	GAGCTGATTT	CTCATTTCAC	TATTACAGCT GGTGATGAAT TTCAAGCTTT
Consensus	*****	*****	*****
	201		250
msa31912.2{338_18RS21}	ATTGAAACCa	TCAAAAAGG	TATTTCAAAT TATTGACCAT ATTCAACTAG
msa31912.2{338_2603}	ATTGAAACCa	TCAAAAAGG	TATTTCAAAT TATTGACCAT ATTCAACTAG
msa31912.2{338_A909}	ATTGAAACCa	TCAAAAAGG	TATTTCAAAT TATTGACCAT ATTCAACTAG
msa31912.2{338_H36B}	ATTGAAACCa	TCAAAAAGG	TATTTCAAAT TATTGACCAT ATTCAACTAG
msa31912.2{338_JM9130013}	ATTGAAACCa	TCAAAAAGG	TATTTCAAAT TATTGACCAT ATTCAACTAG
msa31912.2{338_COH1}	ATTGAAACCa	TCAAAAAGG	TATTTCAAAT TATTGACCAT ATTCAACTAG
msa31912.2{338_M732}	ATTGAAACCa	TCAAAAAGG	TATTTCAAAT TATTGACCAT ATTCAACTAG
msa31912.2{338_M781}	ATTGAAACCa	TCAAAAAGG	TATTTCAAAT TATTGACCAT ATTCAACTAG
msa31912.2{338_090}	ATTGAAACCa	TCAAAAAGG	TATTTCAAAT TATTGACCAT ATTCAACTAG
msa31912.2{338_CJB110}	ATTGAAACCa	TCAAAAAGG	TATTTCAAAT TATTGACCAT ATTCAACTAG
Consensus	*****	*****	*****
	251		300
msa31912.2{338_18RS21}	CTCTAAAACC	TGTTAATGTA	AGGTTTCGGCC TCGGTACAGG AAACATTATA
msa31912.2{338_2603}	CTCTAAAACC	TGTTAATGTA	AGGTTTCGGCC TCGGTACAGG AAACATTATA



Table 73: Comparative Sequences relating to SAG0981

msa31912.2{338_A909}	CTCTAAAACC	TGTTAATGTA	AGGTTTCGGCC	TCGGTACAGG	AAACATTATA
msa31912.2{338_H36B}	CTCTAAAACC	TGTTAATGTA	AGGTTTCGGCC	TCGGTACAGG	AAACATTATA
msa31912.2{338_JM9130013}	CTCTAAAACC	TGTTAATGTA	AGGTTTCGGCC	TCGGTACAGG	AAACATTATA
msa31912.2{338_COH1}	CTCTAAAACC	TGTTAATGTA	AGGTTTCGGCC	TCGGTACAGG	AAACATTATA
msa31912.2{338_M732}	CTCTAAAACC	TGTTAATGTA	AGGTTTCGGCC	TCGGTACAGG	AAACATTATA
msa31912.2{338_M781}	CTCTAAAACC	TGTTAATGTA	AGGTTTCGGCC	TCGGTACAGG	AAACATTATA
msa31912.2{338_090}	CTCTAAAACC	TGTTAATGTA	AGGTTTCGGCC	TCGGTACAGG	AAACATTATA
msa31912.2{338_CJB110}	CTCTAAAACC	TGTTAATGTA	AGGTTTCGGCC	TCGGTACAGG	AAACATTATA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa31912.2{338_18RS21}	ACATCCATCA	ATTCAAATGA	AAGTATCGGT	GCTGATGGTC	CTGCCTACTG
msa31912.2{338_2603}	ACATCCATCA	ATTCAAATGA	AAGTATCGGT	GCTGATGGTC	CTGCCTACTG
msa31912.2{338_A909}	ACATCCATCA	ATTCAAATGA	AAGTATCGGT	GCTGATGGTC	CTGCCTACTG
msa31912.2{338_H36B}	ACATCCATCA	ATTCAAATGA	AAGTATCGGT	GCTGATGGTC	CTGCCTACTG
msa31912.2{338_JM9130013}	ACATCCATCA	ATTCAAATGA	AAGTATCGGT	GCTGATGGTC	CTGCCTACTG
msa31912.2{338_COH1}	ACATCCATCA	ATTCAAATGA	AAGTATCGGT	GCTGATGGTC	CTGCCTACTG
msa31912.2{338_M732}	ACATCCATCA	ATTCAAATGA	AAGTATCGGT	GCTGATGGTC	CTGCCTACTG
msa31912.2{338_M781}	ACATCCATCA	ATTCAAATGA	AAGTATCGGT	GCTGATGGTC	CTGCCTACTG
msa31912.2{338_090}	ACATCCATCA	ATTCAAATGA	AAGTATCGGT	GCTGATGGTC	CTGCCTACTG
msa31912.2{338_CJB110}	ACATCCATCA	ATTCAAATGA	AAGTATCGGT	GCTGATGGTC	CTGCCTACTG
Consensus	*****	***-*****	*****	*****	*****
msa31912.2{338_18RS21}	GCATGCTCGC	TCAGCTATTA	ATCATATACA	TGATAAAAAT	GATTATGGAA
msa31912.2{338_2603}	GCATGCTCGC	TCAGCTATTA	ATCATATACA	TGATAAAAAT	GATTATGGAA
msa31912.2{338_A909}	GCATGCTCGC	TCAGCTATTA	ATCATATACA	TGATAAAAAT	GATTATGGAA
msa31912.2{338_H36B}	GCATGCTCGC	TCAGCTATTA	ATCATATACA	TGATAAAAAT	GATTATGGAA
msa31912.2{338_JM9130013}	GCATGCTCGC	TCAGCTATTA	ATCATATACA	TGATAAAAAT	GATTATGGAA
msa31912.2{338_COH1}	GCATGCTCGC	TCAGCTATTA	ATCATATACA	TGATAAAAAT	GATTATGGAA
msa31912.2{338_M732}	GCATGCTCGC	TCAGCTATTA	ATCATATACA	TGATAAAAAT	GATTATGGAA
msa31912.2{338_M781}	GCATGCTCGC	TCAGCTATTA	ATCATATACA	TGATAAAAAT	GATTATGGAA
msa31912.2{338_090}	GCATGCTCGC	TCAGCTATTA	ATCATATACA	TGATAAAAAT	GATTATGGAA
msa31912.2{338_CJB110}	GCATGCTCGC	TCAGCTATTA	ATCATATACA	TGATAAAAAT	GATTATGGAA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa31912.2{338_18RS21}	CAGTTCAAGT	AGCTATTTCG	CTTGATGATG	AAGACCAAAA	CCTTGAATTA
msa31912.2{338_2603}	CAGTTCAAGT	AGCTATTTCG	CTTGATGATG	AAGACCAAAA	CCTTGAATTA
msa31912.2{338_A909}	CAGTTCAAGT	AGCTATTTCG	CTTGATGATG	AAGACCAAAA	CCTTGAATTA
msa31912.2{338_H36B}	CAGTTCAAGT	AGCTATTTCG	CTTGATGATG	AAGACCAAAA	CCTTGAATTA
msa31912.2{338_JM9130013}	CAGTTCAAGT	AGCTATTTCG	CTTGATGATG	AAGACCAAAA	CCTTGAATTA
msa31912.2{338_COH1}	CAGTTCAAGT	AGCTATTTCG	CTTGATGATG	AAGACCAAAA	CCTTGAATTA
msa31912.2{338_M732}	CAGTTCAAGT	AGCTATTTCG	CTTGATGATG	AAGACCAAAA	CCTTGAATTA
msa31912.2{338_M781}	CAGTTCAAGT	AGCTATTTCG	CTTGATGATG	AAGACCAAAA	CCTTGAATTA
msa31912.2{338_090}	CAGTTCAAGT	AGCTATTTCG	CTTGATGATG	AAGACCAAAA	CCTTGAATTA
msa31912.2{338_CJB110}	CAGTTCAAGT	AGCTATTTCG	CTTGATGATG	AAGACCAAAA	CCTTGAATTA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa31912.2{338_18RS21}	ACACTAAATA	GTCTCATTTC	AGCTGGTGAT	TTTATCAAGT	CAAAATGGAC
msa31912.2{338_2603}	ACACTAAATA	GTCTCATTTC	AGCTGGTGAT	TTTATCAAGT	CAAAATGGAC
msa31912.2{338_A909}	ACACTAAATA	GTCTCATTTC	AGCTGGTGAT	TTTATCAAGT	CAAAATGGAC
msa31912.2{338_H36B}	ACACTAAATA	GTCTCATTTC	AGCTGGTGAT	TTTATCAAGT	CAAAATGGAC
msa31912.2{338_JM9130013}	ACACTAAATA	GTCTCATTTC	AGCTGGTGAT	TTTATCAAGT	CAAAATGGAC
msa31912.2{338_COH1}	ACACTAAATA	GTCTCATTTC	AGCTGGTGAT	TTTATCAAGT	CAAAATGGAC
msa31912.2{338_M732}	ACACTAAATA	GTCTCATTTC	AGCTGGTGAT	TTTATCAAGT	CAAAATGGAC
msa31912.2{338_M781}	ACACTAAATA	GTCTCATTTC	AGCTGGTGAT	TTTATCAAGT	CAAAATGGAC
msa31912.2{338_090}	ACACTAAATA	GTCTCATTTC	AGCTGGTGAT	TTTATCAAGT	CAAAATGGAC
msa31912.2{338_CJB110}	ACACTAAATA	GTCTCATTTC	AGCTGGTGAT	TTTATCAAGT	CAAAATGGAC
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa31912.2{338_18RS21}	TACaAACCAT	TTTCAAATGC	TTGAGCACTT	AATACTTCAA	GATAATTATC
msa31912.2{338_2603}	TACaAACCAT	TTTCAAATGC	TTGAGCACTT	AATACTTCAA	GATAATTATC
msa31912.2{338_A909}	TACaAACCAT	TTTCAAATGC	TTGAGCACTT	AATACTTCAA	GATAATTATC
msa31912.2{338_H36B}	TACaAACCAT	TTTCAAATGC	TTGAGCACTT	AATACTTCAA	GATAATTATC
msa31912.2{338_JM9130013}	TACaAACCAT	TTTCAAATGC	TTGAGCACTT	AATACTTCAA	GATAATTATC
msa31912.2{338_COH1}	TACaAACCAT	TTTCAAATGC	TTGAGCACTT	AATACTTCAA	GATAATTATC
msa31912.2{338_M732}	TACaAACCAT	TTTCAAATGC	TTGAGCACTT	AATACTTCAA	GATAATTATC
msa31912.2{338_M781}	TACaAACCAT	TTTCAAATGC	TTGAGCACTT	AATACTTCAA	GATAATTATC
msa31912.2{338_090}	TACaAACCAT	TTTCAAATGC	TTGAGCACTT	AATACTTCAA	GATAATTATC
msa31912.2{338_CJB110}	TACaAACCAT	TTTCAAATGC	TTGAGCACTT	AATACTTCAA	GATAATTATC
Consensus	***-*****	*****	*****	*****	*****
msa31912.2{338_18RS21}	AAGAACAATT	TCAACATCAA	AAGTTAGCCC	AACCTGAAAA	TATTGAACCT
msa31912.2{338_2603}	AAGAACAATT	TCAACATCAA	AAGTTAGCCC	AACCTGAAAA	TATTGAACCT
msa31912.2{338_A909}	AAGAACAATT	TCAACATCAA	AAGTTAGCCC	AACCTGAAAA	TATTGAACCT
msa31912.2{338_H36B}	AAGAACAATT	TCAACATCAA	AAGTTAGCCC	AACCTGAAAA	TATTGAACCT
msa31912.2{338_JM9130013}	AAGAACAATT	TCAACATCAA	AAGTTAGCCC	AACCTGAAAA	TATTGAACCT
msa31912.2{338_COH1}	AAGAACAATT	TCAACATCAA	AAGTTAGCCC	AACCTGAAAA	TATTGAACCT
msa31912.2{338_M732}	AAGAACAATT	TCAACATCAA	AAGTTAGCCC	AACCTGAAAA	TATTGAACCT

Table 73: C mparative Sequences relating to SAG0981

msa31912.2{338_M781}	AAGAACAATT	TCAACATCAA	AAGTTAGCCC	AACTGGAAAA	TATTGAACCT
msa31912.2{338_090}	AAGAACAATT	TCAACATCAA	AAGTTAGCCC	AACTGGAAAA	TATTGAACCT
msa31912.2{338_CJB110}	AAGAACAATT	TCAACATCAA	AAGTTAGCCC	AACTGGAAAA	TATTGAACCT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
	601				650
msa31912.2{338_18RS21}	AGTGCGCTGA	CTAAACGCCT	TAAAGCAAGC	GGTCTGAAGA	TTTACTTAAG
msa31912.2{338_2603}	AGTGCGCTGA	CTAAACGCCT	TAAAGCAAGC	GGTCTGAAGA	TTTACTTAAG
msa31912.2{338_A909}	AGTGCGCTGA	CTAAACGCCT	TAAAGCAAGC	GGTCTGAAGA	TTTACTTAAG
msa31912.2{338_H36B}	AGTGCGCTGA	CTAAACGCCT	TAAAGCAAGC	GGTCTGAAGA	TTTACTTAAG
msa31912.2{338_JM9130013}	AGTGCGCTGA	CTAAACGCCT	TAAAGCAAGC	GGTCTGAAGA	TTTACTTAAG
msa31912.2{338_COH1}	AGTGCGCTGA	CTAAACGCCT	TAAAGCAAGC	GGTCTGAAGA	TTTACTTAAG
msa31912.2{338_M732}	AGTGCGCTGA	CTAAACGCCT	TAAAGCAAGC	GGTCTGAAGA	TTTACTTAAG
msa31912.2{338_M781}	AGTGCGCTGA	CTAAACGCCT	TAAAGCAAGC	GGTCTGAAGA	TTTACTTAAG
msa31912.2{338_090}	AGTGCGCTGA	CTAAACGCCT	TAAAGCAAGC	GGTCTGAAGA	TTTACTTAAG
msa31912.2{338_CJB110}	AGTGCGCTGA	CTAAACGCCT	TAAAGCAAGC	GGTCTGAAGA	TTTACTTAAG
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
	651				700
msa31912.2{338_18RS21}	AACGAGAACA	CAGGCAGCCG	ATCTATTAGT	TAAAAGTTGC	ACTCAAACCTA
msa31912.2{338_2603}	AACGAGAACA	CAGGCAGCCG	ATCTATTAGT	TAAAAGTTGC	ACTCAAACCTA
msa31912.2{338_A909}	AACGAGAACA	CAGGCAGCCG	ATCTATTAGT	TAAAAGTTGC	ACTCAAACCTA
msa31912.2{338_H36B}	AACGAGAACA	CAGGCAGCCG	ATCTATTAGT	TAAAAGTTGC	ACTCAAACCTA
msa31912.2{338_JM9130013}	AACGAGAACA	CAGGCAGCCG	ATCTATTAGT	TAAAAGTTGC	ACTCAAACCTA
msa31912.2{338_COH1}	AACGAGAACA	CAGGCAGCCG	ATCTATTAGT	TAAAAGTTGC	ACTCAAACCTA
msa31912.2{338_M732}	AACGAGAACA	CAGGCAGCCG	ATCTATTAGT	TAAAAGTTGC	ACTCAAACCTA
msa31912.2{338_M781}	AACGAGAACA	CAGGCAGCCG	ATCTATTAGT	TAAAAGTTGC	ACTCAAACCTA
msa31912.2{338_090}	AACGAGAACA	CAGGCAGCCG	ATCTATTAGT	TAAAAGTTGC	ACTCAAACCTA
msa31912.2{338_CJB110}	AACGAGAACA	CAGGCAGCCG	ATCTATTAGT	TAAAAGTTGC	ACTCAAACCTA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
	701				720
msa31912.2{338_18RS21}	AAGGGGGAAG	CTATGATTTC			
msa31912.2{338_2603}	AAGGGGGAAG	CTATGATTTC			
msa31912.2{338_A909}	AAGGGGGAAG	CTATGATTTC			
msa31912.2{338_H36B}	AAGGGGGAAG	CTATGATTTC			
msa31912.2{338_JM9130013}	AAGGGGGAAG	CTATGATTTC			
msa31912.2{338_COH1}	AAGGGGGAAG	CTATGATTTC			
msa31912.2{338_M732}	AAGGGGGAAG	CTATGATTTC			
msa31912.2{338_M781}	AAGGGGGAAG	CTATGATTTC			
msa31912.2{338_090}	AAGGGGGAAG	CTATGATTTC			
msa31912.2{338_CJB110}	AAGGGGGAAG	CTATGATTTC			
Consensus	*****	*****			

## SEQ ID NO. 7311

STRAIN 2603 frame: 1

LSAIDKKVVFIMYLALIGDI INSKQILERETFQQSFOQLMTELSDVYGEELISPFTITA  
 GDEFQALLKPSKKVFQIIDHIQLALKPVNVRFGLGTGNIITSINSNESIGADGPAYWHAR  
 SAINHIHDKNDYGTQVQVAICLDDEDQNLLELTLSLSISAGDFIKSKWTTNHFQMLEHLILQD  
 DNYQEQFQHQKLAQLENI EPSALT KRLKASGLKIYLRTRTQAADLLVKSC TQT KGGSYDF

## SEQ ID NO. 7312

STRAIN 090 frame: 1

SAIDKKVVFIMYLALIGDI INSKQILERETFQQSFOQLMTELSDVYGEELISPFTITAG  
 DEFOALLKPSKKVFQIIDHIQLALKPVNVRFGLGTGNIITSINLNESIGADGPAYWHARS  
 AINHIHDKNDYGTQVQVAICLDDEDQNLLELTLSLSISAGDFIKSKWTTNHFQMLEHLILQD  
 NYQEQFQHQKLAQLENI EPSALT KRLKASGLKIYLRTRTQAADLLVKSC TQT KGGSYDF

## SEQ ID NO. 7313

STRAIN A909 frame: 1

SAIDKKVVFIMYLALIGDI INSKQILERETFQQSFOQLMTELSDVYGEELISPFTITAG  
 DEFOALLKPSKKVFQIIDHIQLALKPVNVRFGLGTGNIITSINSNESIGADGPAYWHARS  
 AINHIHDKNDYGTQVQVAICLDDEDQNLLELTLSLSISAGDFIKSKWTTNHFQMLEHLILQD  
 NYQEQFQHQKLAQLENI EPSALT KRLKASGLKIYLRTRTQAADLLVKSC TQT KGGSYDF

## SEQ ID NO. 7314

STRAIN H36B frame: 1

SAIDKKVVFIMYLALIGDI INSKQILERETFQQSFOQLMTELSDVYGEELISPFTITAG  
 DEFOALLKPSKKVFQIIDHIQLALKPVNVRFGLGTGNIITSINSNESIGADGPAYWHARS  
 AINHIHDKNDYGTQVQVAICLDDEDQNLLELTLSLSISAGDFIKSKWTTNHFQMLEHLILQD  
 NYQEQFQHQKLAQLENI EPSALT KRLKASGLKIYLRTRTQAADLLVKSC TQT KGGSYDF

## SEQ ID NO. 7315

STRAIN 18RS21 frame: 1

SAIDKKVVFIMYLALIGDI INSKQILERETFQQSFOQLMTELSDVYGEELISPFTITAG  
 DEFOALLKPSKKVFQIIDHIQLALKPVNVRFGLGTGNIITSINSNESIGADGPAYWHARS  
 AINHIHDKNDYGTQVQVAICLDDEDQNLLELTLSLSISAGDFIKSKWTTNHFQMLEHLILQD  
 NYQEQFQHQKLAQLENI EPSALT KRLKASGLKIYLRTRTQAADLLVKSC TQT KGGSYDF

## SEQ ID NO. 7316

STRAIN M732 frame: 1

SAIDKKVVFIMYLALIGDI INSKQILERETFQQSFOQLMTELSDVYGEELISPFTITAG

Table 73: Comparative Sequences relating to SAG0981

DEFQALLKQSKKVFQIIDHIQLALKPVNVRFGLGTGNIITSINSNESIGADGPAYWHARS  
 AINHIDKNDYGTQVQVAICLDDQNLLELTLSLISAGDFIKSKWTTNHFQMLEHLILQD  
 NYQEQFQHQKLAQLENI EPSALT KRLKASGLKIYLRTRTQAADLLVKSCQTQTGGSYDF

SEQ ID NO. 7317

STRAIN COH1 frame: 1

SAIIDKKVVFMYLALIGDI INSKQILERETTFQQSFOQLMTELSDVYGEELISPFITAG  
 DEFQALLKQSKKVFQIIDHIQLALKPVNVRFGLGTGNIITSINSNESIGADGPAYWHARS  
 AINHIDKNDYGTQVQVAICLDDQNLLELTLSLISAGDFIKSKWTTNHFQMLEHLILQD  
 NYQEQFQHQKLAQLENI EPSALT KRLKASGLKIYLRTRTQAADLLVKSCQTQTGGSYDF

SEQ ID NO. 7318

STRAIN M781 frame: 1

SAIIDKKVVFMYLALIGDI INSKQILERETTFQQSFOQLMTELSDVYGEELISPFITAG  
 DEFQALLKQSKKVFQIIDHIQLALKPVNVRFGLGTGNIITSINSNESIGADGPAYWHARS  
 AINHIDKNDYGTQVQVAICLDDQNLLELTLSLISAGDFIKSKWTTNHFQMLEHLILQD  
 NYQEQFQHQKLAQLENI EPSALT KRLKASGLKIYLRTRTQAADLLVKSCQTQTGGSYDF

SEQ ID NO. 7319

STRAIN CJB110 frame: 1

SAIIDKKVVFMYLALIGDI INSKQILERETTFQQSFOQLMTELSDVYGEELISLFTITAG  
 DEFQALLKQSKKVFQIIDHIQLALKPVNVRFGLGTGNIITSINSNESIGADGPAYWHARS  
 AINHIDKNDYGTQVQVAICLDDQNLLELTLSLISAGDFIKSKWTTNHFQMLEHLILQD  
 NYQEQFQHQKLAQLENI EPSALT KRLKASGLKIYLRTRTQAADLLVKSCQTQTGGSYDF

SEQ ID NO. 7320

STRAIN JM9130013 frame: 1

SAIIDKKVVFMYLALIGDI INSKQILERETTFQQSFOQLMTELSDVYGEELISPFITAG  
 DEFQALLKQSKKVFQIIDHIQLALKPVNVRFGLGTGNIITSINSNESIGADGPAYWHARS  
 AINHIDKNDYGTQVQVAICLDDQNLLELTLSLISAGDFIKSKWTTNHFQMLEHLILQD  
 NYQEQFQHQKLAQLENI EPSALT KRLKASGLKIYLRTRTQAADLLVKSCQTQTGGSYDF

PRETTY of: /biotmp/msa32053.2{\*} February 18, 2003 08:25 ..

	1					50
msa32053.2{338_18RS21}	-SAIIDKKVV	IFMYLALIGD	I INSKQILER	ETFQQSFOQL	MTELSDVYGE	
msa32053.2{338_2603}	ISAIIDKKVV	IFMYLALIGD	I INSKQILER	ETFQQSFOQL	MTELSDVYGE	
msa32053.2{338_A909}	-SAIIDKKVV	IFMYLALIGD	I INSKQILER	ETFQQSFOQL	MTELSDVYGE	
msa32053.2{338_CJB110}	-SAIIDKKVV	IFMYLALIGD	I INSKQILER	ETFQQSFOQL	MTELSDVYGE	
msa32053.2{338_COH1}	-SAIIDKKVV	IFMYLALIGD	I INSKQILER	ETFQQSFOQL	MTELSDVYGE	
msa32053.2{338_H36B}	-SAIIDKKVV	IFMYLALIGD	I INSKQILER	ETFQQSFOQL	MTELSDVYGE	
msa32053.2{338_JM9130013}	-SAIIDKKVV	IFMYLALIGD	I INSKQILER	ETFQQSFOQL	MTELSDVYGE	
msa32053.2{338_M732}	-SAIIDKKVV	IFMYLALIGD	I INSKQILER	ETFQQSFOQL	MTELSDVYGE	
msa32053.2{338_M781}	-SAIIDKKVV	IFMYLALIGD	I INSKQILER	ETFQQSFOQL	MTELSDVYGE	
msa32053.2{338_090}	-SAIIDKKVV	IFMYLALIGD	I INSKQILER	ETFQQSFOQL	MTELSDVYGE	
Consensus	*****	-*****	*****	*****	*****	

  

	51					100
msa32053.2{338_18RS21}	ELISpFTITA	GDEFQALLKp	SKKVFQIIDH	IQLALKPVNV	RFGLGTGNI	
msa32053.2{338_2603}	ELISpFTITA	GDEFQALLKp	SKKVFQIIDH	IQLALKPVNV	RFGLGTGNI	
msa32053.2{338_A909}	ELISpFTITA	GDEFQALLKp	SKKVFQIIDH	IQLALKPVNV	RFGLGTGNI	
msa32053.2{338_CJB110}	ELISpFTITA	GDEFQALLKp	SKKVFQIIDH	IQLALKPVNV	RFGLGTGNI	
msa32053.2{338_COH1}	ELISpFTITA	GDEFQALLKp	SKKVFQIIDH	IQLALKPVNV	RFGLGTGNI	
msa32053.2{338_H36B}	ELISpFTITA	GDEFQALLKp	SKKVFQIIDH	IQLALKPVNV	RFGLGTGNI	
msa32053.2{338_JM9130013}	ELISpFTITA	GDEFQALLKp	SKKVFQIIDH	IQLALKPVNV	RFGLGTGNI	
msa32053.2{338_M732}	ELISpFTITA	GDEFQALLKp	SKKVFQIIDH	IQLALKPVNV	RFGLGTGNI	
msa32053.2{338_M781}	ELISpFTITA	GDEFQALLKp	SKKVFQIIDH	IQLALKPVNV	RFGLGTGNI	
msa32053.2{338_090}	ELISpFTITA	GDEFQALLKp	SKKVFQIIDH	IQLALKPVNV	RFGLGTGNI	
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****	

  

	101					150
msa32053.2{338_18RS21}	TSINaNESIG	ADGPAYWHAR	SAINHIHDKN	DYGTQVQVAIC	LDDQNLLEL	
msa32053.2{338_2603}	TSINaNESIG	ADGPAYWHAR	SAINHIHDKN	DYGTQVQVAIC	LDDQNLLEL	
msa32053.2{338_A909}	TSINaNESIG	ADGPAYWHAR	SAINHIHDKN	DYGTQVQVAIC	LDDQNLLEL	
msa32053.2{338_CJB110}	TSINaNESIG	ADGPAYWHAR	SAINHIHDKN	DYGTQVQVAIC	LDDQNLLEL	
msa32053.2{338_COH1}	TSINaNESIG	ADGPAYWHAR	SAINHIHDKN	DYGTQVQVAIC	LDDQNLLEL	
msa32053.2{338_H36B}	TSINaNESIG	ADGPAYWHAR	SAINHIHDKN	DYGTQVQVAIC	LDDQNLLEL	
msa32053.2{338_JM9130013}	TSINaNESIG	ADGPAYWHAR	SAINHIHDKN	DYGTQVQVAIC	LDDQNLLEL	
msa32053.2{338_M732}	TSINaNESIG	ADGPAYWHAR	SAINHIHDKN	DYGTQVQVAIC	LDDQNLLEL	
msa32053.2{338_M781}	TSINaNESIG	ADGPAYWHAR	SAINHIHDKN	DYGTQVQVAIC	LDDQNLLEL	
msa32053.2{338_090}	TSINaNESIG	ADGPAYWHAR	SAINHIHDKN	DYGTQVQVAIC	LDDQNLLEL	
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****	

  

	151					200
msa32053.2{338_18RS21}	TLNSLISAGD	FIKSKWTTNH	FQMLEHLILQ	DNYQEQFOHQ	KLAQLENI EP	
msa32053.2{338_2603}	TLNSLISAGD	FIKSKWTTNH	FQMLEHLILQ	DNYQEQFOHQ	KLAQLENI EP	
msa32053.2{338_A909}	TLNSLISAGD	FIKSKWTTNH	FQMLEHLILQ	DNYQEQFOHQ	KLAQLENI EP	
msa32053.2{338_CJB110}	TLNSLISAGD	FIKSKWTTNH	FQMLEHLILQ	DNYQEQFOHQ	KLAQLENI EP	
msa32053.2{338_COH1}	TLNSLISAGD	FIKSKWTTNH	FQMLEHLILQ	DNYQEQFOHQ	KLAQLENI EP	
msa32053.2{338_H36B}	TLNSLISAGD	FIKSKWTTNH	FQMLEHLILQ	DNYQEQFOHQ	KLAQLENI EP	
msa32053.2{338_JM9130013}	TLNSLISAGD	FIKSKWTTNH	FQMLEHLILQ	DNYQEQFOHQ	KLAQLENI EP	
msa32053.2{338_M732}	TLNSLISAGD	FIKSKWTTNH	FQMLEHLILQ	DNYQEQFOHQ	KLAQLENI EP	
msa32053.2{338_M781}	TLNSLISAGD	FIKSKWTTNH	FQMLEHLILQ	DNYQEQFOHQ	KLAQLENI EP	

Table 73: Comparative Sequences relating to SAG0981

msa32053.2{338_090}	TLNSLISAGD	FIKSKWTTNH	FQMLEHLILQ	DNYQEQQHQ	KLAQLENIEP
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
	201			240	
msa32053.2{338_18RS21}	SALTKRLKAS	GLKIYLRTRT	QAADLLVKSC	TQTKGGSYDF	
msa32053.2{338_2603}	SALTKRLKAS	GLKIYLRTRT	QAADLLVKSC	TQTKGGSYDF	
msa32053.2{338_A909}	SALTKRLKAS	GLKIYLRTRT	QAADLLVKSC	TQTKGGSYDF	
msa32053.2{338_CJB110}	SALTKRLKAS	GLKIYLRTRT	QAADLLVKSC	TQTKGGSYDF	
msa32053.2{338_COH1}	SALTKRLKAS	GLKIYLRTRT	QAADLLVKSC	TQTKGGSYDF	
msa32053.2{338_H36B}	SALTKRLKAS	GLKIYLRTRT	QAADLLVKSC	TQTKGGSYDF	
msa32053.2{338_JM9130013}	SALTKRLKAS	GLKIYLRTRT	QAADLLVKSC	TQTKGGSYDF	
msa32053.2{338_M732}	SALTKRLKAS	GLKIYLRTRT	QAADLLVKSC	TQTKGGSYDF	
msa32053.2{338_M781}	SALTKRLKAS	GLKIYLRTRT	QAADLLVKSC	TQTKGGSYDF	
msa32053.2{338_090}	SALTKRLKAS	GLKIYLRTRT	QAADLLVKSC	TQTKGGSYDF	
Consensus	*****	*****	*****	*****	

Table 74: Comparative Sequences relating to SAG1572

SEQ ID NO. 7401

STRAIN 2603

ATGGAATGCAAGTTCAAAAAAGTTTAAATCAAATATACATTACGGAACTCTAT  
CTAGTCCCACTCCAATTGGTAATCTAGATGATATGACTTTTCGTGCCATTAGGATTTTA  
AGAGAAGTTGATTTTATTGTGTCAGAGGATACACGAAATACGGGACTTTTACTCAAGCAC  
TTTGATATTACTACTAAACAAATTAGTTTTCACGAACACAATGCTTACGATAAAATCTCT  
GGGTTAATTGATTTGTTAAAAGAAGGAAATCTTTAGCCCAAGTATCTGATGCAGGAATG  
CCCTCTATTTCTGACCCAGGACATGACCTTGTCAAGGCTGCTATTGAAGGGGATATCCCA  
GTGTATCTATACACAGGAGCTAGCGCTGGTATTACTGCTCTCATCGCTTCAGGTTTAGCT  
CCACAACCTCATATTTTTTATGGCTTCTTACCTCGTAAGAAAGGTCAACAAATAACTTTTC  
TTTGAACAAAGCAAGATTACCTTGAAACACAAATCTTTTATGAGTCACCGTTTCGAGTC  
TCTGATACGCTAAACACATGAAAGAGATTTACGGAGATCGCCAAGTTGTTTATGTAAGC  
GAATTGACGAACTCTATGAAGAGTATCAAAGAGGAACCATTAGTCAACTTTTAGAGCAT  
ATTGAAAGGTCCTCTCAAAGGTGAATGCTTAATTATTGTTGATGGTAAGAGAGATACC  
GAGCGAGTGAAAGACAGTAGCCAAACAGATCCACTAGTATTAGTAAAGAATATATCGCT  
AATGGTGATAAACTAATCAAGCGATAAAAAAGTAGCAAAAGAATTAAATCTCAATAGA  
CAAGAAGCTCTATGCTAGTTTCCATGATTTA

SEQ ID NO. 7402

STRAIN 090

GAAATGCAAGTTCAAAAAAGTTTAAATCAAATACACATTACGGGACACT  
CTATCTAGTCCCACTCCAATTGGTAATCTAGATGATATGACTTTTCGTG  
CCATTAGGATTTTAAAGAGAAGTTGATTTTATTGTGTCAGAGGATACACGA  
AATACGGGACTTTTACTCAAGCACTTTGATATTACTACTAAACAAATTAG  
TTTTTCAGGAACACAATGCTTACGATAAAATCTCTGGGTTAATTGATTTGT  
TAAAGAAGGGAGATCTTTAGCCCAAGTATCTGATGCAGGAATGCCCTCT  
ATTTCTGACCCAGGACATGACCTTGTCAAGGCTGCTATTGAAGGGGGAT  
CCGGTCTGATCTATACACAGGAGCTAGCGCTGGTATTACTGCTCTCATCG  
CTTCAGGTTTAGCTCCACAACCTCATATTTTTTATGGCTTCTTACCGCGT  
AAGAAGGTCAACAAATAACTTTTTTGAACAAAGAAAGATTACCTGGA  
AACACAATCTTTTATGAGTCACCGTTTCGAGTCTCTGATACGCTAAAC  
ACATGAAGAGATTTACGGAGATCGCCAAGTTGTTTATGATCGCAATTTG  
ACGAACTCTATGAAGAGTATCAAAGAGGAACCATTAGTCAACTTTTAGG  
GCATATTGAAAAAGTCCCTCTCAAAGGTGAATGCTTAATTATTGTTGATG  
GTAAGAGAGATACCGAGCGAGTGAAAGACAGTAGCCAAACAGATCCACTA  
GTATTAGTAA

SEQ ID NO. 7403

STRAIN A909

AGTTCAAAAAAGTTTAAATCAAATATACATTACGGAACTCTATCTAG  
TCCCACTCCAATTGGTAATCTAGATGATATGACTTTTCGTGCCATTAGG  
ATTTTAAAGAGAAGTTGATTTTATTGTGTCAGAGGATACACGAAATACGGG  
ACTTTTACTCAAGCACTTTGATATTACTACTAAACAAATTAGTTTTCAG  
AACACAATGCTTACGATAAAATCTCTGGGTTAATTGATTTGTTAAAAGAA  
GGGAAATCTTTAGCCCAAGTATCTGATGCAGGAATGCCCTCTATTCTGA  
CCCAGGACATGACCTTGTCAAGGCTGCTATTGAAGGGGATATCCAGTTG  
TATCTATACAGGAGCTAGCGCTGGTATTACTGCTCTCATCGCTTCAGGT  
TTAGCTCCACAACCTCATATTTTTTATGGCTTCTTACCACGTAAGAAAGG  
TCAACAAATAACTTTCTTTGAAACAAAGCAAGATTACCTGAAACACAAA  
TCTTTTATGAGTCACCGTTTCGAGTCTCTGATACGCTAAACACATGAAA  
GAGATTTACGGAGATCGCCAAGTTGTTTATGATCGGAATTGACGAAACT  
CTATGAAGAGTATCAAAGAGGAACCATTAGTCAACTTTTAGAGCATATTG  
AAAAGGTCCCTCTCAAAGGTGAATGCTTAATTATTGTTGATGGTAAGAGA  
GATACCGAGCGAGTGAAAGACAGTAGCCAAACAGATCCACTAGTATTAGT  
AA

SEQ ID NO. 7404

STRAIN H36B

GAAATGCAAGTTCAAAAAAGTTTAAATCAAATACACATT  
ACGGGACACTCTATCTAGTCCCACTCCAATTGGTAATCTAGATGATATG  
ACTTTTCGTGCCATTAGGATTTTAAAGAGAAGTTGATTTTATTGTGTCAGA  
GGATACACGAAATACGGGACTTTTACTCAAGCACTTTGATATTACTACTA  
AACAAATTAGTTTTCACGAACACAATGCTTATGATAAAATCTCTGGGTTA  
ATTGATTTGTTAAAAGAAGGGAGATCTTTAGCCCAAGTATCTGATGCAGG  
AATGCCCTCTATTCTGACCCAGGACATGACCTTGTCAAGGCTGCTATTG  
AAGGGGATATCCCGGCTGATCTATACAGGAGCTAGCGCTGGTATTACT  
GCTCTCATCGCTTCAGGTTTAGCTCCACAACCTCATATTTTTTATGGCTT  
CTTACCGCTGAAGCAAGGTCAACAAATAACTTTTTTGAACAAAGAAAG  
ATTACCTGAAACACAAATCTTTATGAGTCACCGTTTCGAGTCTCTGAT  
ACGCTAAACACATGAAAGAGATTTATGGAGATCGCCAAGTTGTTTATG  
ACGCGAATTGACGAACTCTATGAAGAGTATCAAAGAGGAACCATTAGTC  
AACTTTTAGGGCATATTGAAAGGTCCCTCTCAAAGGTGAATGCTTAATT  
ATTGTTGATGGTAAGAGAGATCTGAGCGAGTGAAAGACAGTAGCCAAAC  
AGATCCACTAGTATTAGTAA

SEQ ID NO. 7405

STRAIN 18RS21

GAAATGCAAGTTCAAAAAAGTTTAAATCAAATATACATT  
ACGGAACACTCTATCTAGTCCCACTCCAATTGGTAATCTAGATGATATG  
ACTTTTCGTGCCATTAGGATTTTAAAGAGAAGTTGATTTTATTGTGTCAGA  
GGATACACGAAATACGGGACTTTTACTCAAGCACTTTGATATTACTACTA  
AACAAATTAGTTTTCACGAACACAATGCTTACGATAAAATCTCTGGGTTA  
ATTGATTTGTTAAAAGAAGGAAATCTTTAGCCCAAGTATCTGATGCAGG

Table 74: Comparative Sequences relating to SAG1572

AATGCCCTCTATTCTGACCCAGGACATGACCTTGTCAAGGCTGCTATTG  
AAGGGGATATCCCGATTGTATCTATACCAGGAGCTAGCGCTGGTATTACT  
GCTCTCATCGCTTCAGGTTTAGCTCCACAACCTCATATTTTTATGGCTT  
CTTACCACGTAAGAAAGGTCAACAAATACTTCTTTGAAACAAAGCAAG  
ATTACCCCTGAAACACAAATCTTTATGAGTCACCGTTTCGAGTCTCTGAT  
ACGCTAAAACACATGAAAGAGATTTACGGAGATCGCCAGTTGTTTAGT  
ACGCGAATTGACGAAACTCTATGAAGAGTATCAAAGAGGAACCATTAGTC  
AACTTTTAGAGCATATTGAAAAGGTCCCTCTCAAAGGTGAATGCTTAATT  
ATTGTTGATGGTAAGAGAGATACCGAGCGAGTGAAGACAGTAGCCAACA  
AGATCCACTAGTATTAGTAA

SEQ ID NO. 7406

STRAIN M732

GAAATGCAAGTTCAAAAAAGTTTAAATCAAAT  
ATACATTACGGAACACTCTATCTAGTCCCAACTCCAATTGGTAATCTAGA  
TGATATGACTTTTCGTGCCATTAGGATTTTAAGAGAAGTTGATTTTATTT  
GTGCAGAGGATACACGAAATACGGGACTTTTACTCAAGCACTTTGATATT  
ACTACTAAACAAATTAGTTTTCACGAACACAATGCTTACGATAAAATCTC  
TGGGTTAAATGATTTGTTAAAGAAGGGAATCTTTAGCCCAAGTATCTG  
ATGCAGGAATGCCCTCTATTCTGACCCAGGACATGACCTTGTCAAGGCT  
GCTATTGAAGGGGATATCCAGTTGTATCTATACCAGGAGCTAGCGCTGG  
TATTACTGCTCTCATCGCTTCAGGTTTAGCTCCACAACCTCATATTTTT  
ATGGCTTCTTACCACGTAAGAAAGGTCAACAAATAACTTTCTTTGAACA  
AAGCAGATTACCTGAAACACAAATCTTTATGAGTCACCGTTTCGAGT  
CTCTGATACGCTAAAACACATGAAAGAGATTACGGAGATCGCCAAGTTG  
TTTTAGTACGGAATTGACGAACTCTATGAAGAGTATCAAAGAGGAACC  
ATTAGTCAACTTTTAGAGCATATTGAAAAGGTCCCTCTCAAAGGTGAATG  
CTTAATTATTGTTGATGTAAGAGAGATACCGAGCGAGTGAAGACAGTA  
GCCACAAGATCCACTAGTATTAGTAA

SEQ ID NO. 7407

STRAIN COHI

GAAATGCAAGTTCAAAAAAGTTTAAATCAAATATACATTAC  
GGAACACTCTATCTAGTCCCAACTCCAATTGGTAATCTAGATGATATGAC  
TTTTCGTGCCATTAGGATTTTAAGAGAAGTTGATTTTATTGTGCAGAGG  
ATACACGAAATACGGGACTTTTACTCAAGCACTTTGATATTACTACTAA  
CAAATTAGTTTTCAGGAACACAATGCTTACGATAAAATCTCTGGGTTAAT  
TGATTTGTTTAAAGAAGGGAATCTTTAGCCCAAGTATCTGATGCAGGAA  
TGCCCTCTATTCTGACCCAGGACATGACCTTGTCAAGGCTGCTATTGAA  
GGGGATATCCAGTTGTATCTATACCGAGGAGCTAGCGCTGGTATTACTGC  
TCTCATCGCTTCAGGTTTAGCTCCACAACCTCATATTTTTATGGCTTCT  
TACCACGTAAGAAAGGTCAACAAATAACTTTCTTTGAAACAAAGCAAGAT  
TACCCTGAAACACAAATCTTTATGAGTCACCGTTTCGAGTCTCTGATAC  
GCTAAAACACATGAAAGAGATTACGGAGATCGCCAAGTTGTTTAGTAC  
GCCAATTGACGAACTCTATGAAGAGTATCAAAGAGGAACCATTAGTCAA  
CTTTTAGAGCATATTGAAAAGGTCCCTCTCAAAGGTGAATGCTTAATTAT  
TGTTGATGGTAAGAGAGATACCGAGCGAGTGAAGACAGTAGCCAACAAG  
ATCCACTAGTATTAGTAA

SEQ ID NO. 7408

STRAIN M781

AAATGCAAGTTCAAAAAAGTTTAAATCAAATATACATTACGGAACACTC  
TATCTAGTCCCAACTCCAATTGGTAATCTAGATGATATGACTTTTCGTGC  
CATTAGGATTTTAAGAGAAGTTGATTTTATTGTGCAGAGGATACAGAA  
ATACGGGACTTTTACTCAAGCACTTTGATATTACTACTAAACAAATTAGT  
TTTACGAACACAATGCTTACGATAAAATCTCTGGGTTAATTGATTTGTT  
AAAAGAAGGGAAATCTTTAGCCCAAGTATCTGATGCAGGAATGCCCTCTA  
TTTCTGACCCAGGACATGACCTTGTCAAGGCTGCTATTGAAGGGGATATC  
CCAGTTGTATCTATACCGAGGCTAGCGCTGGTATTACTGCTCTCATCGC  
TTCAGGTTTAGCTCCACAACCTCATATTTTTATGGCTTCTTACCACGTA  
AGAAAGGTCAACAAATAACTTTCTTTGAAACAAAGCAAGATTACCTGAA  
ACACAAATCTTTATGAGTCACCGTTTCGAGTCTCTGATACGCTAAAACA  
CATGAAAGAGATTACGGAGATCGCCAAGTTGTTTAGTACGCGAATTGA  
CGAACTCTATGAAGAGTATCAAAGAGGAACCATTAGTCAACTTTTAGAG  
CATATTGAAAAGGTCCCTCTCAAAGGTGAATGCTTAATTATTGTTGATGG  
TAAGAGAGATACCGAGCGAGTGAAGACAGTAGCCAACAAGATCCACTAG  
TATTAGTAA  
A

SEQ ID NO. 7409

STRAIN CJB110

GAAATGCAAGTTCAAAAAAGTTTAAATCAAATACACATTACGGGACAC  
TCTATCTAGTCCCAACTCCAATTGGTAATCTAGATGATATGACTTTTCGT  
GCCATTAGGATTTTAAGAGAAGTTGATTTTATTGTGCAGAGGATACAG  
AAATACGGGACTTTTACTCAAGCACTTTGATATTACTACTAAACAAATTA  
GTTTTACGAACACAATGCTTACGATAAAATCTCTGGGTTAATTGATTTG  
TTAAAGAAGGGAGATCTTTAGCCCAAGTATCTGATGCAGGAATGCCCTC  
TATTCTGACCCAGGACATGACCTTGTCAAGGCTGCTATTGAAGGGGGGA  
TCCGGTGTATCTATACCGAGGCTAGCGCTGGTATTACTGCTCTCATC  
GCTTCAGGTTTAGCTCCACAACCTCATATTTTTATGGCTTCTTACCGG  
TAAGAAAGGTCAACAAATAACTTTCTTTGAAACAAAGAAAGATTACCTG  
AAACACAAATCTTTATGAGTCACCGTTTCGAGTCTCTGATACGCTAAAA  
CATGAAAGAGATTACGGAGATCGCCAAGTTGTTTAGTACGCGAATT

Table 74: Comparative Sequences relating to SAG1572

GACGAACTCTATGAAGAGTATCAAAGAGGAACCATAGTCAACTTTTAG  
GGCATATTGAAAAGTCCCTCTCAAAGGTGAATGCTTAATTATTGTTGAT  
GGTAAGAGAGATACCGAGCGAGTGAAAGACAGTAGCCAACAAGATCCACT  
AGTATTAGTAA

SEQ ID NO. 7410

STRAIN 1169NT

TGCAAGTTCAAAAAGTTTAAATCAAATACACATTATGGGACACTCTAT  
CTAGTCCCAACTCCAATTGGTAATCTAGATGATAGACTTTTCGTGCCAT  
TAGGATTTTAAGAGAAAGTTGaTTTTATTGTGCAGAGGATACAGAAATA  
CGGGACTTTTACTCAAGCACTTTGATaTTACTACTAAACAAATTAGtTTT  
cACGAACACAATGCTTACGATAAAATCTCTGGGTTAATTGATtTGTTAA  
AGAAGGGAAATCTTTAGCCCAAGTATCTGATGCAGGAATGCCCTCTATTT  
CTGACCCAGGACATGACCTTGTCAGGCTGCTATTGAAGGGGATATCCCA  
GTTGTATCTATACCAGGAGCTAGCGCTGGTATTACTGCTCTCATCGCTTC  
AGGTTTAGCTCCCAACCTCATATTTTATGGCTCTTACCACGTAAGA  
AAGGTCAACAAATAACTTTTGTGAACAAGCAAGATTATCCTGAAACA  
CAATCTTTTATGAGTCACCGtTTCGAGTCTCTGATACGCTAAACACAT  
GAAGAGATTTACGGAGATCGCCAAGTGTGTTTAGTACGCGAATTGACgA  
AACTCTATGAAGAGTATCAAAGAGGAACCAATaGTCAACTTTTAGAGCAT  
ATTGAAAAGGTCCCTCTCAAAGGTGAATGCTTAATTATTGtTGATGGTAA  
GAGAGAtaCCGAGCGAGTGAAAGACAGTAGCCAACAAGATCCACTAGTAT  
TAGTAA

SEQ ID NO. 7411

STRAIN JM9130013

GAAATGCAAGTTCAAAAAGTTTAAATCAAATACACATTACGGGA  
CACTCTATCTAGTCCCAACTCCAATTGGTAATCTAGATGATAGACTTTT  
CGTGCCATTAGGATTTTAAGAGAAAGTTGATTTTATTGTGCAGAGGATAC  
ACGAATACGGGACTTTTACTCAAGCACTTTGATATTACTACTAAACAAA  
TTAGTTTTCACGAACACAATGCTTATGATAAAATCTCTGGGTTAATTGAT  
TTGTTAAAGAAAGGAGATCTTTAGCCCAAGTATCTGATGCAGGAATGCC  
CTCTATTCTCTGACCCAGGACATGACCTTGTCAGGCTGCTATTGAAGGG  
ATATCCCGTCTGATCTATACCAGGAGCTAGCGCTGGTATTACTGCTCTC  
ATCGCTTCAGGTTTAGTCCCAACCTCATATTTTATGGCTCTTACC  
CGTAAAGCAAGGTCAACAAAATACTTTTGTGAACAAGAAAGATTACC  
CTGAACACAAAATCTTTATGAGTCACCGTTTCGAGTCTCTGATACGCTA  
AAACACATGAAGAGATTTATGGAGATCGCCAAGTTGTTTATGACGGA  
ATTGACGAAACTCTATGAAGAGTATCAAAGAGGAACCAATTAGTCAACTTT  
TAGGGCATATTGAAGAGGTCCCTCTCAAAGGTGAATGCTTAATTATTGTT  
GATGGTAAGAGAGATCTGAGCGAGTGAAAGACAGTAGCCAACAAGATCC  
AGTAGTATTAGTAA

PRETTY of: /biotmp/msa323014.2(\*) March 28, 2003 02:40 ..

```

1                                     50
msa323014.2{343_18RS21} ---gaaatgc aAGTTCAAAA AAGTTTAA TCAAAATaTAC ATTAcGGaAC
msa323014.2{343_A909} ----- -AGTTCAAAA AAGTTTAA TCAAAATaTAC ATTAcGGaAC
msa323014.2{343_COH1} ---gaaatgc aAGTTCAAAA AAGTTTAA TCAAAATaTAC ATTAcGGaAC
msa323014.2{343_M732} ---gaaatgc aAGTTCAAAA AAGTTTAA TCAAAATaTAC ATTAcGGaAC
msa323014.2{343_M781} ---aaatgc aAGTTCAAAA AAGTTTAA TCAAAATaTAC ATTAcGGaAC
msa323014.2{343_2603} atggaaatgc aAGTTCAAAA AAGTTTAA TCAAAATaTAC ATTAcGGaAC
msa323014.2{343_1169NT} -----tgc aAGTTCAAAA AAGTTTAA TCAAAATaTAC ATTAcGGaAC
msa323014.2{343_090} ---gaaatgc aAGTTCAAAA AAGTTTAA TCAAAATaTAC ATTAcGGaAC
msa323014.2{343_CJB110} ---gaaatgc aAGTTCAAAA AAGTTTAA TCAAAATaTAC ATTAcGGaAC
msa323014.2{343_H36B} ---gaaatgc aAGTTCAAAA AAGTTTAA TCAAAATaTAC ATTAcGGaAC
msa323014.2{343_JM9130013} ---gaaatgc aAGTTCAAAA AAGTTTAA TCAAAATaTAC ATTAcGGaAC
Consensus *****
51                                     100
msa323014.2{343_18RS21} ACTCTATCTA GTCCCAACTC CAATTGGTAA TCTAGATGAT ATGACTTTTC
msa323014.2{343_A909} ACTCTATCTA GTCCCAACTC CAATTGGTAA TCTAGATGAT ATGACTTTTC
msa323014.2{343_COH1} ACTCTATCTA GTCCCAACTC CAATTGGTAA TCTAGATGAT ATGACTTTTC
msa323014.2{343_M732} ACTCTATCTA GTCCCAACTC CAATTGGTAA TCTAGATGAT ATGACTTTTC
msa323014.2{343_M781} ACTCTATCTA GTCCCAACTC CAATTGGTAA TCTAGATGAT ATGACTTTTC
msa323014.2{343_2603} ACTCTATCTA GTCCCAACTC CAATTGGTAA TCTAGATGAT ATGACTTTTC
msa323014.2{343_1169NT} ACTCTATCTA GTCCCAACTC CAATTGGTAA TCTAGATGAT ATGACTTTTC
msa323014.2{343_090} ACTCTATCTA GTCCCAACTC CAATTGGTAA TCTAGATGAT ATGACTTTTC
msa323014.2{343_CJB110} ACTCTATCTA GTCCCAACTC CAATTGGTAA TCTAGATGAT ATGACTTTTC
msa323014.2{343_H36B} ACTCTATCTA GTCCCAACTC CAATTGGTAA TCTAGATGAT ATGACTTTTC
msa323014.2{343_JM9130013} ACTCTATCTA GTCCCAACTC CAATTGGTAA TCTAGATGAT ATGACTTTTC
Consensus *****
101                                     150
msa323014.2{343_18RS21} GTGCCATTAG GATTTTAAGA GAAGTTGATT TTATTGTGTC AGAGGATACA
msa323014.2{343_A909} GTGCCATTAG GATTTTAAGA GAAGTTGATT TTATTGTGTC AGAGGATACA
msa323014.2{343_COH1} GTGCCATTAG GATTTTAAGA GAAGTTGATT TTATTGTGTC AGAGGATACA
msa323014.2{343_M732} GTGCCATTAG GATTTTAAGA GAAGTTGATT TTATTGTGTC AGAGGATACA
msa323014.2{343_M781} GTGCCATTAG GATTTTAAGA GAAGTTGATT TTATTGTGTC AGAGGATACA
msa323014.2{343_2603} GTGCCATTAG GATTTTAAGA GAAGTTGATT TTATTGTGTC AGAGGATACA
msa323014.2{343_1169NT} GTGCCATTAG GATTTTAAGA GAAGTTGATT TTATTGTGTC AGAGGATACA
msa323014.2{343_090} GTGCCATTAG GATTTTAAGA GAAGTTGATT TTATTGTGTC AGAGGATACA

```

Table 74: Comparative Sequences relating to SAG1572

msa323014.2{343_CJB110}	GTGCCATTAG	GATTTTAAGA	GAAGTTGATT	TTATTTGTGC	AGAGGATACA
msa323014.2{343_H36B}	GTGCCATTAG	GATTTTAAGA	GAAGTTGATT	TTATTTGTGC	AGAGGATACA
msa323014.2{343_JM9130013}	GTGCCATTAG	GATTTTAAGA	GAAGTTGATT	TTATTTGTGC	AGAGGATACA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa323014.2{343_18RS21}	CGAAATACGG	GACTTTTACT	CAAGCACTTT	GATATTACTA	CTAAACAAAT
msa323014.2{343_A909}	CGAAATACGG	GACTTTTACT	CAAGCACTTT	GATATTACTA	CTAAACAAAT
msa323014.2{343_COH1}	CGAAATACGG	GACTTTTACT	CAAGCACTTT	GATATTACTA	CTAAACAAAT
msa323014.2{343_M732}	CGAAATACGG	GACTTTTACT	CAAGCACTTT	GATATTACTA	CTAAACAAAT
msa323014.2{343_M781}	CGAAATACGG	GACTTTTACT	CAAGCACTTT	GATATTACTA	CTAAACAAAT
msa323014.2{343_2603}	CGAAATACGG	GACTTTTACT	CAAGCACTTT	GATATTACTA	CTAAACAAAT
msa323014.2{343_1169NT}	CGAAATACGG	GACTTTTACT	CAAGCACTTT	GATATTACTA	CTAAACAAAT
msa323014.2{343_090}	CGAAATACGG	GACTTTTACT	CAAGCACTTT	GATATTACTA	CTAAACAAAT
msa323014.2{343_CJB110}	CGAAATACGG	GACTTTTACT	CAAGCACTTT	GATATTACTA	CTAAACAAAT
msa323014.2{343_H36B}	CGAAATACGG	GACTTTTACT	CAAGCACTTT	GATATTACTA	CTAAACAAAT
msa323014.2{343_JM9130013}	CGAAATACGG	GACTTTTACT	CAAGCACTTT	GATATTACTA	CTAAACAAAT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa323014.2{343_18RS21}	TAGTTTTCAC	GAACACAATG	CTTAcGATAA	AATCTCTGGG	TTAATTGATT
msa323014.2{343_A909}	TAGTTTTCAC	GAACACAATG	CTTAcGATAA	AATCTCTGGG	TTAATTGATT
msa323014.2{343_COH1}	TAGTTTTCAC	GAACACAATG	CTTAcGATAA	AATCTCTGGG	TTAATTGATT
msa323014.2{343_M732}	TAGTTTTCAC	GAACACAATG	CTTAcGATAA	AATCTCTGGG	TTAATTGATT
msa323014.2{343_M781}	TAGTTTTCAC	GAACACAATG	CTTAcGATAA	AATCTCTGGG	TTAATTGATT
msa323014.2{343_2603}	TAGTTTTCAC	GAACACAATG	CTTAcGATAA	AATCTCTGGG	TTAATTGATT
msa323014.2{343_1169NT}	TAGTTTTCAC	GAACACAATG	CTTAcGATAA	AATCTCTGGG	TTAATTGATT
msa323014.2{343_090}	TAGTTTTCAC	GAACACAATG	CTTAcGATAA	AATCTCTGGG	TTAATTGATT
msa323014.2{343_CJB110}	TAGTTTTCAC	GAACACAATG	CTTAcGATAA	AATCTCTGGG	TTAATTGATT
msa323014.2{343_H36B}	TAGTTTTCAC	GAACACAATG	CTTAcGATAA	AATCTCTGGG	TTAATTGATT
msa323014.2{343_JM9130013}	TAGTTTTCAC	GAACACAATG	CTTAcGATAA	AATCTCTGGG	TTAATTGATT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa323014.2{343_18RS21}	TGTTAAAAGA	AGGGAAATCT	TTAGCCCAAG	TATCTGATGC	AGGAATGCCC
msa323014.2{343_A909}	TGTTAAAAGA	AGGGAAATCT	TTAGCCCAAG	TATCTGATGC	AGGAATGCCC
msa323014.2{343_COH1}	TGTTAAAAGA	AGGGAAATCT	TTAGCCCAAG	TATCTGATGC	AGGAATGCCC
msa323014.2{343_M732}	TGTTAAAAGA	AGGGAAATCT	TTAGCCCAAG	TATCTGATGC	AGGAATGCCC
msa323014.2{343_M781}	TGTTAAAAGA	AGGGAAATCT	TTAGCCCAAG	TATCTGATGC	AGGAATGCCC
msa323014.2{343_2603}	TGTTAAAAGA	AGGGAAATCT	TTAGCCCAAG	TATCTGATGC	AGGAATGCCC
msa323014.2{343_1169NT}	TGTTAAAAGA	AGGGAAATCT	TTAGCCCAAG	TATCTGATGC	AGGAATGCCC
msa323014.2{343_090}	TGTTAAAAGA	AGGGAAATCT	TTAGCCCAAG	TATCTGATGC	AGGAATGCCC
msa323014.2{343_CJB110}	TGTTAAAAGA	AGGGAAATCT	TTAGCCCAAG	TATCTGATGC	AGGAATGCCC
msa323014.2{343_H36B}	TGTTAAAAGA	AGGGAAATCT	TTAGCCCAAG	TATCTGATGC	AGGAATGCCC
msa323014.2{343_JM9130013}	TGTTAAAAGA	AGGGAAATCT	TTAGCCCAAG	TATCTGATGC	AGGAATGCCC
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa323014.2{343_18RS21}	TCTATTCTG	ACCCAGGACA	TGACCTTGTC	AAGGCTGCTA	TTGAAGGGGa
msa323014.2{343_A909}	TCTATTCTG	ACCCAGGACA	TGACCTTGTC	AAGGCTGCTA	TTGAAGGGGa
msa323014.2{343_COH1}	TCTATTCTG	ACCCAGGACA	TGACCTTGTC	AAGGCTGCTA	TTGAAGGGGa
msa323014.2{343_M732}	TCTATTCTG	ACCCAGGACA	TGACCTTGTC	AAGGCTGCTA	TTGAAGGGGa
msa323014.2{343_M781}	TCTATTCTG	ACCCAGGACA	TGACCTTGTC	AAGGCTGCTA	TTGAAGGGGa
msa323014.2{343_2603}	TCTATTCTG	ACCCAGGACA	TGACCTTGTC	AAGGCTGCTA	TTGAAGGGGa
msa323014.2{343_1169NT}	TCTATTCTG	ACCCAGGACA	TGACCTTGTC	AAGGCTGCTA	TTGAAGGGGa
msa323014.2{343_090}	TCTATTCTG	ACCCAGGACA	TGACCTTGTC	AAGGCTGCTA	TTGAAGGGGa
msa323014.2{343_CJB110}	TCTATTCTG	ACCCAGGACA	TGACCTTGTC	AAGGCTGCTA	TTGAAGGGGa
msa323014.2{343_H36B}	TCTATTCTG	ACCCAGGACA	TGACCTTGTC	AAGGCTGCTA	TTGAAGGGGa
msa323014.2{343_JM9130013}	TCTATTCTG	ACCCAGGACA	TGACCTTGTC	AAGGCTGCTA	TTGAAGGGGa
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa323014.2{343_18RS21}	tATCCCaGtT	GTATCTATAC	CAGGAGCTAG	CGCTGGTATT	ACTGCTCTCA
msa323014.2{343_A909}	tATCCCaGtT	GTATCTATAC	CAGGAGCTAG	CGCTGGTATT	ACTGCTCTCA
msa323014.2{343_COH1}	tATCCCaGtT	GTATCTATAC	CAGGAGCTAG	CGCTGGTATT	ACTGCTCTCA
msa323014.2{343_M732}	tATCCCaGtT	GTATCTATAC	CAGGAGCTAG	CGCTGGTATT	ACTGCTCTCA
msa323014.2{343_M781}	tATCCCaGtT	GTATCTATAC	CAGGAGCTAG	CGCTGGTATT	ACTGCTCTCA
msa323014.2{343_2603}	tATCCCaGtT	GTATCTATAC	CAGGAGCTAG	CGCTGGTATT	ACTGCTCTCA
msa323014.2{343_1169NT}	tATCCCaGtT	GTATCTATAC	CAGGAGCTAG	CGCTGGTATT	ACTGCTCTCA
msa323014.2{343_090}	tATCCCaGtT	GTATCTATAC	CAGGAGCTAG	CGCTGGTATT	ACTGCTCTCA
msa323014.2{343_CJB110}	tATCCCaGtT	GTATCTATAC	CAGGAGCTAG	CGCTGGTATT	ACTGCTCTCA
msa323014.2{343_H36B}	tATCCCaGtT	GTATCTATAC	CAGGAGCTAG	CGCTGGTATT	ACTGCTCTCA
msa323014.2{343_JM9130013}	tATCCCaGtT	GTATCTATAC	CAGGAGCTAG	CGCTGGTATT	ACTGCTCTCA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa323014.2{343_18RS21}	TCGCTTCAGG	TTTAGCTCCA	CAACCTCATA	TTTTTTATGG	CTTCTTACCa
msa323014.2{343_A909}	TCGCTTCAGG	TTTAGCTCCA	CAACCTCATA	TTTTTTATGG	CTTCTTACCa
msa323014.2{343_COH1}	TCGCTTCAGG	TTTAGCTCCA	CAACCTCATA	TTTTTTATGG	CTTCTTACCa
msa323014.2{343_M732}	TCGCTTCAGG	TTTAGCTCCA	CAACCTCATA	TTTTTTATGG	CTTCTTACCa
msa323014.2{343_M781}	TCGCTTCAGG	TTTAGCTCCA	CAACCTCATA	TTTTTTATGG	CTTCTTACCa
msa323014.2{343_2603}	TCGCTTCAGG	TTTAGCTCCA	CAACCTCATA	TTTTTTATGG	CTTCTTACCa
msa323014.2{343_1169NT}	TCGCTTCAGG	TTTAGCTCCA	CAACCTCATA	TTTTTTATGG	CTTCTTACCa



Table 74: Comparative Sequences relating to SAG1572

msa323014.2{343_090}	TCGCTTCAGG	TTTAGCTCCA	CAACCTCATA	TTTTTTATGG	CTTCTTACCg
msa323014.2{343_CJB110}	TCGCTTCAGG	TTTAGCTCCA	CAACCTCATA	TTTTTTATGG	CTTCTTACCg
msa323014.2{343_H36B}	TCGCTTCAGG	TTTAGCTCCA	CAACCTCATA	TTTTTTATGG	CTTCTTACCg
msa323014.2{343_JM9130013}	TCGCTTCAGG	TTTAGCTCCA	CAACCTCATA	TTTTTTATGG	CTTCTTACCg
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa323014.2{343_18RS21}	CGTAAGaAAG	GTCAACAAAT	AACITTTcTTT	GAAACAAAGc	AAGATTAcCC
msa323014.2{343_A909}	CGTAAGaAAG	GTCAACAAAT	AACITTTcTTT	GAAACAAAGc	AAGATTAcCC
msa323014.2{343_COH1}	CGTAAGaAAG	GTCAACAAAT	AACITTTcTTT	GAAACAAAGc	AAGATTAcCC
msa323014.2{343_M732}	CGTAAGaAAG	GTCAACAAAT	AACITTTcTTT	GAAACAAAGc	AAGATTAcCC
msa323014.2{343_M781}	CGTAAGaAAG	GTCAACAAAT	AACITTTcTTT	GAAACAAAGc	AAGATTAcCC
msa323014.2{343_2603}	CGTAAGaAAG	GTCAACAAAT	AACITTTcTTT	GAAACAAAGc	AAGATTAcCC
msa323014.2{343_1169NT}	CGTAAGaAAG	GTCAACAAAT	AACITTTcTTT	GAAACAAAGc	AAGATTAcCC
msa323014.2{343_090}	CGTAAGaAAG	GTCAACAAAT	AACITTTcTTT	GAAACAAAGc	AAGATTAcCC
msa323014.2{343_CJB110}	CGTAAGaAAG	GTCAACAAAT	AACITTTcTTT	GAAACAAAGc	AAGATTAcCC
msa323014.2{343_H36B}	CGTAAGaAAG	GTCAACAAAT	AACITTTcTTT	GAAACAAAGc	AAGATTAcCC
msa323014.2{343_JM9130013}	CGTAAGaAAG	GTCAACAAAT	AACITTTcTTT	GAAACAAAGc	AAGATTAcCC
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa323014.2{343_18RS21}	TGAAACACAA	ATCTTTTATG	AGTCACCGTT	TCGAGTCTCT	GATACGCTAA
msa323014.2{343_A909}	TGAAACACAA	ATCTTTTATG	AGTCACCGTT	TCGAGTCTCT	GATACGCTAA
msa323014.2{343_COH1}	TGAAACACAA	ATCTTTTATG	AGTCACCGTT	TCGAGTCTCT	GATACGCTAA
msa323014.2{343_M732}	TGAAACACAA	ATCTTTTATG	AGTCACCGTT	TCGAGTCTCT	GATACGCTAA
msa323014.2{343_M781}	TGAAACACAA	ATCTTTTATG	AGTCACCGTT	TCGAGTCTCT	GATACGCTAA
msa323014.2{343_2603}	TGAAACACAA	ATCTTTTATG	AGTCACCGTT	TCGAGTCTCT	GATACGCTAA
msa323014.2{343_1169NT}	TGAAACACAA	ATCTTTTATG	AGTCACCGTT	TCGAGTCTCT	GATACGCTAA
msa323014.2{343_090}	TGAAACACAA	ATCTTTTATG	AGTCACCGTT	TCGAGTCTCT	GATACGCTAA
msa323014.2{343_CJB110}	TGAAACACAA	ATCTTTTATG	AGTCACCGTT	TCGAGTCTCT	GATACGCTAA
msa323014.2{343_H36B}	TGAAACACAA	ATCTTTTATG	AGTCACCGTT	TCGAGTCTCT	GATACGCTAA
msa323014.2{343_JM9130013}	TGAAACACAA	ATCTTTTATG	AGTCACCGTT	TCGAGTCTCT	GATACGCTAA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa323014.2{343_18RS21}	AACACATGAA	AGAGATTAc	GGAGATCGCC	AAGTTGTTTT	AGTACGCGAA
msa323014.2{343_A909}	AACACATGAA	AGAGATTAc	GGAGATCGCC	AAGTTGTTTT	AGTACGCGAA
msa323014.2{343_COH1}	AACACATGAA	AGAGATTAc	GGAGATCGCC	AAGTTGTTTT	AGTACGCGAA
msa323014.2{343_M732}	AACACATGAA	AGAGATTAc	GGAGATCGCC	AAGTTGTTTT	AGTACGCGAA
msa323014.2{343_M781}	AACACATGAA	AGAGATTAc	GGAGATCGCC	AAGTTGTTTT	AGTACGCGAA
msa323014.2{343_2603}	AACACATGAA	AGAGATTAc	GGAGATCGCC	AAGTTGTTTT	AGTACGCGAA
msa323014.2{343_1169NT}	AACACATGAA	AGAGATTAc	GGAGATCGCC	AAGTTGTTTT	AGTACGCGAA
msa323014.2{343_090}	AACACATGAA	AGAGATTAc	GGAGATCGCC	AAGTTGTTTT	AGTACGCGAA
msa323014.2{343_CJB110}	AACACATGAA	AGAGATTAc	GGAGATCGCC	AAGTTGTTTT	AGTACGCGAA
msa323014.2{343_H36B}	AACACATGAA	AGAGATTAc	GGAGATCGCC	AAGTTGTTTT	AGTACGCGAA
msa323014.2{343_JM9130013}	AACACATGAA	AGAGATTAc	GGAGATCGCC	AAGTTGTTTT	AGTACGCGAA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa323014.2{343_18RS21}	TTGACGAAAC	TCTATGAAGA	GTATCAAAGA	GGAACCATTA	GTCAACTTTT
msa323014.2{343_A909}	TTGACGAAAC	TCTATGAAGA	GTATCAAAGA	GGAACCATTA	GTCAACTTTT
msa323014.2{343_COH1}	TTGACGAAAC	TCTATGAAGA	GTATCAAAGA	GGAACCATTA	GTCAACTTTT
msa323014.2{343_M732}	TTGACGAAAC	TCTATGAAGA	GTATCAAAGA	GGAACCATTA	GTCAACTTTT
msa323014.2{343_M781}	TTGACGAAAC	TCTATGAAGA	GTATCAAAGA	GGAACCATTA	GTCAACTTTT
msa323014.2{343_2603}	TTGACGAAAC	TCTATGAAGA	GTATCAAAGA	GGAACCATTA	GTCAACTTTT
msa323014.2{343_1169NT}	TTGACGAAAC	TCTATGAAGA	GTATCAAAGA	GGAACCATTA	GTCAACTTTT
msa323014.2{343_090}	TTGACGAAAC	TCTATGAAGA	GTATCAAAGA	GGAACCATTA	GTCAACTTTT
msa323014.2{343_CJB110}	TTGACGAAAC	TCTATGAAGA	GTATCAAAGA	GGAACCATTA	GTCAACTTTT
msa323014.2{343_H36B}	TTGACGAAAC	TCTATGAAGA	GTATCAAAGA	GGAACCATTA	GTCAACTTTT
msa323014.2{343_JM9130013}	TTGACGAAAC	TCTATGAAGA	GTATCAAAGA	GGAACCATTA	GTCAACTTTT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa323014.2{343_18RS21}	AGaGCATATT	GAAAAGGTCC	CTCTCAAAGG	TGAATGCTTA	ATTATTGTTG
msa323014.2{343_A909}	AGaGCATATT	GAAAAGGTCC	CTCTCAAAGG	TGAATGCTTA	ATTATTGTTG
msa323014.2{343_COH1}	AGaGCATATT	GAAAAGGTCC	CTCTCAAAGG	TGAATGCTTA	ATTATTGTTG
msa323014.2{343_M732}	AGaGCATATT	GAAAAGGTCC	CTCTCAAAGG	TGAATGCTTA	ATTATTGTTG
msa323014.2{343_M781}	AGaGCATATT	GAAAAGGTCC	CTCTCAAAGG	TGAATGCTTA	ATTATTGTTG
msa323014.2{343_2603}	AGaGCATATT	GAAAAGGTCC	CTCTCAAAGG	TGAATGCTTA	ATTATTGTTG
msa323014.2{343_1169NT}	AGaGCATATT	GAAAAGGTCC	CTCTCAAAGG	TGAATGCTTA	ATTATTGTTG
msa323014.2{343_090}	AGgGCATATT	GAAAAGGTCC	CTCTCAAAGG	TGAATGCTTA	ATTATTGTTG
msa323014.2{343_CJB110}	AGgGCATATT	GAAAAGGTCC	CTCTCAAAGG	TGAATGCTTA	ATTATTGTTG
msa323014.2{343_H36B}	AGgGCATATT	GAAAAGGTCC	CTCTCAAAGG	TGAATGCTTA	ATTATTGTTG
msa323014.2{343_JM9130013}	AGgGCATATT	GAAAAGGTCC	CTCTCAAAGG	TGAATGCTTA	ATTATTGTTG
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa323014.2{343_18RS21}	ATGGTAAGAG	AGATACcGAG	CGAGTGAAAG	ACAGTAGCCA	ACAAGATCCA
msa323014.2{343_A909}	ATGGTAAGAG	AGATACcGAG	CGAGTGAAAG	ACAGTAGCCA	ACAAGATCCA
msa323014.2{343_COH1}	ATGGTAAGAG	AGATACcGAG	CGAGTGAAAG	ACAGTAGCCA	ACAAGATCCA
msa323014.2{343_M732}	ATGGTAAGAG	AGATACcGAG	CGAGTGAAAG	ACAGTAGCCA	ACAAGATCCA
msa323014.2{343_M781}	ATGGTAAGAG	AGATACcGAG	CGAGTGAAAG	ACAGTAGCCA	ACAAGATCCA
msa323014.2{343_2603}	ATGGTAAGAG	AGATACcGAG	CGAGTGAAAG	ACAGTAGCCA	ACAAGATCCA

Table 74: Comparative Sequences relating t SAG1572

msa323014.2{343_1169NT}	ATGGTAAGAG	AGATACcGAG	CGAGTGAAAG	ACAGTAGCCA	ACAAGATCCA
msa323014.2{343_090}	ATGGTAAGAG	AGATACcGAG	CGAGTGAAAG	ACAGTAGCCA	ACAAGATCCA
msa323014.2{343_CJB110}	ATGGTAAGAG	AGATACcGAG	CGAGTGAAAG	ACAGTAGCCA	ACAAGATCCA
msa323014.2{343_H36B}	ATGGTAAGAG	AGATACtGAG	CGAGTGAAAG	ACAGTAGCCA	ACAAGATCCA
msa323014.2{343_JM9130013}	ATGGTAAGAG	AGATACtGAG	CGAGTGAAAG	ACAGTAGCCA	ACAAGATCCA
Consensus	*****	*****_***	*****	*****	*****
msa323014.2{343_18RS21}	751				800
msa323014.2{343_A909}	CTAGTATTAG	TAA-----	-----	-----	-----
msa323014.2{343_COH1}	CTAGTATTAG	TAA-----	-----	-----	-----
msa323014.2{343_M732}	CTAGTATTAG	TAA-----	-----	-----	-----
msa323014.2{343_M781}	CTAGTATTAG	TAAA-----	-----	-----	-----
msa323014.2{343_2603}	CTAGTATTAG	TAAAagaata	tatcgctaata	gggtataaaa	ctaatacaagc
msa323014.2{343_1169NT}	CTAGTATTAG	TAA-----	-----	-----	-----
msa323014.2{343_090}	CTAGTATTAG	TAA-----	-----	-----	-----
msa323014.2{343_CJB110}	CTAGTATTAG	TAA-----	-----	-----	-----
msa323014.2{343_H36B}	CTAGTATTAG	TAA-----	-----	-----	-----
msa323014.2{343_JM9130013}	CTAGTATTAG	TAA-----	-----	-----	-----
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa323014.2{343_18RS21}	801				850
msa323014.2{343_A909}	-----	-----	-----	-----	-----
msa323014.2{343_COH1}	-----	-----	-----	-----	-----
msa323014.2{343_M732}	-----	-----	-----	-----	-----
msa323014.2{343_M781}	-----	-----	-----	-----	-----
msa323014.2{343_2603}	gataaaaaaa	gtagcaaaaag	aatttaatact	caatagacaa	gaactctatg
msa323014.2{343_1169NT}	-----	-----	-----	-----	-----
msa323014.2{343_090}	-----	-----	-----	-----	-----
msa323014.2{343_CJB110}	-----	-----	-----	-----	-----
msa323014.2{343_H36B}	-----	-----	-----	-----	-----
msa323014.2{343_JM9130013}	-----	-----	-----	-----	-----
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa323014.2{343_18RS21}	851	867			
msa323014.2{343_A909}	-----	-----			
msa323014.2{343_COH1}	-----	-----			
msa323014.2{343_M732}	-----	-----			
msa323014.2{343_M781}	-----	-----			
msa323014.2{343_2603}	ctagtttcca	tgattta			
msa323014.2{343_1169NT}	-----	-----			
msa323014.2{343_090}	-----	-----			
msa323014.2{343_CJB110}	-----	-----			
msa323014.2{343_H36B}	-----	-----			
msa323014.2{343_JM9130013}	-----	-----			
Consensus	*****	*****			

## SEQ ID NO. 7412

STRAIN 2603 frame: 1

MEMQVQKSPKSNHYGTLVLPVTPIGNLDDMTFRAIRILREVDFICAEDTRNTGLLLKHF  
 DITTKQISFHEHNAYDKISGLIDLLKEGKSLAQVSDAGMPSISDPGHDLVKAIEGDI PV  
 VSI PGASAGITALIASGLAPQPHIFYGFLPRKKGQQITFFETKQDY PETQIFYESPFRVSD  
 TLKHMKEIYGDROVVLVRLTKLYEYQRTISQLLEHIEKVPLKGEC LI IVDGKRDT  
 RVKDSQQDPLVLVKEIYANGDKTNQAIKKVAKENLNRQELYASFHDL

## SEQ ID NO. 7413

STRAIN 090 frame: 1

EMQVQKSPKSNHYGTLVLPVTPIGNLDDMTFRAIRILREVDFICAEDTRNTGLLLKHF  
 DITTKQISFHEHNAYDKISGLIDLLKEGKSLAQVSDAGMPSISDPGHDLVKAIEGGI PVV  
 SIPGASAGITALIASGLAPQPHIFYGFLPRKKGQQITFFETKQDY PETQIFYESPFRVSD  
 TLKHMKEIYGDROVVLVRLTKLYEYQRTISQLLGHIEKVPLKGEC LI IVDGKRDT  
 VKDSSQQDPLVLV

## SEQ ID NO. 7414

STRAIN A909 frame: 2

VQKSPKSNHYGTLVLPVTPIGNLDDMTFRAIRILREVDFICAEDTRNTGLLLKHF  
 DITTKQISFHEHNAYDKISGLIDLLKEGKSLAQVSDAGMPSISDPGHDLVKAIEGDI PVV  
 SIPGASAGITALIASGLAPQPHIFYGFLPRKKGQQITFFETKQDY PETQIFYESPFRVSD  
 TLKHMKEIYGDROVVLVRLTKLYEYQRTISQLLEHIEKVPLKGEC LI IVDGKRDT  
 VKDSSQQDPLVLV

## SEQ ID NO. 7415

STRAIN H36B frame: 1

EMQVQKSPKSNHYGTLVLPVTPIGNLDDMTFRAIRILREVDFICAEDTRNTGLLLKHF  
 DITTKQISFHEHNAYDKISGLIDLLKEGKSLAQVSDAGMPSISDPGHDLVKAIEGDI PVV  
 SIPGASAGITALIASGLAPQPHIFYGFLPRKKGQQITFFETKQDY PETQIFYESPFRVSD  
 TLKHMKEIYGDROVVLVRLTKLYEYQRTISQLLGHIEKVPLKGEC LI IVDGKRDT  
 VKDSSQQDPLVLV

## SEQ ID NO. 7416

Table 74: Comparative Sequences relating to SAG1572

## STRAIN 18RS21 frame: 1

EMQVQKSFKSNHYGTLVLTPTPIGNLDDMTFRAIRILREVDFICAEDTRNTGLLLKHF  
ITTKQISFHEHNAYDKISGLIDLLKEGKSLAQVSDAGMPSISDPGHDLVKAIEGDI PVV  
SIPGASAGITALIASGLAPQPHIFYGFLPRKKGQQTFFETKQDYPETQIFYESPFRVSD  
TLKHMKEIYGDRQVVLVRELTKLYEYQRTISQLEHIEKVPLKGECLIVDGKRDTER  
VKDSSQDDPLVLV

## SEQ ID NO. 7417

## STRAIN M732 frame: 1

EMQVQKSFKSNHYGTLVLTPTPIGNLDDMTFRAIRILREVDFICAEDTRNTGLLLKHF  
ITTKQISFHEHNAYDKISGLIDLLKEGKSLAQVSDAGMPSISDPGHDLVKAIEGDI PVV  
SIPGASAGITALIASGLAPQPHIFYGFLPRKKGQQTFFETKQDYPETQIFYESPFRVSD  
TLKHMKEIYGDRQVVLVRELTKLYEYQRTISQLEHIEKVPLKGECLIVDGKRDTER  
VKDSSQDDPLVLV

## SEQ ID NO. 7418

## STRAIN COH1 frame: 1

EMQVQKSFKSNHYGTLVLTPTPIGNLDDMTFRAIRILREVDFICAEDTRNTGLLLKHF  
ITTKQISFHEHNAYDKISGLIDLLKEGKSLAQVSDAGMPSISDPGHDLVKAIEGDI PVV  
SIPGASAGITALIASGLAPQPHIFYGFLPRKKGQQTFFETKQDYPETQIFYESPFRVSD  
TLKHMKEIYGDRQVVLVRELTKLYEYQRTISQLEHIEKVPLKGECLIVDGKRDTER  
VKDSSQDDPLVLV

## SEQ ID NO. 7419

## STRAIN M781 frame: 3

MQVQKSFKSNHYGTLVLTPTPIGNLDDMTFRAIRILREVDFICAEDTRNTGLLLKHF  
ITTKQISFHEHNAYDKISGLIDLLKEGKSLAQVSDAGMPSISDPGHDLVKAIEGDI PVV  
SIPGASAGITALIASGLAPQPHIFYGFLPRKKGQQTFFETKQDYPETQIFYESPFRVSD  
TLKHMKEIYGDRQVVLVRELTKLYEYQRTISQLEHIEKVPLKGECLIVDGKRDTER  
VKDSSQDDPLVLV

## SEQ ID NO. 7420

## STRAIN CJB110 frame: 1

EMQVQKSFKSNHYGTLVLTPTPIGNLDDMTFRAIRILREVDFICAEDTRNTGLLLKHF  
ITTKQISFHEHNAYDKISGLIDLLKEGKSLAQVSDAGMPSISDPGHDLVKAIEGDI PVV  
SIPGASAGITALIASGLAPQPHIFYGFLPRKKGQQTFFETKQDYPETQIFYESPFRVSD  
TLKHMKEIYGDRQVVLVRELTKLYEYQRTISQLEHIEKVPLKGECLIVDGKRDTER  
VKDSSQDDPLVLV

## SEQ ID NO. 7421

## STRAIN 1169NT frame: 3

QVQKSFKSNHYGTLVLTPTPIGNLDDMTFRAIRILREVDFICAEDTRNTGLLLKHF  
ITTKQISFHEHNAYDKISGLIDLLKEGKSLAQVSDAGMPSISDPGHDLVKAIEGDI PVV  
SIPGASAGITALIASGLAPQPHIFYGFLPRKKGQQTFFETKQDYPETQIFYESPFRVSD  
TLKHMKEIYGDRQVVLVRELTKLYEYQRTISQLEHIEKVPLKGECLIVDGKRDTER  
VKDSSQDDPLVLV

## SEQ ID NO. 7422

## STRAIN JM9130013 frame: 1

EMQVQKSFKSNHYGTLVLTPTPIGNLDDMTFRAIRILREVDFICAEDTRNTGLLLKHF  
ITTKQISFHEHNAYDKISGLIDLLKEGKSLAQVSDAGMPSISDPGHDLVKAIEGDI PVV  
SIPGASAGITALIASGLAPQPHIFYGFLPRKKGQQTFFETKQDYPETQIFYESPFRVSD  
TLKHMKEIYGDRQVVLVRELTKLYEYQRTISQLEHIEKVPLKGECLIVDGKRDTER  
VKDSSQDDPLVLV

msa324064.2{343_18RS21}	1	50
msa324064.2{343_A909}	-emqVQKSPK SNIHYGTLYL VPTPIGNLDD MTFRAIRILR EVDFICAEDT	
msa324064.2{343_M781}	---VQKSPK SNIHYGTLYL VPTPIGNLDD MTFRAIRILR EVDFICAEDT	
msa324064.2{343_2603}	---mqVQKSPK SNIHYGTLYL VPTPIGNLDD MTFRAIRILR EVDFICAEDT	
msa324064.2{343_COH1}	memqVQKSPK SNIHYGTLYL VPTPIGNLDD MTFRAIRILR EVDFICAEDT	
msa324064.2{343_M732}	-emqVQKSPK SNIHYGTLYL VPTPIGNLDD MTFRAIRILR EVDFICAEDT	
msa324064.2{343_1169NT}	---qVQKSPK SNIHYGTLYL VPTPIGNLDD MTFRAIRILR EVDFICAEDT	
msa324064.2{343_090}	-emqVQKSPK SNIHYGTLYL VPTPIGNLDD MTFRAIRILR EVDFICAEDT	
msa324064.2{343_CJB110}	-emqVQKSPK SNIHYGTLYL VPTPIGNLDD MTFRAIRILR EVDFICAEDT	
msa324064.2{343_H36B}	-emqVQKSPK SNIHYGTLYL VPTPIGNLDD MTFRAIRILR EVDFICAEDT	
msa324064.2{343_JM9130013}	-emqVQKSPK SNIHYGTLYL VPTPIGNLDD MTFRAIRILR EVDFICAEDT	
Consensus	*****	*****
msa324064.2{343_18RS21}	51	100
msa324064.2{343_A909}	RNTGLLLKHF DITTKQISFH EHNAYDKISG LIDLLKEGks LAQVSDAGMP	
msa324064.2{343_M781}	RNTGLLLKHF DITTKQISFH EHNAYDKISG LIDLLKEGks LAQVSDAGMP	
msa324064.2{343_2603}	RNTGLLLKHF DITTKQISFH EHNAYDKISG LIDLLKEGks LAQVSDAGMP	
msa324064.2{343_COH1}	RNTGLLLKHF DITTKQISFH EHNAYDKISG LIDLLKEGks LAQVSDAGMP	
msa324064.2{343_M732}	RNTGLLLKHF DITTKQISFH EHNAYDKISG LIDLLKEGks LAQVSDAGMP	
msa324064.2{343_1169NT}	RNTGLLLKHF DITTKQISFH EHNAYDKISG LIDLLKEGks LAQVSDAGMP	
msa324064.2{343_090}	RNTGLLLKHF DITTKQISFH EHNAYDKISG LIDLLKEGks LAQVSDAGMP	
msa324064.2{343_CJB110}	RNTGLLLKHF DITTKQISFH EHNAYDKISG LIDLLKEGrs LAQVSDAGMP	
msa324064.2{343_H36B}	RNTGLLLKHF DITTKQISFH EHNAYDKISG LIDLLKEGrs LAQVSDAGMP	
msa324064.2{343_JM9130013}	RNTGLLLKHF DITTKQISFH EHNAYDKISG LIDLLKEGrs LAQVSDAGMP	
Consensus	*****	*****

Table 74: Comparative Sequences relating to SAG1572

msa324064.2{343_18RS21}	101	SISDPGHDLV	KAAIEGdIPV	VSIPGASAGI	TALIASGLAP	QPHIFYGFLP
		SISDPGHDLV	KAAIEGdIPV	VSIPGASAGI	TALIASGLAP	QPHIFYGFLP
		SISDPGHDLV	KAAIEGdIPV	VSIPGASAGI	TALIASGLAP	QPHIFYGFLP
		SISDPGHDLV	KAAIEGdIPV	VSIPGASAGI	TALIASGLAP	QPHIFYGFLP
		SISDPGHDLV	KAAIEGdIPV	VSIPGASAGI	TALIASGLAP	QPHIFYGFLP
		SISDPGHDLV	KAAIEGdIPV	VSIPGASAGI	TALIASGLAP	QPHIFYGFLP
		SISDPGHDLV	KAAIEGdIPV	VSIPGASAGI	TALIASGLAP	QPHIFYGFLP
		SISDPGHDLV	KAAIEGdIPV	VSIPGASAGI	TALIASGLAP	QPHIFYGFLP
		SISDPGHDLV	KAAIEGdIPV	VSIPGASAGI	TALIASGLAP	QPHIFYGFLP
		SISDPGHDLV	KAAIEGdIPV	VSIPGASAGI	TALIASGLAP	QPHIFYGFLP
		SISDPGHDLV	KAAIEGdIPV	VSIPGASAGI	TALIASGLAP	QPHIFYGFLP
		SISDPGHDLV	KAAIEGdIPV	VSIPGASAGI	TALIASGLAP	QPHIFYGFLP
msa324064.2{343_1169NT}	150	SISDPGHDLV	KAAIEGdIPV	VSIPGASAGI	TALIASGLAP	QPHIFYGFLP
msa324064.2{343_090}		SISDPGHDLV	KAAIEGgIPV	VSIPGASAGI	TALIASGLAP	QPHIFYGFLP
msa324064.2{343_CJB110}		SISDPGHDLV	KAAIEGgIPV	VSIPGASAGI	TALIASGLAP	QPHIFYGFLP
msa324064.2{343_H36B}		SISDPGHDLV	KAAIEGdIPV	VSIPGASAGI	TALIASGLAP	QPHIFYGFLP
msa324064.2{343_JM9130013}		SISDPGHDLV	KAAIEGdIPV	VSIPGASAGI	TALIASGLAP	QPHIFYGFLP
Consensus		*****	*****	*****	*****	*****
msa324064.2{343_18RS21}	151	RKkGQQITFF	ETKqDYPETQ	IFYESPPFRVS	DTLKHMKIY	GDRQVVLVRE
		RKkGQQITFF	ETKqDYPETQ	IFYESPPFRVS	DTLKHMKIY	GDRQVVLVRE
		RKkGQQITFF	ETKqDYPETQ	IFYESPPFRVS	DTLKHMKIY	GDRQVVLVRE
		RKkGQQITFF	ETKqDYPETQ	IFYESPPFRVS	DTLKHMKIY	GDRQVVLVRE
		RKkGQQITFF	ETKqDYPETQ	IFYESPPFRVS	DTLKHMKIY	GDRQVVLVRE
		RKkGQQITFF	ETKqDYPETQ	IFYESPPFRVS	DTLKHMKIY	GDRQVVLVRE
		RKkGQQITFF	ETKqDYPETQ	IFYESPPFRVS	DTLKHMKIY	GDRQVVLVRE
		RKkGQQITFF	ETKqDYPETQ	IFYESPPFRVS	DTLKHMKIY	GDRQVVLVRE
		RKkGQQITFF	ETKqDYPETQ	IFYESPPFRVS	DTLKHMKIY	GDRQVVLVRE
		RKkGQQITFF	ETKqDYPETQ	IFYESPPFRVS	DTLKHMKIY	GDRQVVLVRE
		RKkGQQITFF	ETKqDYPETQ	IFYESPPFRVS	DTLKHMKIY	GDRQVVLVRE
		RKkGQQITFF	ETKqDYPETQ	IFYESPPFRVS	DTLKHMKIY	GDRQVVLVRE
msa324064.2{343_090}	200	RKkGQQITFF	ETKqDYPETQ	IFYESPPFRVS	DTLKHMKIY	GDRQVVLVRE
msa324064.2{343_CJB110}		RKkGQQITFF	ETKqDYPETQ	IFYESPPFRVS	DTLKHMKIY	GDRQVVLVRE
msa324064.2{343_H36B}		RKkGQQITFF	ETKqDYPETQ	IFYESPPFRVS	DTLKHMKIY	GDRQVVLVRE
msa324064.2{343_JM9130013}		RKkGQQITFF	ETKqDYPETQ	IFYESPPFRVS	DTLKHMKIY	GDRQVVLVRE
Consensus		*****	*****	*****	*****	*****
msa324064.2{343_18RS21}	201	LTKLYEEYQR	GTISQLLeHI	EKVPLKGEC	IIVDGKRDTE	RVKDSSQDDP
		LTKLYEEYQR	GTISQLLeHI	EKVPLKGEC	IIVDGKRDTE	RVKDSSQDDP
		LTKLYEEYQR	GTISQLLeHI	EKVPLKGEC	IIVDGKRDTE	RVKDSSQDDP
		LTKLYEEYQR	GTISQLLeHI	EKVPLKGEC	IIVDGKRDTE	RVKDSSQDDP
		LTKLYEEYQR	GTISQLLeHI	EKVPLKGEC	IIVDGKRDTE	RVKDSSQDDP
		LTKLYEEYQR	GTISQLLeHI	EKVPLKGEC	IIVDGKRDTE	RVKDSSQDDP
		LTKLYEEYQR	GTISQLLeHI	EKVPLKGEC	IIVDGKRDTE	RVKDSSQDDP
		LTKLYEEYQR	GTISQLLeHI	EKVPLKGEC	IIVDGKRDTE	RVKDSSQDDP
		LTKLYEEYQR	GTISQLLeHI	EKVPLKGEC	IIVDGKRDTE	RVKDSSQDDP
		LTKLYEEYQR	GTISQLLeHI	EKVPLKGEC	IIVDGKRDTE	RVKDSSQDDP
		LTKLYEEYQR	GTISQLLeHI	EKVPLKGEC	IIVDGKRDTE	RVKDSSQDDP
		LTKLYEEYQR	GTISQLLeHI	EKVPLKGEC	IIVDGKRDTE	RVKDSSQDDP
msa324064.2{343_090}	250	LTKLYEEYQR	GTISQLLeHI	EKVPLKGEC	IIVDGKRDTE	RVKDSSQDDP
msa324064.2{343_CJB110}		LTKLYEEYQR	GTISQLLeHI	EKVPLKGEC	IIVDGKRDTE	RVKDSSQDDP
msa324064.2{343_H36B}		LTKLYEEYQR	GTISQLLeHI	EKVPLKGEC	IIVDGKRDTE	RVKDSSQDDP
msa324064.2{343_JM9130013}		LTKLYEEYQR	GTISQLLeHI	EKVPLKGEC	IIVDGKRDTE	RVKDSSQDDP
Consensus		*****	*****	*****	*****	*****
msa324064.2{343_18RS21}	251	1VLV-----	-----	-----	-----	-----
		1VLV-----	-----	-----	-----	-----
		1VLV-----	-----	-----	-----	-----
		1VLVkeyian	gdktnqaikk	vakefnlnrq	elyasfhd1	-----
		1VLV-----	-----	-----	-----	-----
		1VLV-----	-----	-----	-----	-----
		1VLV-----	-----	-----	-----	-----
		1VLV-----	-----	-----	-----	-----
		1VLV-----	-----	-----	-----	-----
		1VLV-----	-----	-----	-----	-----
		1VLV-----	-----	-----	-----	-----
		1VLV-----	-----	-----	-----	-----
msa324064.2{343_090}	289	1VLV-----	-----	-----	-----	-----
msa324064.2{343_CJB110}		1VLV-----	-----	-----	-----	-----
msa324064.2{343_H36B}		1VLV-----	-----	-----	-----	-----
msa324064.2{343_JM9130013}		1VLV-----	-----	-----	-----	-----
Consensus		*****	*****	*****	*****	*****

Table 75: Comparative Sequences relating to SAG0671

SEQ ID NO. 7501

STRAIN 2603

ATGAGCGTATATGTTAGTGGAAATAGGAATTATT  
 TCTTCTTTGGGAAAGAAATTATAGCGAGCATAAACAGCATCTCTTCGACTTAAAAGAAGGA  
 ATTTCTAAACATTTATATAAAAATCAGACTCTATTTTAGAATCTTATACAGGAAGCATA  
 ACTAGTGACCCAGAGGTTCTCGAGCAATACAAAGATGAGACACGTAATTTTAAATTTGCT  
 TTTACCGCTTTTGAAGAGGCTCTTGCTTCTTCAGGTGTTAATTTAAAGCTTATCATAAT  
 ATTGCTGTGTGTTTAGGGACCTCACTTGGGGGAAAGAGTGTGGTCAAAATGCCTTGTAT  
 CAATTTGAAGAGGAGCGTCAAGTAGATGCTAGTTTATAGAAAAAGCATCTGTTTAC  
 CATATTGCTGATGAATTGATGGCTTATCATGATATTGTGGGAGCTTCGTATGTTATTTCA  
 ACCGCTGTCTCGAAGTAAATAATGCCGTAATATTAGGAACACAATTACTTCAAGATGGC  
 GATGTGATTTAGCTATTGTTGGTGGCTGTGATGAGTTAAGTGATATTCTTTAGCAGGC  
 TTCAATCACTAGGAGCTATTAAACAGAAATGGCATGTGAGCCCTATCTCTGGAAAA  
 GGAATCAATTTGGGTGAGGGCGCTGGTTTTGTGTTCTTGTCAAAGATCAGTCTTAGCT  
 AAATATGAAAAAATATCGGTGGTCTTATTACTTCAGATGGTTATCATATAACAGCACCT  
 AAGCCACAGGTGAAGGGCGGCACAGATTGCAAGCAGCTAGTGACTCAAGCAGGTATT  
 GACTACAGTGAGATTGACTATATTAAAGGTCAAGGTACAGGTACTCAAGCTAATGATAAA  
 ATGGAAAAAATATGATGGTAAGTTTTCCGACACAGCATTGATCAGCAGTACCAAG  
 GGCACACGGGTCACTACTTAGGGGCTGACAGTATTTCGAATTGATTAAATGTTTAGCG  
 GCAATAGAGGAACAGACTGTACAGCACTAAAAATGAGATTGGGATAGAAGTTTTCCA  
 GAAAATTTTGTCTATCATCAAAAGAGAGAAATACCAATAAGAAATGCTTTAAATTTTTCG  
 TTTGCTTTTGTGGAAATAATAGTGGTGTCTTATTGTCTATTAGATTCACTCTAGAA  
 ACATTACCTGCTAGAGAAAAATCTTAAATGGCTATCTTATCATCTGTTGCTTCCATTCT  
 AAGAATGAATCACTTTCTATAACCTATGAAAAAGTTGCTAGTAATTTCAACGACTTTGAA  
 GCATTACGCTTTAAAGGGGCTAGACCAACCAAACTGTCAACCCAGCACAATTAGGAAA  
 ATTGATGATTTTTCAAAATGGTTGCCGTAACACAGCTCAAGCACTAATAGAAAGCAAT  
 ATTAATCTAAAAAACAGATACTTCAAAGTAGGAATTGTATTTACAACACTTTCTGGA  
 CCAGTTGAGGTTGTTGAAGGTATTGAAAGCAAAATCACAACAGAAAGGATATGCACATGTT  
 TCTGCTTACGATTCCCGTTTACAGTAATGAATGCAGCAGCTGGTATGCTTTCTATCATT  
 TTTAAATTAACAGGTCTCTTATCTGTCTATTTCGACAAATAGTGGAGCGCTTGATGGTATA  
 CAATATGCCAAGGAATAGTGGTAACGATAATCTAGACTATGTGATTCTTGTCTGCT  
 AATCAGTGGACAGACATGATTTTATGTGGTGGCAACAATTAACTATGATAGTCAAAATG  
 TTTGTGCGTTCTGATTATTGTTGACCAAGTCTCTCTCGTCAAGCATTTGGATAATTCT  
 CCTATAATATTAGGTAGTAAACAATTAATAATATAGCCATAAAACATTACAGATGTGATG  
 ACTATTTTGTGCTGCGCTTCAAATTTATTATCAGACTTAGGACTAACCATAAAAGAT  
 ATCAAAGGTTTCGTTTGGAAATGAGCGGAAGAGGCAGTTAGTTCAAGATTATGATTCTTA  
 GCGAATCTGTCTGAGTATTATAATATGCCAAACCTTGCTTCTGGTCAGTTTGGATTTC  
 TCTAATGGTGTGCTGTAAGAACTGGACTATAGTTAATGAAAGTATAGAAAAGGGCTAT  
 TATTAGTCTATCTTATTCGATCTTCCGTTGGTATCTCTTTTGTCTATTATTGAAAAAGG

SEQ ID NO. 7502

STRAIN 090

ATGTTAGTGGAAATAGGAATTATTTCTTCTTTGGGAAAGAAATTAT  
 AGCGAGCATAAACAGCATCTCTTCGACTTAAAAGAAGGAATTTCTAAACA  
 TTTATATAAAAATCAGACTCTATTTTAGAATCTTATACAGGAAGCATAA  
 CTAGTGACCCAGAGGTTCTCGAGCAATACAAAGATGAGACACGTAATTTT  
 AAATTTGCTTTTACCGCTTTTGAAGAGGCTCTTGCTTCTTCAGGTGTTAA  
 TTTAAAGCTTATCATAAATGCTGTGTGTTTAGGGACCTCACTTGGGG  
 GAAAGAGTGTGCTGCAAAATGCCTTGTATCAATTTGAAGAAGGAGAGCGT  
 CAAGTAGATGCTAGTTTATTAGAAAAAGCATCTGTTTACCATTATGCTGA  
 TGAATTGATGGCTTATCATGATATTGTGGGAGCTTCGTATGTTATTCAA  
 CCGCTGTCTCGAAGTAATAATGCCGTAATATTAGGAACACAATTACTT  
 CAAGATGGCGATTGTGATTTAGCTATTTGTGGTGGCTGTGATGAGTTAAG  
 TGATATTTCTTTAGCAGGCTTCACATCACTAGGAGCTATTATACAGAAA  
 TGGCATGTGAGCCCTATTCTTCTGGAAAAGGAATCAATTTGGGTGAGGGC  
 GCTGGTTTTGTTGTTCTGTCAAAGATCAGTCTTAGCTAAATATGGAAA  
 AATTATCGGTGCTTATTACTTCAGATGGTTATCATATAACAGCACCTA  
 AGCCAAACAGGTGAAGGGGCGGCACAGATTGCAAGCAGCTAGTGACTCAA  
 GCAGGTATTGACTACAGTGAGATTGACTATATTAAAGGTCAAGGTACAGG  
 TACTCAAGCTAATGATAAAATGAAAAAATATGTATGGTAAGTTTTC  
 CGACAACGACATTGATCAGCAGTACCAAGGGGCAAACGGGTCTACTCTA  
 GGGGCTGACGATTATCGAATTGATTAAATGTTTAGCGGCAATAGAGGA  
 ACAGACTGTACAGCAACTAAAAATGAGATTGGGATAGAAGGTTTTCCAG  
 AAAATTTTGTCTATCATCAAAAGAGAGAAATACCAATAAGAAATGCTTTA  
 AATTTTCTGTTTGTCTTTTGGTGGAAATAATAGTGGTATCTTATTGTCTATC  
 TTTAGATTCACTCTAGAAACATTACCTGCTAGAGAAAAATCTTAAATGG  
 CTATCTTATCATCTGTGCTTCCATTCTAAGAAATGAATCACTTTCTATA  
 ACCATAGAAAAAGTTGCTAGTAATTTCAACGACTTGAAGCAATTACGCTT  
 TAAAGGGGCTAGACCACCAAACTGTCAACCCAGCACAATTATAGGAAAA  
 TGGATGATTTTTCCAAAATGGTTGCCGTAACACAGCTCAAGCACTAATA  
 GAAAGCAATATTAACTAAAAAACAGATACCTTCAAAGTAGGAATTGT  
 ATTTACAACACTTTCTGGACAGGTGAGGTTGTTGAAGGTATTGAAAAAGC  
 AAATCACAACAGAAAGGATATGCACATGTTTCTGCTTCAAGATTCCCGTTT  
 ACAGTAATGAATGCAGCAGCTGGTATGCTTTCTATCATTTTAAATTAAC  
 AGGTCTTTATCTGTCAATTGACAAATAGTGGAGCGCTTGATGGTATAC  
 AATATGCCAAGGAATGATGGTAAACGATAATCTAGACTATGTGATTCTT  
 GTTCTGCTAATCAGTGGACAGACATGAGTTTATGTGGTGGCAACAATT  
 AAATATGATAGTCAAAATGTTGTGCTTCTGATTATTGTTCAACACAAG  
 TCCTCTCTGCTCAAGCAATTGGATAATTCTCTATTAATATTAGGTAGTAAA  
 CAATTAATAATATAGCCATAAAACATTACAGATGTGATGACTATTTTGA  
 TGCTGCGCTTCAAATTTATTATCAGACTTAGGACTAACCATAAAAGATA  
 TCAAAGGTTTCGTTTGGAAATGAGCGGAAGAGGCAGTTAGTTCAAGATTAT  
 GATTCTTAGCGAATCTGTCTGATATTATAATATGCCAAACCTTGCTTC

Table 75: Comparative Sequences relating to SAG0671

TGGTCAGTTTGGATTTTCATCTAATGGTGCTGGTGAAGAACTGGACTATA  
CTGTTAATGAAAGTATAGAAAAGGGCTATTATTAGTCCTATCTTATTCG  
ATCTTTGGTGGTATCTCTTTTGCTATTATTGAAAAAAGG

SEQ ID NO. 7503

STRAIN A909

ATGTTAGTGGAAATAGGAATTATTTCTTCTTTGGGAAAGAATT  
ATAGCGAGCATAAACAGCATCTCTCGACTTAAAAGAAGGAATTTCTAAA  
CATTATATATAAAATCACGACTCTATTTTGAATCTTATACAGGAAGCAT  
AACTAGTGACCCAGAGGTTCTCTGAGCAATACAAAGATGAGACACGTAATT  
TTAAATTTGCTTTTACCGCTTTTGAAGAGGCTCTTGCTTCTTCAGGTGTT  
AATTTAAAAGCTTATCATATATTGCTGTGTGTTAGGGACCTCACTTGG  
GGGAAGAGTGCTGGTCAAATGCCCTTGATCAATTTGAAGAAGGAGAGC  
GTCAAGTAGATGCTAGTTTATTAGAAAAAGCATCTGTTTACCATATTGCT  
GATGAATTGATGGCTTATCATGATATTGTGGGAGCTTCGTATGTTATTTT  
AACCGCTGTTCTGCAAGTAATAATGCCGTAATATTAGGAACACAATTAC  
TTCAAGATGGCGATTGTGATTAGCTATTGTGGTGGCTGTGATGAGTTA  
AGTGATATTTCTTTAGCAGGCTTCACATCACTAGGAGCTATTATACAGA  
AATGGCATGTGAGCCCTATTCTCTGGAAGAAGGAATCAATTTGGGTGAGG  
GCGCTGGTTTGTGTGTTCTGTCAAAGATCAGTCCCTAGCTAAATATGGA  
AAAATTATCGGTGGTCTTATTACTTCAGATGGTTATCATATAACAGCACC  
TAAGCCACAGGTGAAGGGCGGCACAGATTGCAAGCAGCTAGTGACTC  
AAGCAGGTATTGACTACAGTGAGATTGACTATATTAAAGGTCACGGTACA  
GGTACTCAAGCTAATGATAAAATGGAAAAAATATGTATGGTAAGTTT  
CCCGACAACGACATTGATCAGCAGTACCAAGGGGCAACCGGGTCATACTC  
TAGGGGCTGAGGTATTATCGAATTGATTAAATGTTTAGCGGCAATAGAG  
GAACAGACTGTACCAGCACTAAAAATGAGATTGGGATAGAAGGTTTCC  
AGAAAAATTTGCTATCATCAAAGAGAGAAATACCAATAAGAAATGCTT  
TAAATTTTTCGTTTGGCTTTGGTGGAAATAATAGTGGTGTCTTATTGTCA  
TCTTTAGATTACCTCTAGAAACATTACCTGCTAGAGAAAATCTTAAAT  
GGCTATCTTATCATCTGTTGCTTCCATTCTAAGAATGAATCACTTTCTA  
TAACCTATGAAAAAGTTGCTAGTAATTTCAACGACTTTGAAGCATTACGC  
TTTAAAGGGGCTAGACCACCAAACTGTCAACCCAGCACAAATTTAGGAA  
AATGGATGATTTTCCAAAATGGTTGCCGTAACCAACAGCTCAAGCACTAA  
TAGAAAGCAATATTATCTAAAAAACAGATACCTCAAAGTAGGAATT  
GTATTTACAACACTTTCTGGACCAGTTGAGGTTGTTGAAGGTATTGAAA  
GCAAAATCAACAGAGGATATGCACATGTTCTGCTTCAAGATTCCCGT  
TTACAGTAATGAATGCAGCAGCTGGTATGCTTCTATCAATTTTAAATA  
ACAGGTCTTTATCTGTCATTTCGACAAATAGTGGAGCGCTTGATGGTAT  
ACAATATGCCAAGGAATGATGCGTAACGATAATCTAGACTATGTGATT  
TTGTTTCTGCTAATCAGTGGACAGACATGAGTTTATGTGGTGGCAACAA  
TTAAACTATGATAGTCAAAATGTTTGTGGTTCGATTTATGTTTCAAGCACA  
AGTCTCTCTGCTCAAGCATTTGGATAATTCTCCTATAATATTAGGTAGTA  
AACAAATFAAAATATAGCCATAAAACATTCAAGATGTGATGACTATTTT  
GATGCTGGCTTCAAATTTATTATCAGACTTAGGACTAACCATAAAAAGA  
TATCAAAAGGTTTCGTTTGAATGAGCGGAAGAAGGCAGTTAGTTTCAAGAT  
ATGATTTCTAGCGAATCTGCTGAGTATTATAATATGCCAAACCTTGCT  
TCTGGTCAGTTTGGATTTTCTATCTAATGGTGTCTGGTGAAGAACTGGACTA  
TACTGTTAATGAAAGTATAGAAAAGGGCTATTATTAGTCTCTATCTTATT  
CGATCTTCGGTGGTATCTCTTTTGCTATTATTGAAAAAAGG

SEQ ID NO. 7504

STRAIN H36B

ATGTTAGTGGAAATAGGAATTATTTCTTCTTTGGGAAAGAATTATAGCGA  
GCATAAACAGCATCTCTTCGACTTAAAAGAAGGAATTTCTAAACATTAT  
ATAAAATCACGACTCTATTTTGAATCTTATACAGGAAGCATAACTAGT  
GACCCAGAGGTTCTCTGAGCAATACAAAGATGAGACACGTAATTTTAAATT  
TGCTTTTACCGCTTTTGAAGAGGCTCTTGCTTCTTCAGGTGTTAAATTTAA  
AAGCTTATCATATATTGCTGTGTGTTAGGGACCTCACTTGGGGGAAAG  
AGTGTGGTCAAATGCCCTTGATCAATTTGAAGAAGGAGAGCGTCAAGT  
AGATGCTAGTTTATTAGAAAAAGCATCTGTTTACCATATTGCTGATGAAT  
TGATGGCTTATCATGATATTGTGGGAGCTTCGTATGTTATTTCACCGCC  
TGTTCTGCAAGTAATTAATGCCGTAATATTAGGAACACAATTACTTCAAGA  
TGGCGATTGTGATTAGCTATTGTGGTGGCTGTGATGAGTTAAGTGATA  
TTTCTTTAGCAGGCTTCACATCACTAGGAGCTATTATAACAGAAATGGCA  
TGTGAGCCCTATTCTCTGGAAGAAGGAATCAATTTGGGTGAGGGCGCTGG  
TTTTGTTGTTCTGTCAAAGATCAGTCCCTAGCTAAATATGGAATAATTA  
TCGGTGGTCTTATTACTTCAGATGGTTATCATATAACAGCACCTTAAGCCA  
ACAGGTGAAGGGGCGGCACAGATTGCAAGCAGCTAGTGACTCAAGCAGG  
TATTGACTACAGTGAGATTGACTATATTAAAGGTCACGGTACAGGTACTC  
AAGCTAATGATAAAATGGAATAAATATGTATGGTAAGTTTTCGCGACA  
ACGACATTGATCAGCAGTACCAAGGGGCAACCGGGTCATACTCTAGGGGC  
TGCGGTATTATCGAATTGATTAAATGTTTAGCGGCAATAGAGGAACAGA  
CTGTACCAGCACTAAAAATGAGATTGGGATAGAAGGTTTTCAGAAAAAT  
TTTGCTATCATCAAAGAGAGAAATACCAATAAGAAATGCTTTAAATTT  
TTOGTTTGCTTTTGGTGGAAATAATAGTGGTGTCTTATTGTCTATCTTAG  
ATTCACTCTAGAAAACATTACCTGCTAGAGAAAATCTTAAATGGCTATC  
TTATCATCTGTTGCTTCCATTCTAAGAATGAATCACTTTCTATAACCTA  
TGAAAAAGTTGCTAGTAATTTCAACGACTTTGAAGCATTACGCTTTAAAG  
GGGCTAGACCACCAAACTGTCAACCCAGCACAAATTTAGGAAAAATGGAT  
GATTTTCCAAAATGGTTGCCGTAACCAACAGCTCAAGCACTAATAGAAAAG  
CAATATTAACTAAAAAACAGATACCTCAAAGTAGGAATTGTATTTA  
CAACACTTTCTGGACCAGTTGAGGTTGTTGAAGGTATTGAAAAGCAATC

Table 75: Comparative Sequences relating to SAG0671

ACAAAGAGGATATGCACATGTTTCTGCTTCACGATCCCGTTTACAGT  
AATGAATGCAGCAGCTGGTATGCTTTCTATCATTTTAAAAATAACAGGTC  
CTTTATCTGTCTATTTGACAAATAGTGGAGCGCTTGATGGTATACAATAT  
GCCAAGGAAATGATGCGTAACGATAATCTAGACTATGTGATTCCTGTTTC  
TGCTAATCAGTGGACAGACATGAGTTTTATGTGGTGGCAACAATTAACT  
ATGATAGTCAAAATGTTTGTGCGTTCTGATTATGTTTCAGCACAAGTCCTC  
TCTCGTCAAGCATTTGGATAATTCTCTATAATATAGGTAGTAAACAATT  
AAAAATAGCCATAAAAAATTACAGATGTGATGACTATTTTGTGCTG  
CGCTTCAAAATTATATCAGACTTAGGACTAACCATAAAAAGATATCAAA  
GGTTTCGTTTGAATGAGCGGAAGAAGGAGTGTAGTTTCAAGATTATGATT  
CTTAGCGAATCTGTCTGAGTATTATAATATGCCAAACCTTGCTTCTGGTC  
AGTTTGGATTTTCTATTAATGGTGTCTGGTGAAGAACTGGACTATATCTGT  
AATGAAAGTATAGAAAAGGGCTATTATTAGTCTATCTTATTCGATCTT  
CGGTGGTATCTCTTTTGCTATTATTGAAAAAGG

SEQ ID NO. 7505

STRAIN 18RS21

ATGTTAGTGAATAGGAATTATTTCTTCTTTGGGAAAGAAATTATAGC  
GAGCATAAACAGCATCTCTTCGACTTAAAGAAGGAATTTCTAAACATTT  
ATATAAAATCAGACTCTATTTTGAATCTTATACAGGAAGCATAACTA  
GTGACCCAGAGGTTCTGAGCAATACAAAGATGAGACACGTAATTTTAAA  
TTTGCTTTTACCGCTTTTGAAGAGGCTCTTGCTTCTTCAGGTGTTAATTT  
AAAAGCTTATCATAATATTGCTGTGTGTTTAGGGACCTCACTTGGGGGAA  
AGAGTGTCTGGTCAAAATGCCCTTGATCAATTTGAAGAAGGAGAGCGTCAA  
GTAGATGCTAGTTTATTAGAAAAGCATCTGTTTACCATATTGCTGATGA  
ATTGATGGCTTATCATGATATTGTGGGAGCTTCGTATGTTATTTCAACCG  
CCTGTTCTGCAAGTAATAATGCGTAATATTAGGAACACAATTACTTCAA  
GATGGCGATTGTGATTTAGCTATTTGTGGTGGCTGTGATGAGTTAAGTGA  
TATTTCTTTAGCAGGCTTCACATCACTAGGAGCTATTAAATACAGAAATGG  
CATGTGAGCCCTATTCTTCTGAAAAGGAATCAATTTGGGTGAGGGCGCT  
GGTTTGTGTTCTTGTCAAAGATCAGTCCCTTAGCTAAATATGAAAAAAT  
TATCGGTGGTCTTATTACTTCAGATGGTTATCATATAACAGCACCTAAGC  
CAACAGGTGAAGGGGCGGCACAGATTGCAAGCAGCTAGTGACTCAAGCA  
GGTATTGACTACAGTGAATGACTATATTAAACGGTCACGGTACAGGTAC  
TCAAGCTAATGATAAAATGGAAAAAATATGTATGGTAAGTTTTTCCCGA  
CAACGACATTGATCAGCAGTACCAAGGGGCAACGGGTCTACTCTAGGG  
GCTGAGGTATTATCGAATTGATTAAATTTAGCGGCAATAGAGGAACA  
GACTGTACAGCACTAAAAATGAGATTGGGATAGAAGGTTTTCCAGAAA  
ATTTTGTCTATCATCAAAAGAGAGAAATACCAATAAGAAATGCTTTAAAT  
TTTTCGTTTGTCTTTTGGTGGAAATAATAGTGGTGTCTTATTGTCTCTT  
AGATTACCTCTAGAAAATTACCTGCTAGAGAAAATCTTAAATGGCTA  
TCTTATCATCTGTGCTTCCATTTCTAAGAATGAATCACTTTCTATAACC  
TATGAAAAAGTTGTAGTAATTTCAACGACTTTGAAGCATTACGCTTTAA  
AGGGGCTAGACCACCCAAAATGTCAACCCAGCACAATTTAGGAAAATGG  
ATGATTTTCCAAAATGGTTGCGGTAAACACAGCTCAAGCACTAATAGAA  
AGCAATATTAAATCTAAAAAACAAGATACTTCAAAAGTAGGAATTTGATT  
TACAACACTTTCTGGACCAAGTTGAGGTTGTGAAGGTATTGAAAAGCAAA  
TCACAACAGAGGATATGCACATGTTTCTGCTTCACGATTCCTCGTTTACA  
GTAATGAATGAGCAGCTGGTATGCTTTCTATCATTTTAAAAATAACAGG  
TCTTTATCTGTCTATTTGACAAATAGTGGAGCGCTTGATGGTATACAAT  
ATGCCAAGGAAATGATGCGTAACGATAATCTAGACTATGTGATTCCTGTT  
TCTGCTAATCAGTGGACAGACATGAGTTTTATGTGGTGGCAACAATTAAA  
CTATGATAGTCAAAATGTTTGTGCGTTCTGATTATGTTTCAGCACAAGTCC  
TCTCTCGTCAAGCATTTGGATAATTCTCTATAATATAGGTAGTAAACAA  
TTAAAAATAGCCATAAAAAATTACAGATGTGATGACTATTTTGTGATGC  
TGCGCTTCAAAATTATATCAGACTTAGGACTAACCATAAAAAGATATCA  
AAGGTTTCTTTGGAATGAGCGGAAGAAGGAGTGTAGTTTCAAGATTATGAT  
TTCTTAGCGAATCTGTCTGAGTATTATAATATGCCAAACCTTGCTTCTGG  
TCAGTTTGGATTTTCTATTAATGGTGTCTGGTGAAGAACTGGACTATATCTG  
TTAATGAAAGTATAGAAAAGGGCTATTATTAGTCTATCTTATTCGATC  
TTGCGTGGTATCTCTTTTGCTATTATTGAAAAAGG

SEQ ID NO. 7506

STRAIN M732

ATGTTAGTGAATAGGAATTATTTCTTCTTTGGGAAAGAAATTATAG  
CGAGCATAAACAGCATCTCTTCGACTTAAAGAAGGAATTTCTAAACATT  
TATATAAAATCAGACTCTATTTTGAATCTTATACAGGAAGCATAACT  
AGTGACCCAGAGGTTCTGAGCAATACAAAGATGAGACACGTAATTTTAA  
ATTTGCTTTTACCGCTTTTGAAGAGGCTCTTGCTTCTTCAGGTGTTAATTT  
TAAAGCTTATCATAATATTGCTGTGTGTTTAGGGACCTCACTTGGGGGA  
AAGAGTGTCTGGTCAAAATGCCCTTGATCAATTTGAAGAAGGAGAGCGTCA  
AGTAGATGCTAGTTTATTAGAAAAGCATCTGTTTACCATATTGCTGATG  
AATTGATGGCTTATCATGATATTGTGGGAGCTTCGTATGTTATTTCAACC  
GCCGTTCTGCAAGTAATAATGCGTAATATTAGGAACACAATTACTTCA  
AGATGGCGATTGTGATTTAGCTATTTGTGGTGGCTGTGATGAGTTAAGTG  
ATATTTCTTTAGCAGGCTTCACATCACTAGGAGCTATTAAATACAGAAATG  
GCATGTCAGCCCTATTCTTCTGAAAAGGAATCAATTTGGGTGAGGGCGC  
TGTTTGTGTTGTTCTTGTCAAAGATCAGTCCCTTAGCTAAATATGAAAAA  
TTATCGGTGGTCTTATTACTTCAGATGGTTATCATATAACAGCACCTAAG  
CCAACAGGTGAAGGGGCGGCACAGATTGCAAGCAGCTAGTGACTCAAGC  
AGGTATTGACTACAGTGAATGACTATATTAAACGGTCACGGTACAGGTA  
CTCAAGCTAATGATAAAATGGAAAAAATATGTATGGTAAGTTTTTCCCG  
ACACGACATTGATCAGCAGTACCAAGGGGCAACGGGTCTACTCTAGG

Table 75: Comparative Sequences relating to SAG0671

GGCTGCAGGTATTATCGAATTGATTAAATTGTTTTCGCGCAATAGAGGAAC  
 AGACTGTACCAAGCACTAAAAATGAGATTGGGATAGAAGGTTTTCAGAA  
 AATTTTGTCTATCATCAAAAGAGAGAATACCAATAAGAAATGCTTTAAA  
 TTTTCGTTTGTCTTTGGTGGAAATAATAGTGGTGTCTTATTGTCATCTT  
 TAGATTCACTCTAGAAACATTACCTGCTAGAGAAAATCTTAAATGGCT  
 ATCTTATCATCTGTTGCTTCCATTTC TAAGAATGAATCACTTTCTATAAC  
 CTATGAAAAAGTTGCTAGTAATTTCAACGACTTTGAAGCATTACGCTTTA  
 AAGGGGCTAGACCACCCAAAACGTCAACCCAGCACAAATTAGGAAAATG  
 GATGATTTTTCCAAATGGTTGCCGTAAACAACAGCTCAAGCACTAATAGA  
 AAGCAATATTAACTTAAAAAAACAAGATACTTCAAAGTAGGAATTGTAT  
 TTACAACACTTTCTGGACCAAGTTGAGGTTGTTGAAGGTATTGAAAAGCAA  
 ATCAACAGAAAGGATATGCACATGTTCTGCTTCACGATTCCCGTTTAC  
 AGTAATGAATGCAGCAGCTGGTATGCTTTCTATCATTTTTTAAATAACAG  
 GTCTTTTATCTGTCTTTTCGACAAATAGTGGAGCGCTTGATGGTATACAA  
 TATGCCAAGGAAATGATGCGTAACGATAATCTAGACTATGTGATTCTTGT  
 TTTGCTTAATCAGTGGACAGACATGAGTTTTATGTGGTGGCAACAATTAA  
 ACTATGATAGTCAAAATGTTTGTGCGTTCTGATTATTGTTTCAACAGTCT  
 CTCTCTCGTCAAGCATTGGATAATTCTCTATAATATTAGGTAGTAAACA  
 ATTAAATATAGCCATAAAACATTACAGATGTGATGACTATTTTTGATG  
 CTGCGCTTCAAATTTATTATCAGACTTAGGACTAACCTAAAGATATCA  
 AAGGTTTCTGTTTGAATGAGCGGAAGAAGGCAGTTAGTTTCAAGATTATGA  
 TTTCTTAGCGAACTTGTCTGAGTATTATAATATGCCAAACCTTGTCTCTG  
 TCTAGTTTGGATTTTCTATCTAATGGTCTGGTGAAGAACTGGACTATaCT  
 GTTAATGAAAGTATAGAAAAGGGCTATTATTAGTCTCTATCTTATTCGAT  
 CTTGCGTGGTATCTCTTTTGTCTATTATTGAAAAAAGG

SEQ ID NO. 7507

STRAIN COH1

ATGTTAGTGGAAATAGGAATTATTTCTTCTTTGGGAAAGAATTATAGC  
 GAGCATAAACAGCATCTCTTCGACTTAAAGAAGGAATTTCTAAACATTT  
 ATATAAAATCAGACTCTATTTTAGAATCTTATACAGGAAGCATAACTA  
 GTGACCCAGAGGTTCTGAGCAATACAAAGATGAGACACGTAATTTTAAA  
 TTTGCTTTTACCGCTTTTGAAGAGGCTCTTGTCTTTCAGGTGTTAATTT  
 AAAAGCTTATCATATAATTGCTGTGTGTTTAGGGACCTCACTTGGGGGAA  
 AGAGTGTCTGGTCAAATGCCTTGTATCAATTTGAAGAAGGAGAGCGTCAA  
 GTAGATGCTAGTTTATTAGAAAAAGCATCTGTTTACCATATTGCTGATGA  
 ATTGATGCTTATCATGATATTGTTGGGAGCTTCGTATGTTATTTCAACCG  
 CCTGTTCTGCAAGTAATAATGCCGTAATATTAGGAACACAATTACTTCAA  
 GATGGCGATTGTGATTTAGCTATTTGTGGTGGCTGTGATGAGTTAAGTGA  
 TATTTCTTTAGCAGGCTTCACTACACTAGGAGCTATTAAATACAGAAATGG  
 CATGTCAGCCCTATTCTTCTGGAAGGAATCAATTTGGGTGAGGGCGCT  
 GGTTTTGTGTTCTTGTCAAAGATCAGTCTCTAGCTAAATATGGAATAAT  
 TATCGGTGGTCTTATTACTTTCAGATGGTTATCATATAACAGCACCTAAGC  
 CAACAGGTGAAGGGGCGGCAGATGCAAGCAGCTAGTGACTCAAGCA  
 GGTATTGACTACAGTGAGATTGACTATATTACGGTCAAGGTACAGGTAC  
 TCAAGCTAATGATAAAATGGAATAATATGTTAGTTAAGTTTTCCTCGG  
 CAACGACATTGATCAGCAGTACCAAGGGGCAACCGGTCTACTCTAGGG  
 GCTGCAGGTATTATCGAATTGATTAAATTGTTTACCGGCAATAGAGGAACA  
 GACTGTACCAAGCACTAAAAATGAGATTGGGATAGAAGGTTTTCAGAAA  
 ATTTTGTCTATCATCAAAAGAGAGAATACCAATAAGAAATGCTTTAAAT  
 TTTTCGTTTGTCTTTGGTGGAAATAATAGTGGTGTCTTATTGTCATCTTT  
 AGATTCACTCTAGAAACATTACCTGCTAGAGAAAATCTTAAATGGCTA  
 TCTTATCATCTGTTGCTTCCATTTC TAAGAATGAATCACTTTCTATAACC  
 TATGAAAAAGTTGCTAGTAATTTCAACGACTTTGAAGCATTACGCTTTAA  
 AAGGGGCTAGACCACCCAAAACGTCAACCCAGCACAAATTAGGAAAATG  
 ATGATTTTTCCAAATGGTTGCCGTAAACAACAGCTCAAGCACTAATAGAA  
 AGCAATATTAACTTAAAAAAACAAGATACTTCAAAGTAGGAATTGTATT  
 TACAACACTTTCTGGACCAAGTTGAGGTTGTTGAAGGTATTGAAAAGCAA  
 TCACAACAGAAAGGATATGCACATGTTCTGCTTCACGATTCCCGTTTACA  
 GTAATGAATGCAGCAGCTGGTATGCTTTCTATCATTTTTTAAATAACAGG  
 TCCTTTATCTGTCTATTTCGACAAATAGTGGAGCGCTTGATGGTATACAA  
 ATGCCAAGGAAATGATGCGTAACGATAATCTAGACTATGTGATTCTTGT  
 TCTGCTAATCAGTGGACAGACATGAGTTTTATGTGGTGGCAACAATTAAA  
 CTATGATAGTCAAAATGTTTGTGCGTTCTGATTATTGTTTCAACAGTCC  
 TCTCTCGTCAAGCATTGGATAATTCTCTATAATATTAGGTAGTAAACA  
 TTAATAATATAGCCATAAAACATTACAGATGTGATGACTATTTTTGATGC  
 TGCGCTTCAAATTTATTATCAGACTTAGGACTAACCTAAAGATATCA  
 AAGGTTTCTGTTTGAATGAGCGGAAGAAGGCAGTTAGTTTCAAGATTATGAT  
 TTCTTAGCGAACTTGTCTGAGTATTATAATATGCCAAACCTTGTCTCTGG  
 TCAAGTTTGGATTTTCTATCTAATGGTCTGGTGAAGAACTGGACTATCTG  
 TTAATGAAAGTATAGAAAAGGGCTATTATTAGTCTCTATCTTATTCGATC  
 TTCGGTGGTATCTCTTTTGTCTATTATTGAAAAAAGG

SEQ ID NO. 7508

STRAIN M781

ATGTTAGTGGAAATAGGAATTATTTCTTCTTTGGGAAAGAATTATAGC  
 GAGCATAAACAGCATCTCTTCGACTTAAAGAAGGAATTTCTAAACATTT  
 ATATAAAATCAGACTCTATTTTAGAATCTTATACAGGAAGCATAACTA  
 GTGACCCAGAGGTTCTGAGCAATACAAAGATGAGACACGTAATTTTAAA  
 TTTGCTTTTACCGCTTTTGAAGAGGCTCTTGTCTTTCAGGTGTTAATTT  
 AAAAGCTTATCATATAATTGCTGTGTGTTTAGGGACCTCACTTGGGGGAA  
 AGAGTGTCTGGTCAAATGCCTTGTATCAATTTGAAGAAGGAGAGCGTCAA  
 GTAGATGCTAGTTTATTAGAAAAAGCATCTGTTTACCATATTGCTGATGA



Table 75: Comparative Sequences relating to SAG0671

ATTGATGGCTTATCATGATATTGTGGGAGCTTCGTATGTTATTTCAACCG  
 CCTGTTCTGCAAGTAATAATGCCGTAATATTAGGAACACAATTACTTCAA  
 GATGGCGATTGTGATTAGCTATTGTGGTGGCTGTGATGAGTTAAGTGA  
 TATTTCTTTAGCAGGCTTCACATCACTAGGAGCTATTAAACAGAAATGG  
 CATGTCAGCCCTATTCTTCTGGAAAAGGAATCAATTGGGTGAGGGCGCT  
 GGTTTTGTGTTCTTGTCAAAGATCAGTCCTTAGCTAAATATGGAAAAAT  
 TATCGGTGGTCTTATTACTTCAGATGGTTATCATATAACAGCACCTAAGC  
 CAACAGGTGAAGGGGCGGCACAGATTGCAAAGCAGCTAGTGACTCAAGCA  
 GGTATTGACTACAGTGAGATTGACTATATTAAATGGTCACGGTACAGGTAC  
 TCAAGCTAATGATAAAATGGAAAAAATATGTATGGTAAGTTTTTCCCGA  
 CAACGACATTGATCAGCAGTACCAAGGGGCAACGGGTCTACTCTAGGG  
 GCTGCAAGTATTATCGAATTGATTAAATGTTTTCAGCGCAATAGAGGAACA  
 GACTGTACAGCAACTAAAAATGAGATTGGGATAGAAGGTTTTCCAGAAA  
 ATTTTGTCTATCATCAAAGAGAGAATACCCAATAAGAAATGCTTTAAAT  
 TTTTCGTTTGTCTTTGGTGGAAATAATAGTGGTATCTTATGTCTATCTT  
 AGATTACCTCTAGAAAACATTACCTGCTAGAGAAAATCTTAAATGGCTA  
 TCTTATCATCTGTTGCTTCCATTCTAAGAATGAATCACTTTCTATAACC  
 TATGAAAAGTTGCTAGTAATTTCAACGACTTTGAAGCATTACGCTTTAA  
 AGGGCTAGACCAACCAAACTGTCAACCCAGCACAAATTAGGAAAATGG  
 ATGATTTTCCAAAATGGTTGCCGTAAACAGCTCAAGCACTAATAGAA  
 AGCAATATTAATCTAAAAAACAAGATACTTCAAAAGTAGGAATTTGTAAT  
 TACAACACTTTCTGGACCACTTGAGGTTGTTGAAGGTATTGAAAAGCAAA  
 TCACAACAGAAGGATATGCACATGTTTCTGCTTCACGATTCCCGTTTACA  
 GTAATGAATGCAGCAGCTGGTATGCTTCTATCATTTTAAATAACAGG  
 TCCCTTATCTGTCATTTGACAAAATAGTGGAGCGCTTGATGGTATACAAT  
 ATGCCAAGGAAATGATGCGTAACGATAATCTAGACTATGTGATTCTTGT  
 TCTGCTAATCAGTGGACAGACATGAGTTTATGTGGTGGCAACAATTA  
 CTATGATAGTCAAATGTTTGTGGTTCTGATTATGTTTCAACAGTCC  
 TCTCTGCTCAAGCATGGATAATCTCTATAATATTAGGTAGTAAACAA  
 TTAATAATAGCCATAAAACATTACAGATGTGATGACTATTTTGTATGC  
 TGCGCTTCAAAATTTATATCAGACTTAGGACTAAACATAAAGATATCA  
 AAGGTTTCTTTGGAATGAGCGGAAGAAGGCAGTTAGTTTCAAGATTATGAT  
 TTCTTAGCGAATTTGCTGAGTATTATAATATGCCAAACCTTGCTTCTGG  
 TCAGTTTGGATTTTCTATCTAATGGTGGTGGTGAAGAACTGGACTATACTG  
 TTAATGAAAGTATAGAAAAGGGCTATTATTAGTCTTATCTTATTCGATC  
 TTTGGTGGTATCTCTTTGCTATTATTGAAAAAAGG

SEQ ID NO. 7509

STRAIN CJB110

ATGTTAGTGGAAATAGGAATTATTTCTTCTTTGGGAAAGAATTATAGC  
 GAGCATAAACAGCATCTCTTCACTTAAAGAGGAATTTCTAAACATT  
 ATATAAAATCAGCACTCTATTTTGAATCTTATACAGGAAGCATAACTA  
 GTGACCCAGAGGTTCTGAGCAATACAAAGATGAGACAGTAATTTTAA  
 TTGCTTTTACCGCTTTTGAAGAGGCTCTTCTCTTTCAGGTGTTAATTT  
 AAAAGCTTATCATAATATGCTGTGTTTGGGACCTCACTTGGGGGAA  
 AGAGTCTGTCTAAATGCTTGTATCAATTTGAAGAAGGAGAGCGTCAA  
 GTAGATGCTAGTTTATTAGAAAAGCATCTGTTTACCATATTGCTGATGA  
 ATTGATGGCTTATCATGATATTGTGGGAGCTTCGTATGTTATTTCAACCG  
 CCTGTTCTGCAAGTAATATGCGGTAATATTAGGAAACAAATTACTTCAA  
 GATGGCGATTGTGATTTAGCTATTGTTGGTGGCTGTGATGAGTTAAGTGA  
 TATTTCTTTAGCAGGCTTCACATCACTAGGAGCTATTAAACAGAAATGG  
 CATGTCAGCCCTATTCTTCTGGAAAAGGAATCAATTGGGTGAGGGCGCT  
 GGTTTTGTGTTCTTGTCAAAGATCAGTCCTTAGCTAAATATGGAAAAAT  
 TATCGGTGGTCTTATTACTTCAGATGGTTATCATATAACAGCACCTAAGC  
 CAACAGGTGAAGGGGCGGCACAGATTGCAAAGCAGCTAGTGACTCAAGCA  
 GGTATTGACTACAGTGAGATTGACTATATTAAATGGTCACGGTACAGGTAC  
 TCAAGCTAATGATAAAATGGAAAAAATATGTATGGTAAGTTTTTCCCGA  
 CAACGACATTGATCAGCAGTACCAAGGGGCAACGGGTCTACTCTAGGG  
 GCTGCAAGTATTATCGAATTGATTAAATGTTTTCAGCGCAATAGAGGAACA  
 GACTGTACAGCAACTAAAAATGAGATTGGGATAGAAGGTTTTCCAGAAA  
 ATTTTGTCTATCATCAAAGAGAGAATACCCAATAAGAAATGCTTTAAAT  
 TTTTCGTTTGTCTTTGGTGGAAATAATAGTGGTATCTTATGTCTATCTT  
 AGATTACCTCTAGAAAACATTACCTGCTAGAGAAAATCTTAAATGGCTA  
 TCTTATCATCTGTTGCTTCCATTCTAAGAATGAATCACTTTCTATAACC  
 TATGAAAAGTTGCTAGTAATTTCAACGACTTTGAAGCATTACGCTTTAA  
 AGGGCTAGACCAACCAAACTGTCAACCCAGCACAAATTAGGAAAATGG  
 ATGATTTTCCAAAATGGTTGCCGTAAACAGCTCAAGCACTAATAGAA  
 AGCAATATTAATCTAAAAAACAAGATACTTCAAAAGTAGGAATTTGTAAT  
 TACAACACTTTCTGGACCACTTGAGGTTGTTGAAGGTATTGAAAAGCAAA  
 TCACAACAGAAGGATATGCACATGTTTCTGCTTCACGATTCCCGTTTACA  
 GTAATGAATGCAGCAGCTGGTATGCTTCTATCATTTTAAATAACAGG  
 TCCCTTATCTGTCATTTGACAAAATAGTGGAGCGCTTGATGGTATACAAT  
 ATGCCAAGGAAATGATGCGTAACGATAATCTAGACTATGTGATTCTTGT  
 TCTGCTAATCAGTGGACAGACATGAGTTTATGTGGTGGCAACAATTA  
 CTATGATAGTCAAATGTTTGTGGTTCTGATTATGTTTCAACAGTCC  
 TCTCTGCTCAAGCATGGATAATCTCTATAATATTAGGTAGTAAACAA  
 TTAATAATAGCCATAAAACATTACAGATGTGATGACTATTTTGTATGC  
 TGCGCTTCAAAATTTATATCAGACTTAGGACTAAACATAAAGATATCA  
 AAGGTTTCTTTGGAATGAGCGGAAGAAGGCAGTTAGTTTCAAGATTATGAT  
 TTCTTAGCGAATTTGCTGAGTATTATAATATGCCAAACCTTGCTTCTGG  
 TCAGTTTGGATTTTCTATCTAATGGTGGTGGTGAAGAACTGGACTATACTG  
 TTAATGAAAGTATAGAAAAGGGCTATTATTAGTCTTATCTTATTCGATC  
 TTTGGTGGTATCTCTTTGCTATTATTGAAAAAAGG

Table 75: Comparative Sequences relating to SAG0671

SEQ ID NO. 7510

STRAIN 1169NT

ATGTTAGTGAATAGGAATTATTTCTTCTTTGGGAAAGAATTATAG  
 CGAGCATAAACAGCATCTCTTCGACTTAAAAGAAGGAATTTCTAAACATT  
 TATATAAAAATCACGACTCTATTTTAGAATCTTATACAGGAAGCATAACT  
 AGTGACCCAGAGGTTCTCGAGCAATACAAAGATGAGACACGTAATTTTAA  
 ATTTGCTTTTACCGCTTTTGAAGAGGCTCTTGCTTCTTCAGGTGTTAAT  
 TAAAGCTTATCATAATATTGCTGTGTGTTTAGGGACCTCACTTGGGGGA  
 AAGAGTGCTGGTCAAATGCCTTGATCAATTTGAAGAAGGAGAGCGTCA  
 AGTAGATGCTAGTTTATTAGAAAAGCATCTGTTTACCATATTGCTGATG  
 AATTGATGGCTTATCATGATATTGTGGGAGCTTCGTATGTTATTCAACC  
 GCCTGTTCTGCAAGTAATAATGCCGTAATATTAGGAACACAATTACTTCA  
 AGATGGCGATTGTGATTAGCTATTGTGGTGGCTGTGATGAGTTAAGTG  
 ATATTCTTTAGCAGGCTTCACTACTAGGAGCTATTAAATACAGAAATG  
 GCATGTCAGCCCTATTCTTCTGGAAAAGGAATCAATTGGGTGAGGGCGC  
 TGGTTTGTGTTCTTGTCAAAGATCAGTCCCTAGCTAAATATGAAAAA  
 TTATCGGTGGTCTTATTACTTCAGATGGTTATCATATAACAGCACCTAAG  
 CCAACAGGTGAAGGGGGCGGCACAGATTGCAAGCAGCTAGTGACTCAAGC  
 AGGTATTGACTACAGTGAGATTGACTATATTAAACGGTCACGGTACAGGTA  
 CTCAAGCTAATGATAAAATGAAAAAATATGTATGGTAAGTTTTCCTCG  
 ACAACGACATTGATCAGCAGTACCAAGGGGCAACGGGTCACTACTTAGG  
 GGCTGCGAGTATTATCGAATTGATTAAATGTTTAGCGGCAATAGAGGAAC  
 AGACTGTACCCAGCAACTAAAAATGAGATTGGGATAGAAGGTTTCCAGAA  
 AATTTGTCTATCATCAAAAGAGAGATAACCAATAAGAAATGCTTTAAA  
 TTTTGTGTTGCTTTTGGTGGAAATAATAGTGGTATCTTATTGTCTATCTT  
 TAGATTCACTCTAGAAACATTACCTGCTAGAGAAAACTTAAAAATGGCT  
 ATCTTATCATCTGTGCTTCCATTTCTAAGAATGAATCACTTTCTATAAC  
 CTATGAAAAAGTTGCTAGTAATTTCAACGACTTTGAAGCATTACGCTTTA  
 AAGGGGCTAGACCCCAAACTGTCAACCCAGCACAAATTTAGGAAATG  
 GATGATTTTCCAAAATGGTTGCCGTAACACAGCTCAAGCACTAATAGA  
 AAGCAATATTAACTAAAAAACAAGATACTTCAAAAGTAGGAATTGTAT  
 TTACAACACTTTCTGGACCAAGTTGAGGTTGTTGAAGGTATTGAAAAGCAA  
 ATCACAACAGAAGGATATGCACATGTTTCTGCTTCAAGATTCCCGTTTAC  
 AGTAATGAATGCAGCAGCTGGTATGCTTTCTATCATTTTAAAAATAACAG  
 GTCTTATCTGTCAATTCGACAAATAGTGGAGCGCTTGATGGTATACAA  
 TATGCCAAGGAAATGATGCGTAAACGATACTAGACTATGTGATTCTGT  
 TTCTGCTAATCAGTGGACAGACATGAGTTTATGTGGTGGCAACAATTAA  
 ACTATGATAGTCAAAATGTTTGTCCGTTCTGATTATTGTTCAACACAAGTC  
 CTCCTGCTCAAGCATTGGATAATTCTCCTATAATATTAGGTAGTAAACA  
 ATTAAAAATATAGCCATAAAACATTACAGATGTGATGACTATTTTGTATG  
 CTGGCTTCAAAATTTATATCAGACTTAGGACTAACCATAAAAAGATATC  
 AAAGGTTTCGTTTGAATGAGCGGAAGAGGAGTATGTTCAAGATTATGA  
 TTTCTTAGCGAAGTTGTCTGAGTATTATAATATGCCAAACCTTGCTTCTG  
 GTCAGTTTGGATTTCATCTAATGGTGTCTGGTGAAGAACTGGACTATACT  
 GTTAATGAAAGTATAGAAAAGGGCTATTATTAGTCCCTATCTTATCGAT  
 CTTTGGTGGTATCTCTTTTGCTATTATTGAAAAAAGG

SEQ ID NO. 7511

STRAIN JM9130013

ATGTTAGTGAATAGGAATTATTTCTTCTTTGGGAAAGAATTATAGCGAG  
 CATAAACAGCATCTCTTCGACTTAAAAGAAGGAATTTCTAAACATTTATA  
 TAAAAATCACGACTCTATTTTAGAATCTTATACAGGAAGCATAACTAGTG  
 ACCCAGAGGTTCTCGAGCAATACAAAGATGAGACACGTAATTTTAAATTT  
 GCCTTTACCGCTTTTGAAGAGGCTCTTGCTTCTTCAGGTGTTAATTTAAA  
 AGCTTATCATAATATTGCTGTGTGTTTAGGGACCTCACTTGGGGGAAAGA  
 GTGCTGGTCAAATGCCTTGATCAATTTGAAGAAGGAGAGCGTCAAGTA  
 GATGCTAGTTTATTAGAAAAGCATCTGTTTACCATATTGCTGATGAAT  
 GATGGCTTATCATGATATTGTGGGAGCTTCGTATGTTATTCAACCGCCT  
 GTTCTGCAAGTAATAATGCCGTAATATTAGGAACACAATTACTTCAAGAT  
 GGCATTGTGATTAGCTATTGTGGTGGCTGTGATGAGTTAAGTGATAT  
 TTCTTTAGCAGGCTTCACTACTAGGAGCTATTAAATACAGAAATGGCAT  
 GTCAGCCCTATTCTTCTGGAAAAGGAATCAATTGGGTGAGGGCGCTGGT  
 TTTGTGTTCTTGTCAAAGATCAGTCCCTAGCTAAATATGAAAAATTTAT  
 CGGTGGTCTTATTACTTCAGATGGTTATCATATAACAGCACCTAAGCCAA  
 CAGGTGAAGGGGGCGGCACAGATTGCAAGCAGCTAGTGACTCAAGCAGGT  
 ATTGACTACAGTGAGATTGACTATATTAAACGGTCAACGGTACAGGTA  
 AGCTAATGATAAAATGAAAAAATATGTATGGTAAGTTTTCCTCGACAA  
 CGACATTGATCAGCAGTACCAAGGGGCAACGGGTCACTACTTAGGGGCT  
 GCAGGTATTATCGAATTGATTAAATGTTTAGCGGCAATAGAGGAACAGAC  
 TGTACCCAGCAACTAAAAATGAGATTGGGATAGAAGGTTTCCAGAAAAAT  
 TTGCTCTATCATCAAAAGAGAGATAACCAATAAGAAATGCTTTAAATTT  
 TCGTTTGTCTTTTGGTGGAAATAATAGTGGTGTCTTATTGTCTATCTTAGA  
 TTCACCTCTAGAAACATTACCTGCTAGAGAAAACTTAAAAATGGCTATCT  
 TATCATCTGTGCTTCCATTTCTAAGAATGAATCACTTTCTATAACCTAT  
 GAAAAAGTTGCTAGTAATTTCAACGACTTTGAAGCAATTACGCTTTAAAGG  
 GGCTAGACCCCAAACTGTCAACCCAGCACAAATTTAGGAAATGGATG  
 ATTTTCCAAAATGGTTGCCGTAACACAGCTCAAGCACTAATAGAAAGC  
 AATATTAACTAAAAAACAAGATACTTCAAAAGTAGGAATTGTATTAC  
 AACACTTTCTGGACCAAGTTGAGGTTGTTGAAGGTATTGAAAAGCAATCA  
 CAACAGAAGGATATGCACATGTTTCTGCTTCAAGATTCCCGTTTACAGTA  
 ATGAATGCAGCAGCTGGTATGCTTTCTATCATTTTAAAAATAACAGGTCC  
 TTTATCTGTCAATTCGACAAATAGTGGAGCGCTTGATGGTATACAAATATG

Table 75: Comparative Sequences relating to SAG0671

CCAAGGAAATGATGCGTAACGATAATCTAGACTATGTGATTCTTGTTTCT  
 GCTAATCAGTGGACAGACATGAGTTTATGTGGTGGCAACAATTAACCTA  
 TGATAGTCAAAATGTTTGTGCGTTCTGATTATTGTTTCAGCACAAAGTCTCT  
 CTCGTCAAGCATTTGGATAATCTCTCTATAATATTAGGTAGTAAACAATTA  
 AAATATAGCCATAAAACATTACAGATGTGATGACTATTTTGTGCTGC  
 GCTTCAAAATTTATTATCAGACTTAGGACTAACCATAAAGATATCAAAG  
 GTTTGTTGGTAATGAGCGGAAGAGGCAGTTAGTTTCAAGATTATGATTTT  
 TTAGCGAACTTGTCTGAGTATTATAATATGCCAAACCTTGCTTCTGGTCA  
 GTTTGGATTTCATCTAATGGTGTGCTGGTGAAGAACTGGACTATATCTGTTA  
 ATGAAAGTATAGAAAAGGGCTATTATTTAGTCTCTATCTTATTCGATCTTC  
 GGTGGTATCTCTTTTGTCTATTATTGAAAAAAGG

PRETTY of: /biotmp/msa118688.2{\*} April 9, 2003 02:55 ..

msa118688.2{361_18RS21}	1	-----	ATGTTAGTGG	AATAGGAATT	ATTTCTTCTT	TGGGAAAGAA	50
msa118688.2{361_A909}	-----	ATGTTAGTGG	AATAGGAATT	ATTTCTTCTT	TGGGAAAGAA		
msa118688.2{361_COH1}	-----	ATGTTAGTGG	AATAGGAATT	ATTTCTTCTT	TGGGAAAGAA		
msa118688.2{361_H36B}	-----	ATGTTAGTGG	AATAGGAATT	ATTTCTTCTT	TGGGAAAGAA		
msa118688.2{361_JM9130013}	-----	ATGTTAGTGG	AATAGGAATT	ATTTCTTCTT	TGGGAAAGAA		
msa118688.2{361_M732}	-----	ATGTTAGTGG	AATAGGAATT	ATTTCTTCTT	TGGGAAAGAA		
msa118688.2{GBS361_2603}	atgagcgtat	ATGTTAGTGG	AATAGGAATT	ATTTCTTCTT	TGGGAAAGAA		
msa118688.2{361_090}	-----	ATGTTAGTGG	AATAGGAATT	ATTTCTTCTT	TGGGAAAGAA		
msa118688.2{361_1169NT}	-----	ATGTTAGTGG	AATAGGAATT	ATTTCTTCTT	TGGGAAAGAA		
msa118688.2{361_CJB110}	-----	ATGTTAGTGG	AATAGGAATT	ATTTCTTCTT	TGGGAAAGAA		
msa118688.2{361_M781}	-----	ATGTTAGTGG	AATAGGAATT	ATTTCTTCTT	TGGGAAAGAA		
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****	*****	

  

msa118688.2{361_18RS21}	51	TTATAGCGAG	CATAAACAGC	ATCTCTTCGA	CTTAAAAGAA	GGAATTTCTA	100
msa118688.2{361_A909}	-----	TTATAGCGAG	CATAAACAGC	ATCTCTTCGA	CTTAAAAGAA	GGAATTTCTA	
msa118688.2{361_COH1}	-----	TTATAGCGAG	CATAAACAGC	ATCTCTTCGA	CTTAAAAGAA	GGAATTTCTA	
msa118688.2{361_H36B}	-----	TTATAGCGAG	CATAAACAGC	ATCTCTTCGA	CTTAAAAGAA	GGAATTTCTA	
msa118688.2{361_JM9130013}	-----	TTATAGCGAG	CATAAACAGC	ATCTCTTCGA	CTTAAAAGAA	GGAATTTCTA	
msa118688.2{361_M732}	-----	TTATAGCGAG	CATAAACAGC	ATCTCTTCGA	CTTAAAAGAA	GGAATTTCTA	
msa118688.2{GBS361_2603}	-----	TTATAGCGAG	CATAAACAGC	ATCTCTTCGA	CTTAAAAGAA	GGAATTTCTA	
msa118688.2{361_090}	-----	TTATAGCGAG	CATAAACAGC	ATCTCTTCGA	CTTAAAAGAA	GGAATTTCTA	
msa118688.2{361_1169NT}	-----	TTATAGCGAG	CATAAACAGC	ATCTCTTCGA	CTTAAAAGAA	GGAATTTCTA	
msa118688.2{361_CJB110}	-----	TTATAGCGAG	CATAAACAGC	ATCTCTTCGA	CTTAAAAGAA	GGAATTTCTA	
msa118688.2{361_M781}	-----	TTATAGCGAG	CATAAACAGC	ATCTCTTCGA	CTTAAAAGAA	GGAATTTCTA	
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****	*****	

  

msa118688.2{361_18RS21}	101	AACATTTATA	TAAAAATCAC	GACTCTATTT	TAGAATCTTA	TACAGGAAGC	150
msa118688.2{361_A909}	-----	AACATTTATA	TAAAAATCAC	GACTCTATTT	TAGAATCTTA	TACAGGAAGC	
msa118688.2{361_COH1}	-----	AACATTTATA	TAAAAATCAC	GACTCTATTT	TAGAATCTTA	TACAGGAAGC	
msa118688.2{361_H36B}	-----	AACATTTATA	TAAAAATCAC	GACTCTATTT	TAGAATCTTA	TACAGGAAGC	
msa118688.2{361_JM9130013}	-----	AACATTTATA	TAAAAATCAC	GACTCTATTT	TAGAATCTTA	TACAGGAAGC	
msa118688.2{361_M732}	-----	AACATTTATA	TAAAAATCAC	GACTCTATTT	TAGAATCTTA	TACAGGAAGC	
msa118688.2{GBS361_2603}	-----	AACATTTATA	TAAAAATCAC	GACTCTATTT	TAGAATCTTA	TACAGGAAGC	
msa118688.2{361_090}	-----	AACATTTATA	TAAAAATCAC	GACTCTATTT	TAGAATCTTA	TACAGGAAGC	
msa118688.2{361_1169NT}	-----	AACATTTATA	TAAAAATCAC	GACTCTATTT	TAGAATCTTA	TACAGGAAGC	
msa118688.2{361_CJB110}	-----	AACATTTATA	TAAAAATCAC	GACTCTATTT	TAGAATCTTA	TACAGGAAGC	
msa118688.2{361_M781}	-----	AACATTTATA	TAAAAATCAC	GACTCTATTT	TAGAATCTTA	TACAGGAAGC	
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****	*****	

  

msa118688.2{361_18RS21}	151	ATAACTAGTG	ACCCAGAGGT	TCCTGAGCAA	TACAAAGATG	AGACACGTAA	200
msa118688.2{361_A909}	-----	ATAACTAGTG	ACCCAGAGGT	TCCTGAGCAA	TACAAAGATG	AGACACGTAA	
msa118688.2{361_COH1}	-----	ATAACTAGTG	ACCCAGAGGT	TCCTGAGCAA	TACAAAGATG	AGACACGTAA	
msa118688.2{361_H36B}	-----	ATAACTAGTG	ACCCAGAGGT	TCCTGAGCAA	TACAAAGATG	AGACACGTAA	
msa118688.2{361_JM9130013}	-----	ATAACTAGTG	ACCCAGAGGT	TCCTGAGCAA	TACAAAGATG	AGACACGTAA	
msa118688.2{361_M732}	-----	ATAACTAGTG	ACCCAGAGGT	TCCTGAGCAA	TACAAAGATG	AGACACGTAA	
msa118688.2{GBS361_2603}	-----	ATAACTAGTG	ACCCAGAGGT	TCCTGAGCAA	TACAAAGATG	AGACACGTAA	
msa118688.2{361_090}	-----	ATAACTAGTG	ACCCAGAGGT	TCCTGAGCAA	TACAAAGATG	AGACACGTAA	
msa118688.2{361_1169NT}	-----	ATAACTAGTG	ACCCAGAGGT	TCCTGAGCAA	TACAAAGATG	AGACACGTAA	
msa118688.2{361_CJB110}	-----	ATAACTAGTG	ACCCAGAGGT	TCCTGAGCAA	TACAAAGATG	AGACACGTAA	
msa118688.2{361_M781}	-----	ATAACTAGTG	ACCCAGAGGT	TCCTGAGCAA	TACAAAGATG	AGACACGTAA	
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****	*****	

  

msa118688.2{361_18RS21}	201	TTTTAAATTT	GCTTTTACCG	CTTTTGAAGA	GGCTCTTGCT	TCTTCAGGTG	250
msa118688.2{361_A909}	-----	TTTTAAATTT	GCTTTTACCG	CTTTTGAAGA	GGCTCTTGCT	TCTTCAGGTG	
msa118688.2{361_COH1}	-----	TTTTAAATTT	GCTTTTACCG	CTTTTGAAGA	GGCTCTTGCT	TCTTCAGGTG	
msa118688.2{361_H36B}	-----	TTTTAAATTT	GCTTTTACCG	CTTTTGAAGA	GGCTCTTGCT	TCTTCAGGTG	
msa118688.2{361_JM9130013}	-----	TTTTAAATTT	GCTTTTACCG	CTTTTGAAGA	GGCTCTTGCT	TCTTCAGGTG	
msa118688.2{361_M732}	-----	TTTTAAATTT	GCTTTTACCG	CTTTTGAAGA	GGCTCTTGCT	TCTTCAGGTG	
msa118688.2{GBS361_2603}	-----	TTTTAAATTT	GCTTTTACCG	CTTTTGAAGA	GGCTCTTGCT	TCTTCAGGTG	
msa118688.2{361_090}	-----	TTTTAAATTT	GCTTTTACCG	CTTTTGAAGA	GGCTCTTGCT	TCTTCAGGTG	
msa118688.2{361_1169NT}	-----	TTTTAAATTT	GCTTTTACCG	CTTTTGAAGA	GGCTCTTGCT	TCTTCAGGTG	
msa118688.2{361_CJB110}	-----	TTTTAAATTT	GCTTTTACCG	CTTTTGAAGA	GGCTCTTGCT	TCTTCAGGTG	
msa118688.2{361_M781}	-----	TTTTAAATTT	GCTTTTACCG	CTTTTGAAGA	GGCTCTTGCT	TCTTCAGGTG	
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****	*****	

Table 75: Comparative Sequences relating to SAG0671

msa118688.2{361_18RS21}	251	TTAATTTAAA	AGCTTATCAT	AATATTGCTG	TGTGTTTAGG	GACCTCACTT	300
		TTAATTTAAA	AGCTTATCAT	AATATTGCTG	TGTGTTTAGG	GACCTCACTT	
		TTAATTTAAA	AGCTTATCAT	AATATTGCTG	TGTGTTTAGG	GACCTCACTT	
		TTAATTTAAA	AGCTTATCAT	AATATTGCTG	TGTGTTTAGG	GACCTCACTT	
		TTAATTTAAA	AGCTTATCAT	AATATTGCTG	TGTGTTTAGG	GACCTCACTT	
		TTAATTTAAA	AGCTTATCAT	AATATTGCTG	TGTGTTTAGG	GACCTCACTT	
		TTAATTTAAA	AGCTTATCAT	AATATTGCTG	TGTGTTTAGG	GACCTCACTT	
		TTAATTTAAA	AGCTTATCAT	AATATTGCTG	TGTGTTTAGG	GACCTCACTT	
		TTAATTTAAA	AGCTTATCAT	AATATTGCTG	TGTGTTTAGG	GACCTCACTT	
		TTAATTTAAA	AGCTTATCAT	AATATTGCTG	TGTGTTTAGG	GACCTCACTT	
Consensus		*****	*****	*****	*****	*****	
msa118688.2{361_18RS21}	301	GGGGGAAAGA	GTGCTGGTCA	AAATGCCTTG	TATCAATTG	AAGAAGGAGA	350
		GGGGGAAAGA	GTGCTGGTCA	AAATGCCTTG	TATCAATTG	AAGAAGGAGA	
		GGGGGAAAGA	GTGCTGGTCA	AAATGCCTTG	TATCAATTG	AAGAAGGAGA	
		GGGGGAAAGA	GTGCTGGTCA	AAATGCCTTG	TATCAATTG	AAGAAGGAGA	
		GGGGGAAAGA	GTGCTGGTCA	AAATGCCTTG	TATCAATTG	AAGAAGGAGA	
		GGGGGAAAGA	GTGCTGGTCA	AAATGCCTTG	TATCAATTG	AAGAAGGAGA	
		GGGGGAAAGA	GTGCTGGTCA	AAATGCCTTG	TATCAATTG	AAGAAGGAGA	
		GGGGGAAAGA	GTGCTGGTCA	AAATGCCTTG	TATCAATTG	AAGAAGGAGA	
		GGGGGAAAGA	GTGCTGGTCA	AAATGCCTTG	TATCAATTG	AAGAAGGAGA	
		GGGGGAAAGA	GTGCTGGTCA	AAATGCCTTG	TATCAATTG	AAGAAGGAGA	
Consensus		*****	*****	*****	*****	*****	
msa118688.2{361_18RS21}	351	GCGTCAAGTA	GATGCTAGTT	TATTAGAAAA	AGCATCTGTT	TACCATATTG	400
		GCGTCAAGTA	GATGCTAGTT	TATTAGAAAA	AGCATCTGTT	TACCATATTG	
		GCGTCAAGTA	GATGCTAGTT	TATTAGAAAA	AGCATCTGTT	TACCATATTG	
		GCGTCAAGTA	GATGCTAGTT	TATTAGAAAA	AGCATCTGTT	TACCATATTG	
		GCGTCAAGTA	GATGCTAGTT	TATTAGAAAA	AGCATCTGTT	TACCATATTG	
		GCGTCAAGTA	GATGCTAGTT	TATTAGAAAA	AGCATCTGTT	TACCATATTG	
		GCGTCAAGTA	GATGCTAGTT	TATTAGAAAA	AGCATCTGTT	TACCATATTG	
		GCGTCAAGTA	GATGCTAGTT	TATTAGAAAA	AGCATCTGTT	TACCATATTG	
		GCGTCAAGTA	GATGCTAGTT	TATTAGAAAA	AGCATCTGTT	TACCATATTG	
		GCGTCAAGTA	GATGCTAGTT	TATTAGAAAA	AGCATCTGTT	TACCATATTG	
Consensus		*****	*****	*****	*****	*****	
msa118688.2{361_18RS21}	401	CTGATGAATT	GATGGCTTAT	CATGATATTG	TGGGAGCTTC	GTATGTTATT	450
		CTGATGAATT	GATGGCTTAT	CATGATATTG	TGGGAGCTTC	GTATGTTATT	
		CTGATGAATT	GATGGCTTAT	CATGATATTG	TGGGAGCTTC	GTATGTTATT	
		CTGATGAATT	GATGGCTTAT	CATGATATTG	TGGGAGCTTC	GTATGTTATT	
		CTGATGAATT	GATGGCTTAT	CATGATATTG	TGGGAGCTTC	GTATGTTATT	
		CTGATGAATT	GATGGCTTAT	CATGATATTG	TGGGAGCTTC	GTATGTTATT	
		CTGATGAATT	GATGGCTTAT	CATGATATTG	TGGGAGCTTC	GTATGTTATT	
		CTGATGAATT	GATGGCTTAT	CATGATATTG	TGGGAGCTTC	GTATGTTATT	
		CTGATGAATT	GATGGCTTAT	CATGATATTG	TGGGAGCTTC	GTATGTTATT	
		CTGATGAATT	GATGGCTTAT	CATGATATTG	TGGGAGCTTC	GTATGTTATT	
Consensus		*****	*****	*****	*****	*****	
msa118688.2{361_18RS21}	451	TCAACCGCCT	GTTCTGCAAG	TAATAATGCC	GTAATATTAG	GAACACAATT	500
		TCAACCGCCT	GTTCTGCAAG	TAATAATGCC	GTAATATTAG	GAACACAATT	
		TCAACCGCCT	GTTCTGCAAG	TAATAATGCC	GTAATATTAG	GAACACAATT	
		TCAACCGCCT	GTTCTGCAAG	TAATAATGCC	GTAATATTAG	GAACACAATT	
		TCAACCGCCT	GTTCTGCAAG	TAATAATGCC	GTAATATTAG	GAACACAATT	
		TCAACCGCCT	GTTCTGCAAG	TAATAATGCC	GTAATATTAG	GAACACAATT	
		TCAACCGCCT	GTTCTGCAAG	TAATAATGCC	GTAATATTAG	GAACACAATT	
		TCAACCGCCT	GTTCTGCAAG	TAATAATGCC	GTAATATTAG	GAACACAATT	
		TCAACCGCCT	GTTCTGCAAG	TAATAATGCC	GTAATATTAG	GAACACAATT	
		TCAACCGCCT	GTTCTGCAAG	TAATAATGCC	GTAATATTAG	GAACACAATT	
Consensus		*****	*****	*****	*****	*****	
msa118688.2{361_18RS21}	501	ACTTCAAGAT	GGCGATTGTG	ATTAGCTAT	TTGTGGTGGC	TGTGATGAGT	550
		ACTTCAAGAT	GGCGATTGTG	ATTAGCTAT	TTGTGGTGGC	TGTGATGAGT	
		ACTTCAAGAT	GGCGATTGTG	ATTAGCTAT	TTGTGGTGGC	TGTGATGAGT	
		ACTTCAAGAT	GGCGATTGTG	ATTAGCTAT	TTGTGGTGGC	TGTGATGAGT	
		ACTTCAAGAT	GGCGATTGTG	ATTAGCTAT	TTGTGGTGGC	TGTGATGAGT	
		ACTTCAAGAT	GGCGATTGTG	ATTAGCTAT	TTGTGGTGGC	TGTGATGAGT	
		ACTTCAAGAT	GGCGATTGTG	ATTAGCTAT	TTGTGGTGGC	TGTGATGAGT	
		ACTTCAAGAT	GGCGATTGTG	ATTAGCTAT	TTGTGGTGGC	TGTGATGAGT	
		ACTTCAAGAT	GGCGATTGTG	ATTAGCTAT	TTGTGGTGGC	TGTGATGAGT	
		ACTTCAAGAT	GGCGATTGTG	ATTAGCTAT	TTGTGGTGGC	TGTGATGAGT	
Consensus		*****	*****	*****	*****	*****	

Table 75: Comparative Sequences relating to SAG0671

Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
	551				600
msa118688.2{361_18RS21}	TAAAGTGATAT	TTCTTTAGCA	GGCTTCACAT	CACTAGGAGC	TATTAATACA
msa118688.2{361_A909}	TAAAGTGATAT	TTCTTTAGCA	GGCTTCACAT	CACTAGGAGC	TATTAATACA
msa118688.2{361_COH1}	TAAAGTGATAT	TTCTTTAGCA	GGCTTCACAT	CACTAGGAGC	TATTAATACA
msa118688.2{361_H36B}	TAAAGTGATAT	TTCTTTAGCA	GGCTTCACAT	CACTAGGAGC	TATTAATACA
msa118688.2{361_JM9130013}	TAAAGTGATAT	TTCTTTAGCA	GGCTTCACAT	CACTAGGAGC	TATTAATACA
msa118688.2{361_M732}	TAAAGTGATAT	TTCTTTAGCA	GGCTTCACAT	CACTAGGAGC	TATTAATACA
msa118688.2{GBS361_2603}	TAAAGTGATAT	TTCTTTAGCA	GGCTTCACAT	CACTAGGAGC	TATTAATACA
msa118688.2{361_090}	TAAAGTGATAT	TTCTTTAGCA	GGCTTCACAT	CACTAGGAGC	TATTAATACA
msa118688.2{361_1169NT}	TAAAGTGATAT	TTCTTTAGCA	GGCTTCACAT	CACTAGGAGC	TATTAATACA
msa118688.2{361_CJB110}	TAAAGTGATAT	TTCTTTAGCA	GGCTTCACAT	CACTAGGAGC	TATTAATACA
msa118688.2{361_M781}	TAAAGTGATAT	TTCTTTAGCA	GGCTTCACAT	CACTAGGAGC	TATTAATACA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
	601				650
msa118688.2{361_18RS21}	GAAATGGCAT	GTCAGCCCTA	TTCTTCTGGA	AAAGGAATCA	ATTTGGGTGA
msa118688.2{361_A909}	GAAATGGCAT	GTCAGCCCTA	TTCTTCTGGA	AAAGGAATCA	ATTTGGGTGA
msa118688.2{361_COH1}	GAAATGGCAT	GTCAGCCCTA	TTCTTCTGGA	AAAGGAATCA	ATTTGGGTGA
msa118688.2{361_H36B}	GAAATGGCAT	GTCAGCCCTA	TTCTTCTGGA	AAAGGAATCA	ATTTGGGTGA
msa118688.2{361_JM9130013}	GAAATGGCAT	GTCAGCCCTA	TTCTTCTGGA	AAAGGAATCA	ATTTGGGTGA
msa118688.2{361_M732}	GAAATGGCAT	GTCAGCCCTA	TTCTTCTGGA	AAAGGAATCA	ATTTGGGTGA
msa118688.2{GBS361_2603}	GAAATGGCAT	GTCAGCCCTA	TTCTTCTGGA	AAAGGAATCA	ATTTGGGTGA
msa118688.2{361_090}	GAAATGGCAT	GTCAGCCCTA	TTCTTCTGGA	AAAGGAATCA	ATTTGGGTGA
msa118688.2{361_1169NT}	GAAATGGCAT	GTCAGCCCTA	TTCTTCTGGA	AAAGGAATCA	ATTTGGGTGA
msa118688.2{361_CJB110}	GAAATGGCAT	GTCAGCCCTA	TTCTTCTGGA	AAAGGAATCA	ATTTGGGTGA
msa118688.2{361_M781}	GAAATGGCAT	GTCAGCCCTA	TTCTTCTGGA	AAAGGAATCA	ATTTGGGTGA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
	651				700
msa118688.2{361_18RS21}	GGGCGCTGGT	TTTGTGTGTC	TTGTCAAAGA	TCAGTCCTTA	GCTAAATATG
msa118688.2{361_A909}	GGGCGCTGGT	TTTGTGTGTC	TTGTCAAAGA	TCAGTCCTTA	GCTAAATATG
msa118688.2{361_COH1}	GGGCGCTGGT	TTTGTGTGTC	TTGTCAAAGA	TCAGTCCTTA	GCTAAATATG
msa118688.2{361_H36B}	GGGCGCTGGT	TTTGTGTGTC	TTGTCAAAGA	TCAGTCCTTA	GCTAAATATG
msa118688.2{361_JM9130013}	GGGCGCTGGT	TTTGTGTGTC	TTGTCAAAGA	TCAGTCCTTA	GCTAAATATG
msa118688.2{361_M732}	GGGCGCTGGT	TTTGTGTGTC	TTGTCAAAGA	TCAGTCCTTA	GCTAAATATG
msa118688.2{GBS361_2603}	GGGCGCTGGT	TTTGTGTGTC	TTGTCAAAGA	TCAGTCCTTA	GCTAAATATG
msa118688.2{361_090}	GGGCGCTGGT	TTTGTGTGTC	TTGTCAAAGA	TCAGTCCTTA	GCTAAATATG
msa118688.2{361_1169NT}	GGGCGCTGGT	TTTGTGTGTC	TTGTCAAAGA	TCAGTCCTTA	GCTAAATATG
msa118688.2{361_CJB110}	GGGCGCTGGT	TTTGTGTGTC	TTGTCAAAGA	TCAGTCCTTA	GCTAAATATG
msa118688.2{361_M781}	GGGCGCTGGT	TTTGTGTGTC	TTGTCAAAGA	TCAGTCCTTA	GCTAAATATG
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
	701				750
msa118688.2{361_18RS21}	GAAAAATTAT	CGGTGGTCTT	ATTACTTCAG	ATGGTTATCA	TATAACAGCA
msa118688.2{361_A909}	GAAAAATTAT	CGGTGGTCTT	ATTACTTCAG	ATGGTTATCA	TATAACAGCA
msa118688.2{361_COH1}	GAAAAATTAT	CGGTGGTCTT	ATTACTTCAG	ATGGTTATCA	TATAACAGCA
msa118688.2{361_H36B}	GAAAAATTAT	CGGTGGTCTT	ATTACTTCAG	ATGGTTATCA	TATAACAGCA
msa118688.2{361_JM9130013}	GAAAAATTAT	CGGTGGTCTT	ATTACTTCAG	ATGGTTATCA	TATAACAGCA
msa118688.2{361_M732}	GAAAAATTAT	CGGTGGTCTT	ATTACTTCAG	ATGGTTATCA	TATAACAGCA
msa118688.2{GBS361_2603}	GAAAAATTAT	CGGTGGTCTT	ATTACTTCAG	ATGGTTATCA	TATAACAGCA
msa118688.2{361_090}	GAAAAATTAT	CGGTGGTCTT	ATTACTTCAG	ATGGTTATCA	TATAACAGCA
msa118688.2{361_1169NT}	GAAAAATTAT	CGGTGGTCTT	ATTACTTCAG	ATGGTTATCA	TATAACAGCA
msa118688.2{361_CJB110}	GAAAAATTAT	CGGTGGTCTT	ATTACTTCAG	ATGGTTATCA	TATAACAGCA
msa118688.2{361_M781}	GAAAAATTAT	CGGTGGTCTT	ATTACTTCAG	ATGGTTATCA	TATAACAGCA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
	751				800
msa118688.2{361_18RS21}	CCTAAGCCAA	CAGGTGAAGG	GGCGGCACAG	ATTGCAAAGC	AGCTAGTGAC
msa118688.2{361_A909}	CCTAAGCCAA	CAGGTGAAGG	GGCGGCACAG	ATTGCAAAGC	AGCTAGTGAC
msa118688.2{361_COH1}	CCTAAGCCAA	CAGGTGAAGG	GGCGGCACAG	ATTGCAAAGC	AGCTAGTGAC
msa118688.2{361_H36B}	CCTAAGCCAA	CAGGTGAAGG	GGCGGCACAG	ATTGCAAAGC	AGCTAGTGAC
msa118688.2{361_JM9130013}	CCTAAGCCAA	CAGGTGAAGG	GGCGGCACAG	ATTGCAAAGC	AGCTAGTGAC
msa118688.2{361_M732}	CCTAAGCCAA	CAGGTGAAGG	GGCGGCACAG	ATTGCAAAGC	AGCTAGTGAC
msa118688.2{GBS361_2603}	CCTAAGCCAA	CAGGTGAAGG	GGCGGCACAG	ATTGCAAAGC	AGCTAGTGAC
msa118688.2{361_090}	CCTAAGCCAA	CAGGTGAAGG	GGCGGCACAG	ATTGCAAAGC	AGCTAGTGAC
msa118688.2{361_1169NT}	CCTAAGCCAA	CAGGTGAAGG	GGCGGCACAG	ATTGCAAAGC	AGCTAGTGAC
msa118688.2{361_CJB110}	CCTAAGCCAA	CAGGTGAAGG	GGCGGCACAG	ATTGCAAAGC	AGCTAGTGAC
msa118688.2{361_M781}	CCTAAGCCAA	CAGGTGAAGG	GGCGGCACAG	ATTGCAAAGC	AGCTAGTGAC
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
	801				850
msa118688.2{361_18RS21}	TCAAGCAGGT	ATTGACTACA	GTGAGATTGA	CTATATTAAc	GGTCACGGTA
msa118688.2{361_A909}	TCAAGCAGGT	ATTGACTACA	GTGAGATTGA	CTATATTAAc	GGTCACGGTA
msa118688.2{361_COH1}	TCAAGCAGGT	ATTGACTACA	GTGAGATTGA	CTATATTAAc	GGTCACGGTA
msa118688.2{361_H36B}	TCAAGCAGGT	ATTGACTACA	GTGAGATTGA	CTATATTAAc	GGTCACGGTA
msa118688.2{361_JM9130013}	TCAAGCAGGT	ATTGACTACA	GTGAGATTGA	CTATATTAAc	GGTCACGGTA
msa118688.2{361_M732}	TCAAGCAGGT	ATTGACTACA	GTGAGATTGA	CTATATTAAc	GGTCACGGTA
msa118688.2{GBS361_2603}	TCAAGCAGGT	ATTGACTACA	GTGAGATTGA	CTATATTAAc	GGTCACGGTA
msa118688.2{361_090}	TCAAGCAGGT	ATTGACTACA	GTGAGATTGA	CTATATTAAc	GGTCACGGTA
msa118688.2{361_1169NT}	TCAAGCAGGT	ATTGACTACA	GTGAGATTGA	CTATATTAAc	GGTCACGGTA
msa118688.2{361_CJB110}	TCAAGCAGGT	ATTGACTACA	GTGAGATTGA	CTATATTAAc	GGTCACGGTA

Table 75: Comparative Sequences relating to SAG0671

msa118688.2{361_M781}	TCAGCAGGT	ATTGACTACA	GTGAGATTGA	CTATATTAA	GGTCACGGTA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
851					
msa118688.2{361_18RS21}	CAGGTACTCA	AGCTAATGAT	AAAATGGAAA	AAAATATGTA	TGGTAAGTTT
msa118688.2{361_A909}	CAGGTACTCA	AGCTAATGAT	AAAATGGAAA	AAAATATGTA	TGGTAAGTTT
msa118688.2{361_COH1}	CAGGTACTCA	AGCTAATGAT	AAAATGGAAA	AAAATATGTA	TGGTAAGTTT
msa118688.2{361_H36B}	CAGGTACTCA	AGCTAATGAT	AAAATGGAAA	AAAATATGTA	TGGTAAGTTT
msa118688.2{361_JM9130013}	CAGGTACTCA	AGCTAATGAT	AAAATGGAAA	AAAATATGTA	TGGTAAGTTT
msa118688.2{361_M732}	CAGGTACTCA	AGCTAATGAT	AAAATGGAAA	AAAATATGTA	TGGTAAGTTT
msa118688.2{GBS361_2603}	CAGGTACTCA	AGCTAATGAT	AAAATGGAAA	AAAATATGTA	TGGTAAGTTT
msa118688.2{361_090}	CAGGTACTCA	AGCTAATGAT	AAAATGGAAA	AAAATATGTA	TGGTAAGTTT
msa118688.2{361_1169NT}	CAGGTACTCA	AGCTAATGAT	AAAATGGAAA	AAAATATGTA	TGGTAAGTTT
msa118688.2{361_CJB110}	CAGGTACTCA	AGCTAATGAT	AAAATGGAAA	AAAATATGTA	TGGTAAGTTT
msa118688.2{361_M781}	CAGGTACTCA	AGCTAATGAT	AAAATGGAAA	AAAATATGTA	TGGTAAGTTT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
901					
msa118688.2{361_18RS21}	TTCCCGACAA	CGACATTGAT	CAGCAGTACC	AAGGGGCAAA	CGGGTCATAC
msa118688.2{361_A909}	TTCCCGACAA	CGACATTGAT	CAGCAGTACC	AAGGGGCAAA	CGGGTCATAC
msa118688.2{361_COH1}	TTCCCGACAA	CGACATTGAT	CAGCAGTACC	AAGGGGCAAA	CGGGTCATAC
msa118688.2{361_H36B}	TTCCCGACAA	CGACATTGAT	CAGCAGTACC	AAGGGGCAAA	CGGGTCATAC
msa118688.2{361_JM9130013}	TTCCCGACAA	CGACATTGAT	CAGCAGTACC	AAGGGGCAAA	CGGGTCATAC
msa118688.2{361_M732}	TTCCCGACAA	CGACATTGAT	CAGCAGTACC	AAGGGGCAAA	CGGGTCATAC
msa118688.2{GBS361_2603}	TTCCCGACAA	CGACATTGAT	CAGCAGTACC	AAGGGGCAAA	CGGGTCATAC
msa118688.2{361_090}	TTCCCGACAA	CGACATTGAT	CAGCAGTACC	AAGGGGCAAA	CGGGTCATAC
msa118688.2{361_1169NT}	TTCCCGACAA	CGACATTGAT	CAGCAGTACC	AAGGGGCAAA	CGGGTCATAC
msa118688.2{361_CJB110}	TTCCCGACAA	CGACATTGAT	CAGCAGTACC	AAGGGGCAAA	CGGGTCATAC
msa118688.2{361_M781}	TTCCCGACAA	CGACATTGAT	CAGCAGTACC	AAGGGGCAAA	CGGGTCATAC
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
951					
msa118688.2{361_18RS21}	TCTAGGGGCT	GCAGGTATTA	TCGAATTGAT	TAATTGTTTA	GCGGCAATAG
msa118688.2{361_A909}	TCTAGGGGCT	GCAGGTATTA	TCGAATTGAT	TAATTGTTTA	GCGGCAATAG
msa118688.2{361_COH1}	TCTAGGGGCT	GCAGGTATTA	TCGAATTGAT	TAATTGTTTA	GCGGCAATAG
msa118688.2{361_H36B}	TCTAGGGGCT	GCAGGTATTA	TCGAATTGAT	TAATTGTTTA	GCGGCAATAG
msa118688.2{361_JM9130013}	TCTAGGGGCT	GCAGGTATTA	TCGAATTGAT	TAATTGTTTA	GCGGCAATAG
msa118688.2{361_M732}	TCTAGGGGCT	GCAGGTATTA	TCGAATTGAT	TAATTGTTTA	GCGGCAATAG
msa118688.2{GBS361_2603}	TCTAGGGGCT	GCAGGTATTA	TCGAATTGAT	TAATTGTTTA	GCGGCAATAG
msa118688.2{361_090}	TCTAGGGGCT	GCAGGTATTA	TCGAATTGAT	TAATTGTTTA	GCGGCAATAG
msa118688.2{361_1169NT}	TCTAGGGGCT	GCAGGTATTA	TCGAATTGAT	TAATTGTTTA	GCGGCAATAG
msa118688.2{361_CJB110}	TCTAGGGGCT	GCAGGTATTA	TCGAATTGAT	TAATTGTTTA	GCGGCAATAG
msa118688.2{361_M781}	TCTAGGGGCT	GCAGGTATTA	TCGAATTGAT	TAATTGTTTA	GCGGCAATAG
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
1001					
msa118688.2{361_18RS21}	AGGAACAGAC	TGTACCAGCA	ACTAAAAATG	AGATTGGGAT	AGAAGGTTTT
msa118688.2{361_A909}	AGGAACAGAC	TGTACCAGCA	ACTAAAAATG	AGATTGGGAT	AGAAGGTTTT
msa118688.2{361_COH1}	AGGAACAGAC	TGTACCAGCA	ACTAAAAATG	AGATTGGGAT	AGAAGGTTTT
msa118688.2{361_H36B}	AGGAACAGAC	TGTACCAGCA	ACTAAAAATG	AGATTGGGAT	AGAAGGTTTT
msa118688.2{361_JM9130013}	AGGAACAGAC	TGTACCAGCA	ACTAAAAATG	AGATTGGGAT	AGAAGGTTTT
msa118688.2{361_M732}	AGGAACAGAC	TGTACCAGCA	ACTAAAAATG	AGATTGGGAT	AGAAGGTTTT
msa118688.2{GBS361_2603}	AGGAACAGAC	TGTACCAGCA	ACTAAAAATG	AGATTGGGAT	AGAAGGTTTT
msa118688.2{361_090}	AGGAACAGAC	TGTACCAGCA	ACTAAAAATG	AGATTGGGAT	AGAAGGTTTT
msa118688.2{361_1169NT}	AGGAACAGAC	TGTACCAGCA	ACTAAAAATG	AGATTGGGAT	AGAAGGTTTT
msa118688.2{361_CJB110}	AGGAACAGAC	TGTACCAGCA	ACTAAAAATG	AGATTGGGAT	AGAAGGTTTT
msa118688.2{361_M781}	AGGAACAGAC	TGTACCAGCA	ACTAAAAATG	AGATTGGGAT	AGAAGGTTTT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
1051					
msa118688.2{361_18RS21}	CCAGAAAATT	TTGTCTATCA	TCAAAGAGAG	GAATACCCAA	TAAGAAATGC
msa118688.2{361_A909}	CCAGAAAATT	TTGTCTATCA	TCAAAGAGAG	GAATACCCAA	TAAGAAATGC
msa118688.2{361_COH1}	CCAGAAAATT	TTGTCTATCA	TCAAAGAGAG	GAATACCCAA	TAAGAAATGC
msa118688.2{361_H36B}	CCAGAAAATT	TTGTCTATCA	TCAAAGAGAG	GAATACCCAA	TAAGAAATGC
msa118688.2{361_JM9130013}	CCAGAAAATT	TTGTCTATCA	TCAAAGAGAG	GAATACCCAA	TAAGAAATGC
msa118688.2{361_M732}	CCAGAAAATT	TTGTCTATCA	TCAAAGAGAG	GAATACCCAA	TAAGAAATGC
msa118688.2{GBS361_2603}	CCAGAAAATT	TTGTCTATCA	TCAAAGAGAG	GAATACCCAA	TAAGAAATGC
msa118688.2{361_090}	CCAGAAAATT	TTGTCTATCA	TCAAAGAGAG	GAATACCCAA	TAAGAAATGC
msa118688.2{361_1169NT}	CCAGAAAATT	TTGTCTATCA	TCAAAGAGAG	GAATACCCAA	TAAGAAATGC
msa118688.2{361_CJB110}	CCAGAAAATT	TTGTCTATCA	TCAAAGAGAG	GAATACCCAA	TAAGAAATGC
msa118688.2{361_M781}	CCAGAAAATT	TTGTCTATCA	TCAAAGAGAG	GAATACCCAA	TAAGAAATGC
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
1101					
msa118688.2{361_18RS21}	TTTAAATTTT	TCGTTTGCTT	TTGGTGGAAA	TAATAGTGGT	GTCTTATTGT
msa118688.2{361_A909}	TTTAAATTTT	TCGTTTGCTT	TTGGTGGAAA	TAATAGTGGT	GTCTTATTGT
msa118688.2{361_COH1}	TTTAAATTTT	TCGTTTGCTT	TTGGTGGAAA	TAATAGTGGT	GTCTTATTGT
msa118688.2{361_H36B}	TTTAAATTTT	TCGTTTGCTT	TTGGTGGAAA	TAATAGTGGT	GTCTTATTGT
msa118688.2{361_JM9130013}	TTTAAATTTT	TCGTTTGCTT	TTGGTGGAAA	TAATAGTGGT	GTCTTATTGT
msa118688.2{361_M732}	TTTAAATTTT	TCGTTTGCTT	TTGGTGGAAA	TAATAGTGGT	GTCTTATTGT
msa118688.2{GBS361_2603}	TTTAAATTTT	TCGTTTGCTT	TTGGTGGAAA	TAATAGTGGT	GTCTTATTGT
msa118688.2{361_090}	TTTAAATTTT	TCGTTTGCTT	TTGGTGGAAA	TAATAGTGGT	GTCTTATTGT
msa118688.2{361_1169NT}	TTTAAATTTT	TCGTTTGCTT	TTGGTGGAAA	TAATAGTGGT	GTCTTATTGT

Table 75: Comparative Sequences relating to SAG0671

msa118688.2{361_CJB110}	TTTAAATTTT	TCGTTTGCTT	TTGGTGGAAA	TAATAGTGGT	aTCTTATTGT
msa118688.2{361_M781}	TTTAAATTTT	TCGTTTGCTT	TTGGTGGAAA	TAATAGTGGT	aTCTTATTGT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa118688.2{361_18RS21}	1151				1200
msa118688.2{361_A909}	CATCITTAGA	TTCACCTCTA	GAAACATTAC	CTGCTAGAGA	AAATCTTAAA
msa118688.2{361_COH1}	CATCITTAGA	TTCACCTCTA	GAAACATTAC	CTGCTAGAGA	AAATCTTAAA
msa118688.2{361_H36B}	CATCITTAGA	TTCACCTCTA	GAAACATTAC	CTGCTAGAGA	AAATCTTAAA
msa118688.2{361_JM9130013}	CATCITTAGA	TTCACCTCTA	GAAACATTAC	CTGCTAGAGA	AAATCTTAAA
msa118688.2{361_M732}	CATCITTAGA	TTCACCTCTA	GAAACATTAC	CTGCTAGAGA	AAATCTTAAA
msa118688.2{GBS361_2603}	CATCITTAGA	TTCACCTCTA	GAAACATTAC	CTGCTAGAGA	AAATCTTAAA
msa118688.2{361_090}	CATCITTAGA	TTCACCTCTA	GAAACATTAC	CTGCTAGAGA	AAATCTTAAA
msa118688.2{361_1169NT}	CATCITTAGA	TTCACCTCTA	GAAACATTAC	CTGCTAGAGA	AAATCTTAAA
msa118688.2{361_CJB110}	CATCITTAGA	TTCACCTCTA	GAAACATTAC	CTGCTAGAGA	AAATCTTAAA
msa118688.2{361_M781}	CATCITTAGA	TTCACCTCTA	GAAACATTAC	CTGCTAGAGA	AAATCTTAAA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa118688.2{361_18RS21}	1201				1250
msa118688.2{361_A909}	ATGGCTATCT	TATCATCTGT	TGCTTCCATT	TCTAAGAATG	AATCACTTTC
msa118688.2{361_COH1}	ATGGCTATCT	TATCATCTGT	TGCTTCCATT	TCTAAGAATG	AATCACTTTC
msa118688.2{361_H36B}	ATGGCTATCT	TATCATCTGT	TGCTTCCATT	TCTAAGAATG	AATCACTTTC
msa118688.2{361_JM9130013}	ATGGCTATCT	TATCATCTGT	TGCTTCCATT	TCTAAGAATG	AATCACTTTC
msa118688.2{361_M732}	ATGGCTATCT	TATCATCTGT	TGCTTCCATT	TCTAAGAATG	AATCACTTTC
msa118688.2{GBS361_2603}	ATGGCTATCT	TATCATCTGT	TGCTTCCATT	TCTAAGAATG	AATCACTTTC
msa118688.2{361_090}	ATGGCTATCT	TATCATCTGT	TGCTTCCATT	TCTAAGAATG	AATCACTTTC
msa118688.2{361_1169NT}	ATGGCTATCT	TATCATCTGT	TGCTTCCATT	TCTAAGAATG	AATCACTTTC
msa118688.2{361_CJB110}	ATGGCTATCT	TATCATCTGT	TGCTTCCATT	TCTAAGAATG	AATCACTTTC
msa118688.2{361_M781}	ATGGCTATCT	TATCATCTGT	TGCTTCCATT	TCTAAGAATG	AATCACTTTC
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa118688.2{361_18RS21}	1251				1300
msa118688.2{361_A909}	TATAACCTAT	GAAAAAGTTG	CTAGTAATTT	CAACGACTTT	GAAGCATTAC
msa118688.2{361_COH1}	TATAACCTAT	GAAAAAGTTG	CTAGTAATTT	CAACGACTTT	GAAGCATTAC
msa118688.2{361_H36B}	TATAACCTAT	GAAAAAGTTG	CTAGTAATTT	CAACGACTTT	GAAGCATTAC
msa118688.2{361_JM9130013}	TATAACCTAT	GAAAAAGTTG	CTAGTAATTT	CAACGACTTT	GAAGCATTAC
msa118688.2{361_M732}	TATAACCTAT	GAAAAAGTTG	CTAGTAATTT	CAACGACTTT	GAAGCATTAC
msa118688.2{GBS361_2603}	TATAACCTAT	GAAAAAGTTG	CTAGTAATTT	CAACGACTTT	GAAGCATTAC
msa118688.2{361_090}	TATAACCTAT	GAAAAAGTTG	CTAGTAATTT	CAACGACTTT	GAAGCATTAC
msa118688.2{361_1169NT}	TATAACCTAT	GAAAAAGTTG	CTAGTAATTT	CAACGACTTT	GAAGCATTAC
msa118688.2{361_CJB110}	TATAACCTAT	GAAAAAGTTG	CTAGTAATTT	CAACGACTTT	GAAGCATTAC
msa118688.2{361_M781}	TATAACCTAT	GAAAAAGTTG	CTAGTAATTT	CAACGACTTT	GAAGCATTAC
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa118688.2{361_18RS21}	1301				1350
msa118688.2{361_A909}	GCTTTAAAGG	GGCTAGACCA	CCCAAAACTG	TCAACCCAGC	ACAATTTAGG
msa118688.2{361_COH1}	GCTTTAAAGG	GGCTAGACCA	CCCAAAACTG	TCAACCCAGC	ACAATTTAGG
msa118688.2{361_H36B}	GCTTTAAAGG	GGCTAGACCA	CCCAAAACTG	TCAACCCAGC	ACAATTTAGG
msa118688.2{361_JM9130013}	GCTTTAAAGG	GGCTAGACCA	CCCAAAACTG	TCAACCCAGC	ACAATTTAGG
msa118688.2{361_M732}	GCTTTAAAGG	GGCTAGACCA	CCCAAAACTG	TCAACCCAGC	ACAATTTAGG
msa118688.2{GBS361_2603}	GCTTTAAAGG	GGCTAGACCA	CCCAAAACTG	TCAACCCAGC	ACAATTTAGG
msa118688.2{361_090}	GCTTTAAAGG	GGCTAGACCA	CCCAAAACTG	TCAACCCAGC	ACAATTTAGG
msa118688.2{361_1169NT}	GCTTTAAAGG	GGCTAGACCA	CCCAAAACTG	TCAACCCAGC	ACAATTTAGG
msa118688.2{361_CJB110}	GCTTTAAAGG	GGCTAGACCA	CCCAAAACTG	TCAACCCAGC	ACAATTTAGG
msa118688.2{361_M781}	GCTTTAAAGG	GGCTAGACCA	CCCAAAACTG	TCAACCCAGC	ACAATTTAGG
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa118688.2{361_18RS21}	1351				1400
msa118688.2{361_A909}	AAAATGGATG	ATTTTTCCTA	AATGGTTGCC	GTAACAACAG	CTCAAGCACT
msa118688.2{361_COH1}	AAAATGGATG	ATTTTTCCTA	AATGGTTGCC	GTAACAACAG	CTCAAGCACT
msa118688.2{361_H36B}	AAAATGGATG	ATTTTTCCTA	AATGGTTGCC	GTAACAACAG	CTCAAGCACT
msa118688.2{361_JM9130013}	AAAATGGATG	ATTTTTCCTA	AATGGTTGCC	GTAACAACAG	CTCAAGCACT
msa118688.2{361_M732}	AAAATGGATG	ATTTTTCCTA	AATGGTTGCC	GTAACAACAG	CTCAAGCACT
msa118688.2{GBS361_2603}	AAAATGGATG	ATTTTTCCTA	AATGGTTGCC	GTAACAACAG	CTCAAGCACT
msa118688.2{361_090}	AAAATGGATG	ATTTTTCCTA	AATGGTTGCC	GTAACAACAG	CTCAAGCACT
msa118688.2{361_1169NT}	AAAATGGATG	ATTTTTCCTA	AATGGTTGCC	GTAACAACAG	CTCAAGCACT
msa118688.2{361_CJB110}	AAAATGGATG	ATTTTTCCTA	AATGGTTGCC	GTAACAACAG	CTCAAGCACT
msa118688.2{361_M781}	AAAATGGATG	ATTTTTCCTA	AATGGTTGCC	GTAACAACAG	CTCAAGCACT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa118688.2{361_18RS21}	1401				1450
msa118688.2{361_A909}	AATAGAAAGC	AATATTAATC	TAAAAAACA	AGATACTTCA	AAAGTAGGAA
msa118688.2{361_COH1}	AATAGAAAGC	AATATTAATC	TAAAAAACA	AGATACTTCA	AAAGTAGGAA
msa118688.2{361_H36B}	AATAGAAAGC	AATATTAATC	TAAAAAACA	AGATACTTCA	AAAGTAGGAA
msa118688.2{361_JM9130013}	AATAGAAAGC	AATATTAATC	TAAAAAACA	AGATACTTCA	AAAGTAGGAA
msa118688.2{361_M732}	AATAGAAAGC	AATATTAATC	TAAAAAACA	AGATACTTCA	AAAGTAGGAA
msa118688.2{GBS361_2603}	AATAGAAAGC	AATATTAATC	TAAAAAACA	AGATACTTCA	AAAGTAGGAA
msa118688.2{361_090}	AATAGAAAGC	AATATTAATC	TAAAAAACA	AGATACTTCA	AAAGTAGGAA

Table 75: Comparative Sequences relating to SAG0671

msa118688.2{361_1169NT}	AATAGAAAGC	AATATTAATC	TAAAAAAACA	AGATACTTCA	AAAGTAGGAA		
msa118688.2{361_CJB110}	AATAGAAAGC	AATATTAATC	TAAAAAAACA	AGATACTTCA	AAAGTAGGAA		
msa118688.2{361_M781}	AATAGAAAGC	AATATTAATC	TAAAAAAACA	AGATACTTCA	AAAGTAGGAA		
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****		
msa118688.2{361_18RS21}	1451	TTGTATTTC	AACACTTTCT	GGACCAGTTG	AGGTTGTTGA	AGGTATTGAA	1500
msa118688.2{361_A909}	TTGTATTTC	AACACTTTCT	GGACCAGTTG	AGGTTGTTGA	AGGTATTGAA		
msa118688.2{361_COH1}	TTGTATTTC	AACACTTTCT	GGACCAGTTG	AGGTTGTTGA	AGGTATTGAA		
msa118688.2{361_H36B}	TTGTATTTC	AACACTTTCT	GGACCAGTTG	AGGTTGTTGA	AGGTATTGAA		
msa118688.2{361_JM9130013}	TTGTATTTC	AACACTTTCT	GGACCAGTTG	AGGTTGTTGA	AGGTATTGAA		
msa118688.2{361_M732}	TTGTATTTC	AACACTTTCT	GGACCAGTTG	AGGTTGTTGA	AGGTATTGAA		
msa118688.2{GBS361_2603}	TTGTATTTC	AACACTTTCT	GGACCAGTTG	AGGTTGTTGA	AGGTATTGAA		
msa118688.2{361_090}	TTGTATTTC	AACACTTTCT	GGACCAGTTG	AGGTTGTTGA	AGGTATTGAA		
msa118688.2{361_1169NT}	TTGTATTTC	AACACTTTCT	GGACCAGTTG	AGGTTGTTGA	AGGTATTGAA		
msa118688.2{361_CJB110}	TTGTATTTC	AACACTTTCT	GGACCAGTTG	AGGTTGTTGA	AGGTATTGAA		
msa118688.2{361_M781}	TTGTATTTC	AACACTTTCT	GGACCAGTTG	AGGTTGTTGA	AGGTATTGAA		
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****		
msa118688.2{361_18RS21}	1501	AAGCAAATCA	CAACAGAAGG	ATATGCACAT	GTTTCGCTT	CACGATTCCC	1550
msa118688.2{361_A909}	AAGCAAATCA	CAACAGAAGG	ATATGCACAT	GTTTCGCTT	CACGATTCCC		
msa118688.2{361_COH1}	AAGCAAATCA	CAACAGAAGG	ATATGCACAT	GTTTCGCTT	CACGATTCCC		
msa118688.2{361_H36B}	AAGCAAATCA	CAACAGAAGG	ATATGCACAT	GTTTCGCTT	CACGATTCCC		
msa118688.2{361_JM9130013}	AAGCAAATCA	CAACAGAAGG	ATATGCACAT	GTTTCGCTT	CACGATTCCC		
msa118688.2{361_M732}	AAGCAAATCA	CAACAGAAGG	ATATGCACAT	GTTTCGCTT	CACGATTCCC		
msa118688.2{GBS361_2603}	AAGCAAATCA	CAACAGAAGG	ATATGCACAT	GTTTCGCTT	CACGATTCCC		
msa118688.2{361_090}	AAGCAAATCA	CAACAGAAGG	ATATGCACAT	GTTTCGCTT	CACGATTCCC		
msa118688.2{361_1169NT}	AAGCAAATCA	CAACAGAAGG	ATATGCACAT	GTTTCGCTT	CACGATTCCC		
msa118688.2{361_CJB110}	AAGCAAATCA	CAACAGAAGG	ATATGCACAT	GTTTCGCTT	CACGATTCCC		
msa118688.2{361_M781}	AAGCAAATCA	CAACAGAAGG	ATATGCACAT	GTTTCGCTT	CACGATTCCC		
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****		
msa118688.2{361_18RS21}	1551	GTTTACAGTA	ATGAATGCAG	CAGCTGGTAT	GCTTCTATC	ATTTTAAAA	1600
msa118688.2{361_A909}	GTTTACAGTA	ATGAATGCAG	CAGCTGGTAT	GCTTCTATC	ATTTTAAAA		
msa118688.2{361_COH1}	GTTTACAGTA	ATGAATGCAG	CAGCTGGTAT	GCTTCTATC	ATTTTAAAA		
msa118688.2{361_H36B}	GTTTACAGTA	ATGAATGCAG	CAGCTGGTAT	GCTTCTATC	ATTTTAAAA		
msa118688.2{361_JM9130013}	GTTTACAGTA	ATGAATGCAG	CAGCTGGTAT	GCTTCTATC	ATTTTAAAA		
msa118688.2{361_M732}	GTTTACAGTA	ATGAATGCAG	CAGCTGGTAT	GCTTCTATC	ATTTTAAAA		
msa118688.2{GBS361_2603}	GTTTACAGTA	ATGAATGCAG	CAGCTGGTAT	GCTTCTATC	ATTTTAAAA		
msa118688.2{361_090}	GTTTACAGTA	ATGAATGCAG	CAGCTGGTAT	GCTTCTATC	ATTTTAAAA		
msa118688.2{361_1169NT}	GTTTACAGTA	ATGAATGCAG	CAGCTGGTAT	GCTTCTATC	ATTTTAAAA		
msa118688.2{361_CJB110}	GTTTACAGTA	ATGAATGCAG	CAGCTGGTAT	GCTTCTATC	ATTTTAAAA		
msa118688.2{361_M781}	GTTTACAGTA	ATGAATGCAG	CAGCTGGTAT	GCTTCTATC	ATTTTAAAA		
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****		
msa118688.2{361_18RS21}	1601	TAACAGGTCC	TTTATCTGTC	ATTTGACAA	ATAGTGGAGC	GCTTGATGGT	1650
msa118688.2{361_A909}	TAACAGGTCC	TTTATCTGTC	ATTTGACAA	ATAGTGGAGC	GCTTGATGGT		
msa118688.2{361_COH1}	TAACAGGTCC	TTTATCTGTC	ATTTGACAA	ATAGTGGAGC	GCTTGATGGT		
msa118688.2{361_H36B}	TAACAGGTCC	TTTATCTGTC	ATTTGACAA	ATAGTGGAGC	GCTTGATGGT		
msa118688.2{361_JM9130013}	TAACAGGTCC	TTTATCTGTC	ATTTGACAA	ATAGTGGAGC	GCTTGATGGT		
msa118688.2{361_M732}	TAACAGGTCC	TTTATCTGTC	ATTTGACAA	ATAGTGGAGC	GCTTGATGGT		
msa118688.2{GBS361_2603}	TAACAGGTCC	TTTATCTGTC	ATTTGACAA	ATAGTGGAGC	GCTTGATGGT		
msa118688.2{361_090}	TAACAGGTCC	TTTATCTGTC	ATTTGACAA	ATAGTGGAGC	GCTTGATGGT		
msa118688.2{361_1169NT}	TAACAGGTCC	TTTATCTGTC	ATTTGACAA	ATAGTGGAGC	GCTTGATGGT		
msa118688.2{361_CJB110}	TAACAGGTCC	TTTATCTGTC	ATTTGACAA	ATAGTGGAGC	GCTTGATGGT		
msa118688.2{361_M781}	TAACAGGTCC	TTTATCTGTC	ATTTGACAA	ATAGTGGAGC	GCTTGATGGT		
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****		
msa118688.2{361_18RS21}	1651	ATACAATATG	CCAAGGAAAT	GATGCGTAAC	GATAATCTAG	ACTATGTGAT	1700
msa118688.2{361_A909}	ATACAATATG	CCAAGGAAAT	GATGCGTAAC	GATAATCTAG	ACTATGTGAT		
msa118688.2{361_COH1}	ATACAATATG	CCAAGGAAAT	GATGCGTAAC	GATAATCTAG	ACTATGTGAT		
msa118688.2{361_H36B}	ATACAATATG	CCAAGGAAAT	GATGCGTAAC	GATAATCTAG	ACTATGTGAT		
msa118688.2{361_JM9130013}	ATACAATATG	CCAAGGAAAT	GATGCGTAAC	GATAATCTAG	ACTATGTGAT		
msa118688.2{361_M732}	ATACAATATG	CCAAGGAAAT	GATGCGTAAC	GATAATCTAG	ACTATGTGAT		
msa118688.2{GBS361_2603}	ATACAATATG	CCAAGGAAAT	GATGCGTAAC	GATAATCTAG	ACTATGTGAT		
msa118688.2{361_090}	ATACAATATG	CCAAGGAAAT	GATGCGTAAC	GATAATCTAG	ACTATGTGAT		
msa118688.2{361_1169NT}	ATACAATATG	CCAAGGAAAT	GATGCGTAAC	GATAATCTAG	ACTATGTGAT		
msa118688.2{361_CJB110}	ATACAATATG	CCAAGGAAAT	GATGCGTAAC	GATAATCTAG	ACTATGTGAT		
msa118688.2{361_M781}	ATACAATATG	CCAAGGAAAT	GATGCGTAAC	GATAATCTAG	ACTATGTGAT		
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****		
msa118688.2{361_18RS21}	1701	TCTTGTTCCT	GCTAATCAGT	GGACAGACAT	GAGTTTTATG	TGGTGGCAAC	1750
msa118688.2{361_A909}	TCTTGTTCCT	GCTAATCAGT	GGACAGACAT	GAGTTTTATG	TGGTGGCAAC		
msa118688.2{361_COH1}	TCTTGTTCCT	GCTAATCAGT	GGACAGACAT	GAGTTTTATG	TGGTGGCAAC		
msa118688.2{361_H36B}	TCTTGTTCCT	GCTAATCAGT	GGACAGACAT	GAGTTTTATG	TGGTGGCAAC		
msa118688.2{361_JM9130013}	TCTTGTTCCT	GCTAATCAGT	GGACAGACAT	GAGTTTTATG	TGGTGGCAAC		
msa118688.2{361_M732}	TCTTGTTCCT	GCTAATCAGT	GGACAGACAT	GAGTTTTATG	TGGTGGCAAC		
msa118688.2{GBS361_2603}	TCTTGTTCCT	GCTAATCAGT	GGACAGACAT	GAGTTTTATG	TGGTGGCAAC		



Table 75: Comparative Sequences relating to SAG0671

msa118688.2{361_090}	TCTTGTCTCT	GCTAATCAGT	GGACAGACAT	GAGTTTTATG	TGGTGGCAAC	
msa118688.2{361_1169NT}	TCTTGTCTCT	GCTAATCAGT	GGACAGACAT	GAGTTTTATG	TGGTGGCAAC	
msa118688.2{361_CJB110}	TCTTGTCTCT	GCTAATCAGT	GGACAGACAT	GAGTTTTATG	TGGTGGCAAC	
msa118688.2{361_M781}	TCTTGTCTCT	GCTAATCAGT	GGACAGACAT	GAGTTTTATG	TGGTGGCAAC	
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****	
msa118688.2{361_18RS21}	1751	AATTAACATA	TGATAGTCAA	ATGTTTGTCTG	GTTCTGATTA	TTGTTTCAGCA
msa118688.2{361_A909}	1800	AATTAACATA	TGATAGTCAA	ATGTTTGTCTG	GTTCTGATTA	TTGTTTCAGCA
msa118688.2{361_COH1}		AATTAACATA	TGATAGTCAA	ATGTTTGTCTG	GTTCTGATTA	TTGTTTCAGCA
msa118688.2{361_H36B}		AATTAACATA	TGATAGTCAA	ATGTTTGTCTG	GTTCTGATTA	TTGTTTCAGCA
msa118688.2{361_JM9130013}		AATTAACATA	TGATAGTCAA	ATGTTTGTCTG	GTTCTGATTA	TTGTTTCAGCA
msa118688.2{361_M732}		AATTAACATA	TGATAGTCAA	ATGTTTGTCTG	GTTCTGATTA	TTGTTTCAGCA
msa118688.2{GBS361_2603}		AATTAACATA	TGATAGTCAA	ATGTTTGTCTG	GTTCTGATTA	TTGTTTCAGCA
msa118688.2{361_090}		AATTAACATA	TGATAGTCAA	ATGTTTGTCTG	GTTCTGATTA	TTGTTTCAGCA
msa118688.2{361_1169NT}		AATTAACATA	TGATAGTCAA	ATGTTTGTCTG	GTTCTGATTA	TTGTTTCAGCA
msa118688.2{361_CJB110}		AATTAACATA	TGATAGTCAA	ATGTTTGTCTG	GTTCTGATTA	TTGTTTCAGCA
msa118688.2{361_M781}		AATTAACATA	TGATAGTCAA	ATGTTTGTCTG	GTTCTGATTA	TTGTTTCAGCA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****	*****
msa118688.2{361_18RS21}	1801	CAAGTCCTCT	CTCGTCAAGC	ATTGGATAAT	TCTCCTATAA	TATTAGGTAG
msa118688.2{361_A909}	1850	CAAGTCCTCT	CTCGTCAAGC	ATTGGATAAT	TCTCCTATAA	TATTAGGTAG
msa118688.2{361_COH1}		CAAGTCCTCT	CTCGTCAAGC	ATTGGATAAT	TCTCCTATAA	TATTAGGTAG
msa118688.2{361_H36B}		CAAGTCCTCT	CTCGTCAAGC	ATTGGATAAT	TCTCCTATAA	TATTAGGTAG
msa118688.2{361_JM9130013}		CAAGTCCTCT	CTCGTCAAGC	ATTGGATAAT	TCTCCTATAA	TATTAGGTAG
msa118688.2{361_M732}		CAAGTCCTCT	CTCGTCAAGC	ATTGGATAAT	TCTCCTATAA	TATTAGGTAG
msa118688.2{GBS361_2603}		CAAGTCCTCT	CTCGTCAAGC	ATTGGATAAT	TCTCCTATAA	TATTAGGTAG
msa118688.2{361_090}		CAAGTCCTCT	CTCGTCAAGC	ATTGGATAAT	TCTCCTATAA	TATTAGGTAG
msa118688.2{361_1169NT}		CAAGTCCTCT	CTCGTCAAGC	ATTGGATAAT	TCTCCTATAA	TATTAGGTAG
msa118688.2{361_CJB110}		CAAGTCCTCT	CTCGTCAAGC	ATTGGATAAT	TCTCCTATAA	TATTAGGTAG
msa118688.2{361_M781}		CAAGTCCTCT	CTCGTCAAGC	ATTGGATAAT	TCTCCTATAA	TATTAGGTAG
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****	*****
msa118688.2{361_18RS21}	1851	TAAACAATTA	AAATATAGCC	ATAAAACATT	CACAGATGTG	ATGACTATTT
msa118688.2{361_A909}	1900	TAAACAATTA	AAATATAGCC	ATAAAACATT	CACAGATGTG	ATGACTATTT
msa118688.2{361_COH1}		TAAACAATTA	AAATATAGCC	ATAAAACATT	CACAGATGTG	ATGACTATTT
msa118688.2{361_H36B}		TAAACAATTA	AAATATAGCC	ATAAAACATT	CACAGATGTG	ATGACTATTT
msa118688.2{361_JM9130013}		TAAACAATTA	AAATATAGCC	ATAAAACATT	CACAGATGTG	ATGACTATTT
msa118688.2{361_M732}		TAAACAATTA	AAATATAGCC	ATAAAACATT	CACAGATGTG	ATGACTATTT
msa118688.2{GBS361_2603}		TAAACAATTA	AAATATAGCC	ATAAAACATT	CACAGATGTG	ATGACTATTT
msa118688.2{361_090}		TAAACAATTA	AAATATAGCC	ATAAAACATT	CACAGATGTG	ATGACTATTT
msa118688.2{361_1169NT}		TAAACAATTA	AAATATAGCC	ATAAAACATT	CACAGATGTG	ATGACTATTT
msa118688.2{361_CJB110}		TAAACAATTA	AAATATAGCC	ATAAAACATT	CACAGATGTG	ATGACTATTT
msa118688.2{361_M781}		TAAACAATTA	AAATATAGCC	ATAAAACATT	CACAGATGTG	ATGACTATTT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****	*****
msa118688.2{361_18RS21}	1901	TTGATGCTGC	GCTTCAAAAT	TTATTATCAG	ACTTAGGACT	AACCATAAAA
msa118688.2{361_A909}	1950	TTGATGCTGC	GCTTCAAAAT	TTATTATCAG	ACTTAGGACT	AACCATAAAA
msa118688.2{361_COH1}		TTGATGCTGC	GCTTCAAAAT	TTATTATCAG	ACTTAGGACT	AACCATAAAA
msa118688.2{361_H36B}		TTGATGCTGC	GCTTCAAAAT	TTATTATCAG	ACTTAGGACT	AACCATAAAA
msa118688.2{361_JM9130013}		TTGATGCTGC	GCTTCAAAAT	TTATTATCAG	ACTTAGGACT	AACCATAAAA
msa118688.2{361_M732}		TTGATGCTGC	GCTTCAAAAT	TTATTATCAG	ACTTAGGACT	AACCATAAAA
msa118688.2{GBS361_2603}		TTGATGCTGC	GCTTCAAAAT	TTATTATCAG	ACTTAGGACT	AACCATAAAA
msa118688.2{361_090}		TTGATGCTGC	GCTTCAAAAT	TTATTATCAG	ACTTAGGACT	AACCATAAAA
msa118688.2{361_1169NT}		TTGATGCTGC	GCTTCAAAAT	TTATTATCAG	ACTTAGGACT	AACCATAAAA
msa118688.2{361_CJB110}		TTGATGCTGC	GCTTCAAAAT	TTATTATCAG	ACTTAGGACT	AACCATAAAA
msa118688.2{361_M781}		TTGATGCTGC	GCTTCAAAAT	TTATTATCAG	ACTTAGGACT	AACCATAAAA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****	*****
msa118688.2{361_18RS21}	1951	GATATCAAAG	GTTTCGTTTG	GAATGAGCGG	AAGAAGGCAG	TTAGTTCAGA
msa118688.2{361_A909}	2000	GATATCAAAG	GTTTCGTTTG	GAATGAGCGG	AAGAAGGCAG	TTAGTTCAGA
msa118688.2{361_COH1}		GATATCAAAG	GTTTCGTTTG	GAATGAGCGG	AAGAAGGCAG	TTAGTTCAGA
msa118688.2{361_H36B}		GATATCAAAG	GTTTCGTTTG	GAATGAGCGG	AAGAAGGCAG	TTAGTTCAGA
msa118688.2{361_JM9130013}		GATATCAAAG	GTTTCGTTTG	GAATGAGCGG	AAGAAGGCAG	TTAGTTCAGA
msa118688.2{361_M732}		GATATCAAAG	GTTTCGTTTG	GAATGAGCGG	AAGAAGGCAG	TTAGTTCAGA
msa118688.2{GBS361_2603}		GATATCAAAG	GTTTCGTTTG	GAATGAGCGG	AAGAAGGCAG	TTAGTTCAGA
msa118688.2{361_090}		GATATCAAAG	GTTTCGTTTG	GAATGAGCGG	AAGAAGGCAG	TTAGTTCAGA
msa118688.2{361_1169NT}		GATATCAAAG	GTTTCGTTTG	GAATGAGCGG	AAGAAGGCAG	TTAGTTCAGA
msa118688.2{361_CJB110}		GATATCAAAG	GTTTCGTTTG	GAATGAGCGG	AAGAAGGCAG	TTAGTTCAGA
msa118688.2{361_M781}		GATATCAAAG	GTTTCGTTTG	GAATGAGCGG	AAGAAGGCAG	TTAGTTCAGA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****	*****
msa118688.2{361_18RS21}	2001	TTATGATTTC	TTAGCGAACT	TGTCTGAGTA	TTATAATATG	CCAAACCTTG
msa118688.2{361_A909}	2050	TTATGATTTC	TTAGCGAACT	TGTCTGAGTA	TTATAATATG	CCAAACCTTG
msa118688.2{361_COH1}		TTATGATTTC	TTAGCGAACT	TGTCTGAGTA	TTATAATATG	CCAAACCTTG
msa118688.2{361_H36B}		TTATGATTTC	TTAGCGAACT	TGTCTGAGTA	TTATAATATG	CCAAACCTTG
msa118688.2{361_JM9130013}		TTATGATTTC	TTAGCGAACT	TGTCTGAGTA	TTATAATATG	CCAAACCTTG
msa118688.2{361_M732}		TTATGATTTC	TTAGCGAACT	TGTCTGAGTA	TTATAATATG	CCAAACCTTG

Table 75: Comparative Sequences relating to SAG0671

msa118688.2{GBS361_2603}	TTATGATTTC	TTAGCGAACT	TGTCTGAGTA	TTATAATATG	CCAAACCTTG
msa118688.2{361_090}	TTATGATTTC	TTAGCGAACT	TGTCTGAGTA	TTATAATATG	CCAAACCTTG
msa118688.2{361_1169NT}	TTATGATTTC	TTAGCGAACT	TGTCTGAGTA	TTATAATATG	CCAAACCTTG
msa118688.2{361_CJB110}	TTATGATTTC	TTAGCGAACT	TGTCTGAGTA	TTATAATATG	CCAAACCTTG
msa118688.2{361_M781}	TTATGATTTC	TTAGCGAACT	TGTCTGAGTA	TTATAATATG	CCAAACCTTG
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
2051					
msa118688.2{361_18RS21}	CTTCTGGTCA	GTTTGGATT	TCATCTAATG	GTGCTGGTGA	AGAACTGGAC
msa118688.2{361_A909}	CTTCTGGTCA	GTTTGGATT	TCATCTAATG	GTGCTGGTGA	AGAACTGGAC
msa118688.2{361_COH1}	CTTCTGGTCA	GTTTGGATT	TCATCTAATG	GTGCTGGTGA	AGAACTGGAC
msa118688.2{361_H36B}	CTTCTGGTCA	GTTTGGATT	TCATCTAATG	GTGCTGGTGA	AGAACTGGAC
msa118688.2{361_JM9130013}	CTTCTGGTCA	GTTTGGATT	TCATCTAATG	GTGCTGGTGA	AGAACTGGAC
msa118688.2{361_M732}	CTTCTGGTCA	GTTTGGATT	TCATCTAATG	GTGCTGGTGA	AGAACTGGAC
msa118688.2{GBS361_2603}	CTTCTGGTCA	GTTTGGATT	TCATCTAATG	GTGCTGGTGA	AGAACTGGAC
msa118688.2{361_090}	CTTCTGGTCA	GTTTGGATT	TCATCTAATG	GTGCTGGTGA	AGAACTGGAC
msa118688.2{361_1169NT}	CTTCTGGTCA	GTTTGGATT	TCATCTAATG	GTGCTGGTGA	AGAACTGGAC
msa118688.2{361_CJB110}	CTTCTGGTCA	GTTTGGATT	TCATCTAATG	GTGCTGGTGA	AGAACTGGAC
msa118688.2{361_M781}	CTTCTGGTCA	GTTTGGATT	TCATCTAATG	GTGCTGGTGA	AGAACTGGAC
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
2101					
msa118688.2{361_18RS21}	TATACTGTGA	ATGAAAGTAT	AGAAAAGGGC	TATTATTAG	TCCTATCTTA
msa118688.2{361_A909}	TATACTGTGA	ATGAAAGTAT	AGAAAAGGGC	TATTATTAG	TCCTATCTTA
msa118688.2{361_COH1}	TATACTGTGA	ATGAAAGTAT	AGAAAAGGGC	TATTATTAG	TCCTATCTTA
msa118688.2{361_H36B}	TATACTGTGA	ATGAAAGTAT	AGAAAAGGGC	TATTATTAG	TCCTATCTTA
msa118688.2{361_JM9130013}	TATACTGTGA	ATGAAAGTAT	AGAAAAGGGC	TATTATTAG	TCCTATCTTA
msa118688.2{361_M732}	TATACTGTGA	ATGAAAGTAT	AGAAAAGGGC	TATTATTAG	TCCTATCTTA
msa118688.2{GBS361_2603}	TATACTGTGA	ATGAAAGTAT	AGAAAAGGGC	TATTATTAG	TCCTATCTTA
msa118688.2{361_090}	TATACTGTGA	ATGAAAGTAT	AGAAAAGGGC	TATTATTAG	TCCTATCTTA
msa118688.2{361_1169NT}	TATACTGTGA	ATGAAAGTAT	AGAAAAGGGC	TATTATTAG	TCCTATCTTA
msa118688.2{361_CJB110}	TATACTGTGA	ATGAAAGTAT	AGAAAAGGGC	TATTATTAG	TCCTATCTTA
msa118688.2{361_M781}	TATACTGTGA	ATGAAAGTAT	AGAAAAGGGC	TATTATTAG	TCCTATCTTA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
2151					
msa118688.2{361_18RS21}	TTCGATCTTC	GGTGGTATCT	CTTTTGCTAT	TATTGAAAAA	AGG
msa118688.2{361_A909}	TTCGATCTTC	GGTGGTATCT	CTTTTGCTAT	TATTGAAAAA	AGG
msa118688.2{361_COH1}	TTCGATCTTC	GGTGGTATCT	CTTTTGCTAT	TATTGAAAAA	AGG
msa118688.2{361_H36B}	TTCGATCTTC	GGTGGTATCT	CTTTTGCTAT	TATTGAAAAA	AGG
msa118688.2{361_JM9130013}	TTCGATCTTC	GGTGGTATCT	CTTTTGCTAT	TATTGAAAAA	AGG
msa118688.2{361_M732}	TTCGATCTTC	GGTGGTATCT	CTTTTGCTAT	TATTGAAAAA	AGG
msa118688.2{GBS361_2603}	TTCGATCTTC	GGTGGTATCT	CTTTTGCTAT	TATTGAAAAA	AGG
msa118688.2{361_090}	TTCGATCTTC	GGTGGTATCT	CTTTTGCTAT	TATTGAAAAA	AGG
msa118688.2{361_1169NT}	TTCGATCTTC	GGTGGTATCT	CTTTTGCTAT	TATTGAAAAA	AGG
msa118688.2{361_CJB110}	TTCGATCTTC	GGTGGTATCT	CTTTTGCTAT	TATTGAAAAA	AGG
msa118688.2{361_M781}	TTCGATCTTC	GGTGGTATCT	CTTTTGCTAT	TATTGAAAAA	AGG
Consensus	*****	*****	*****	*****	***
2193					

## SEQ ID NO. 7512

STRAIN 2603 frame: 1

MSVYVSGIGI ISSLGKNYSEHKQHLFDLKEGISKHLYKNHDSILES YTGSI TSDPEVPEQ  
 YKDETRNFKAFTAFEEALASSGVNLKAYHNIACVCLGTSLGKKSAGQNALYQFEEGERQV  
 DASLLEKASVYHIADBLMAYHDIVGASYVISTACSASNNAVILGTQLLDGDCDLAICGG  
 CDELSDSL AGFTSLGAINTEMACQPYSSGKGINLGEAGFVVLVKDQSLAKYKGIIGGL  
 ITSDGVHITAPKPTGEGAAQIAKQLVTQAGIDYSEIDYINGHGTGTQANDKMEKNMYGKF  
 FPTTTLSSTKGQTGHTLGAAGI IELINCLAAIEEQTPATKNEIGIEGFPENFVYHQKR  
 EYPIRNALNFPAGFGNNSGVLLSSLDSPLETLPAENLKMALSSVASISKNESLSITY  
 EKVASNFNDFEALRFKARPPKTVNPAQFRKMDDFS KMVAVTTAQALIESNINLKKQDTS  
 KVGIVFTTSLGPVEVVEGIEKQITTEGYAHVSASRFPFTVMNAAAGMLSIIFKITGPLSV  
 ISTNSGALDGIQYAKEMMRNDNDYVILVSNQWTDMSFMWQQNLNYSQMFVGS DYCSA  
 QVLSRQALDNP IILGSKQLKYSHKFTDVMITFDAALQNL LSDLGLTIKDIKGFVWNER  
 KKAUVSSDYDFLANLSBYNMPNLASGQFGFSSNGAGEBELDYTVNESIEKGYLVLVSYISF  
 GGISFAIIEKR

## SEQ ID NO. 7513

STRAIN 090 frame: 3

VSGIGI ISSLGKNYSEHKQHLFDLKEGISKHLYKNHDSILES YTGSI TSDPEVPEQYKDE  
 TRNFKAFTAFEEALASSGVNLKAYHNIACVCLGTSLGKKSAGQNALYQFEEGERQVDASL  
 LEKASVYHIADBLMAYHDIVGASYVISTACSASNNAVILGTQLLDGDCDLAICGGCDEL  
 SDISLAGFTSLGAINTEMACQPYSSGKGINLGEAGFVVLVKDQSLAKYKGIIGGLITSD  
 GYHITAPKPTGEGAAQIAKQLVTQAGIDYSEIDYINGHGTGTQANDKMEKNMYGKFPTT  
 TLISSSTKGQTGHTLGAAGI IELINCLAAIEEQTPATKNEIGIEGFPENFVYHQKREYPI  
 RNALNFPAGFGNNSGVLLSSLDSPLETLPAENLKMALSSVASISKNESLSITYEKVA  
 SNFNDFEALRFKARPPKTVNPAQFRKMDDFS KMVAVTTAQALIESNINLKKQDTSKVG  
 IVFTTSLGPVEVVEGIEKQITTEGYAHVSASRFPFTVMNAAAGMLSIIFKITGPLSVISTN  
 SGALDGIQYAKEMMRNDNDYVILVSNQWTDMSFMWQQNLNYSQMFVGS DYCSA  
 QVLSRQALDNP IILGSKQLKYSHKFTDVMITFDAALQNL LSDLGLTIKDIKGFVWNERKKA  
 VSSDYDFLANLSBYNMPNLASGQFGFSSNGAGEBELDYTVNESIEKGYLVLVSYISFPGIS  
 FAIIEKR

## SEQ ID NO. 7514

STRAIN A909 frame: 3

Table 75: Comparative Sequences relating to SAG0671

VSGIGIISSLGKNYSEHKQHLFDLKEGISKHLYKNHDSILES YTGSI TSDPEVPEQYKDE  
 TRNFKFAFTAFEEALASSGVNLKAYHNI AVCLGTS LGGKSAGQNALYQFEEGERQVDASL  
 LEKASVYHIADELMAYHDI VGASYVISTACASNNNAVILGTQLLDGDCDLAICGGCDEL  
 SDISLAGFTSLGAINTEMACQPYSSGKGINLGEAGFVVLVKDQSLAKYGKI IGGITSD  
 GYHITAPKPTGEGAAQIAKQLVTQAGIDYSEIDYINGHGTGTQANDKMEKNMYGKFFPTT  
 TLISSTKGQTGHTLGAAGI IELINCLAAIEEQTVPATKNEIGIEGFPENFVYHQKREYPI  
 RNALNFSFAPGNNNSGVLSSLDSPLETL PARENLMKMAILSSVASISKNESLSITYEKVA  
 SNFNDFEALRFKARPPKTVNPAQFRKMDDFSKMVAVTTAQALIESNINLKKQDTSKVGI  
 VFTTSLSGPVEVVEGIEKQITTEGYAHVSASRFPFTVMNAAAGMLS I I FKITGPLSVISTN  
 SGALDGIQYAKEMMRNDNLDYVILV SANQWTDMSFMWQQNLNYSQMFVGS DYCSAQVLS  
 RQALDNSPI ILGSKQLKYSHKTFDVTI FDAALQNLLSDLG LTI KD I KGFVWNERKKAV  
 SSDYDFLANLSEYNNMPLASGQFGFSSNGAGEELDYTVNESIEKGYLVLSYSIFGGIS  
 FAIIEKR

## SEQ ID NO. 7515

STRAIN H36B frame: 3

VSGIGIISSLGKNYSEHKQHLFDLKEGISKHLYKNHDSILES YTGSI TSDPEVPEQYKDE  
 TRNFKFAFTAFEEALASSGVNLKAYHNI AVCLGTS LGGKSAGQNALYQFEEGERQVDASL  
 LEKASVYHIADELMAYHDI VGASYVISTACASNNNAVILGTQLLDGDCDLAICGGCDEL  
 SDISLAGFTSLGAINTEMACQPYSSGKGINLGEAGFVVLVKDQSLAKYGKI IGGITSD  
 GYHITAPKPTGEGAAQIAKQLVTQAGIDYSEIDYINGHGTGTQANDKMEKNMYGKFFPTT  
 TLISSTKGQTGHTLGAAGI IELINCLAAIEEQTVPATKNEIGIEGFPENFVYHQKREYPI  
 RNALNFSFAPGNNNSGVLSSLDSPLETL PARENLMKMAILSSVASISKNESLSITYEKVA  
 SNFNDFEALRFKARPPKTVNPAQFRKMDDFSKMVAVTTAQALIESNINLKKQDTSKVGI  
 VFTTSLSGPVEVVEGIEKQITTEGYAHVSASRFPFTVMNAAAGMLS I I FKITGPLSVISTN  
 SGALDGIQYAKEMMRNDNLDYVILV SANQWTDMSFMWQQNLNYSQMFVGS DYCSAQVLS  
 RQALDNSPI ILGSKQLKYSHKTFDVTI FDAALQNLLSDLG LTI KD I KGFVWNERKKAV  
 SSDYDFLANLSEYNNMPLASGQFGFSSNGAGEELDYTVNESIEKGYLVLSYSIFGGIS  
 FAIIEKR

## SEQ ID NO. 7516

STRAIN 18RS21 frame: 3

VSGIGIISSLGKNYSEHKQHLFDLKEGISKHLYKNHDSILES YTGSI TSDPEVPEQYKDE  
 TRNFKFAFTAFEEALASSGVNLKAYHNI AVCLGTS LGGKSAGQNALYQFEEGERQVDASL  
 LEKASVYHIADELMAYHDI VGASYVISTACASNNNAVILGTQLLDGDCDLAICGGCDEL  
 SDISLAGFTSLGAINTEMACQPYSSGKGINLGEAGFVVLVKDQSLAKYGKI IGGITSD  
 GYHITAPKPTGEGAAQIAKQLVTQAGIDYSEIDYINGHGTGTQANDKMEKNMYGKFFPTT  
 TLISSTKGQTGHTLGAAGI IELINCLAAIEEQTVPATKNEIGIEGFPENFVYHQKREYPI  
 RNALNFSFAPGNNNSGVLSSLDSPLETL PARENLMKMAILSSVASISKNESLSITYEKVA  
 SNFNDFEALRFKARPPKTVNPAQFRKMDDFSKMVAVTTAQALIESNINLKKQDTSKVGI  
 VFTTSLSGPVEVVEGIEKQITTEGYAHVSASRFPFTVMNAAAGMLS I I FKITGPLSVISTN  
 SGALDGIQYAKEMMRNDNLDYVILV SANQWTDMSFMWQQNLNYSQMFVGS DYCSAQVLS  
 RQALDNSPI ILGSKQLKYSHKTFDVTI FDAALQNLLSDLG LTI KD I KGFVWNERKKAV  
 SSDYDFLANLSEYNNMPLASGQFGFSSNGAGEELDYTVNESIEKGYLVLSYSIFGGIS  
 FAIIEKR

## SEQ ID NO. 7517

STRAIN M732 frame: 3

VSGIGIISSLGKNYSEHKQHLFDLKEGISKHLYKNHDSILES YTGSI TSDPEVPEQYKDE  
 TRNFKFAFTAFEEALASSGVNLKAYHNI AVCLGTS LGGKSAGQNALYQFEEGERQVDASL  
 LEKASVYHIADELMAYHDI VGASYVISTACASNNNAVILGTQLLDGDCDLAICGGCDEL  
 SDISLAGFTSLGAINTEMACQPYSSGKGINLGEAGFVVLVKDQSLAKYGKI IGGITSD  
 GYHITAPKPTGEGAAQIAKQLVTQAGIDYSEIDYINGHGTGTQANDKMEKNMYGKFFPTT  
 TLISSTKGQTGHTLGAAGI IELINCLAAIEEQTVPATKNEIGIEGFPENFVYHQKREYPI  
 RNALNFSFAPGNNNSGVLSSLDSPLETL PARENLMKMAILSSVASISKNESLSITYEKVA  
 SNFNDFEALRFKARPPKTVNPAQFRKMDDFSKMVAVTTAQALIESNINLKKQDTSKVGI  
 VFTTSLSGPVEVVEGIEKQITTEGYAHVSASRFPFTVMNAAAGMLS I I FKITGPLSVISTN  
 SGALDGIQYAKEMMRNDNLDYVILV SANQWTDMSFMWQQNLNYSQMFVGS DYCSAQVLS  
 RQALDNSPI ILGSKQLKYSHKTFDVTI FDAALQNLLSDLG LTI KD I KGFVWNERKKAV  
 SSDYDFLANLSEYNNMPLASGQFGFSSNGAGEELDYTVNESIEKGYLVLSYSIFGGIS  
 FAIIEKR

## SEQ ID NO. 7518

STRAIN COH1 frame: 3

VSGIGIISSLGKNYSEHKQHLFDLKEGISKHLYKNHDSILES YTGSI TSDPEVPEQYKDE  
 TRNFKFAFTAFEEALASSGVNLKAYHNI AVCLGTS LGGKSAGQNALYQFEEGERQVDASL  
 LEKASVYHIADELMAYHDI VGASYVISTACASNNNAVILGTQLLDGDCDLAICGGCDEL  
 SDISLAGFTSLGAINTEMACQPYSSGKGINLGEAGFVVLVKDQSLAKYGKI IGGITSD  
 GYHITAPKPTGEGAAQIAKQLVTQAGIDYSEIDYINGHGTGTQANDKMEKNMYGKFFPTT  
 TLISSTKGQTGHTLGAAGI IELINCLAAIEEQTVPATKNEIGIEGFPENFVYHQKREYPI  
 RNALNFSFAPGNNNSGVLSSLDSPLETL PARENLMKMAILSSVASISKNESLSITYEKVA  
 SNFNDFEALRFKARPPKTVNPAQFRKMDDFSKMVAVTTAQALIESNINLKKQDTSKVGI  
 VFTTSLSGPVEVVEGIEKQITTEGYAHVSASRFPFTVMNAAAGMLS I I FKITGPLSVISTN  
 SGALDGIQYAKEMMRNDNLDYVILV SANQWTDMSFMWQQNLNYSQMFVGS DYCSAQVLS  
 RQALDNSPI ILGSKQLKYSHKTFDVTI FDAALQNLLSDLG LTI KD I KGFVWNERKKAV  
 SSDYDFLANLSEYNNMPLASGQFGFSSNGAGEELDYTVNESIEKGYLVLSYSIFGGIS  
 FAIIEKR

## SEQ ID NO. 7519

STRAIN M781 frame: 3

VSGIGIISSLGKNYSEHKQHLFDLKEGISKHLYKNHDSILES YTGSI TSDPEVPEQYKDE  
 TRNFKFAFTAFEEALASSGVNLKAYHNI AVCLGTS LGGKSAGQNALYQFEEGERQVDASL

Table 75: Comparative Sequences relating to SAG0671

LEKASVYHIADELMAYHDI VGASYVISTACASNNNAVILGTQLLDGDCDLAICGGCDEL  
SDISLAGFTSLGAINTEMACQPYSSGKGINLGEAGFVVLVKDQSLAKYKGIIGGLITSD  
GYHITAPKPTGEGAAQIAKQLVTQAGIDYSEIDYINGHGTGTQANDKMEKNMYGKFFPTT  
TLISSTKGQTGHTLGAAGI IELINCLAAIEEQVTPATKNEIGIEGFPEFVYHOKREYPI  
RNALNFSFAPGGNNSGILLSSLDSPLETL PARENLMKMAILSSVASISKNESLSITYEKVA  
SNFNDFEALRFKGRARPPKTVNPAQFRKMDDFS KMVAVTTAQALESNINLKKQDTSKVG I  
VFTTLLSGPVEVVEGIEKQITTEGYAHVSASRFPFTVMNAAAGMLSII FKITGPLSVISTN  
SGALDGIQYAKEMMRNDNDYVILVSNQWTDMSFMWQQLNYDSQMFVGS DYCSAQVLS  
RQALDNP IILGSKQLKYSHKTFDVTMTIFDAALQNLSDLG LTIKD IKGFWNERKKAV  
SSDYDFLANLSEYNNMPLASGQFGFSSNGAGEELDYTVNESIEKGYLVLSYSIFGGIS  
FAIIEKR

SEQ ID NO. 7520

STRAIN CJB110 frame: 3

VSGIGI ISSLGKNYSEHKQHLFDLKEGISKHLYKNHDSILES YTGSI TSDEPVPEQYKDB  
TRNFKFAPTAFEEALASSGVNLKAYHNI AVCLGTSLGKKSAGQNALYQFEEGERQVDASL  
LEKASVYHIADELMAYHDI VGASYVISTACASNNNAVILGTQLLDGDCDLAICGGCDEL  
SDISLAGFTSLGAINTEMACQPYSSGKGINLGEAGFVVLVKDQSLAKYKGIIGGLITSD  
GYHITAPKPTGEGAAQIAKQLVTQAGIDYSEIDYINGHGTGTQANDKMEKNMYGKFFPTT  
TLISSTKGQTGHTLGAAGI IELINCLAAIEEQVTPATKNEIGIEGFPEFVYHOKREYPI  
RNALNFSFAPGGNNSGILLSSLDSPLETL PARENLMKMAILSSVASISKNESLSITYEKVA  
SNFNDFEALRFKGRARPPKTVNPAQFRKMDDFS KMVAVTTAQALESNINLKKQDTSKVG I  
VFTTLLSGPVEVVEGIEKQITTEGYAHVSASRFPFTVMNAAAGMLSII FKITGPLSVISTN  
SGALDGIQYAKEMMRNDNDYVILVSNQWTDMSFMWQQLNYDSQMFVGS DYCSAQVLS  
RQALDNP IILGSKQLKYSHKTFDVTMTIFDAALQNLSDLG LTIKD IKGFWNERKKAV  
SSDYDFLANLSEYNNMPLASGQFGFSSNGAGEELDYTVNESIEKGYLVLSYSIFGGIS  
FAIIEKR

SEQ ID NO. 7521

STRAIN 1169NT frame: 3

VSGIGI ISSLGKNYSEHKQHLFDLKEGISKHLYKNHDSILES YTGSI TSDEPVPEQYKDB  
TRNFKFAPTAFEEALASSGVNLKAYHNI AVCLGTSLGKKSAGQNALYQFEEGERQVDASL  
LEKASVYHIADELMAYHDI VGASYVISTACASNNNAVILGTQLLDGDCDLAICGGCDEL  
SDISLAGFTSLGAINTEMACQPYSSGKGINLGEAGFVVLVKDQSLAKYKGIIGGLITSD  
GYHITAPKPTGEGAAQIAKQLVTQAGIDYSEIDYINGHGTGTQANDKMEKNMYGKFFPTT  
TLISSTKGQTGHTLGAAGI IELINCLAAIEEQVTPATKNEIGIEGFPEFVYHOKREYPI  
RNALNFSFAPGGNNSGILLSSLDSPLETL PARENLMKMAILSSVASISKNESLSITYEKVA  
SNFNDFEALRFKGRARPPKTVNPAQFRKMDDFS KMVAVTTAQALESNINLKKQDTSKVG I  
VFTTLLSGPVEVVEGIEKQITTEGYAHVSASRFPFTVMNAAAGMLSII FKITGPLSVISTN  
SGALDGIQYAKEMMRNDNDYVILVSNQWTDMSFMWQQLNYDSQMFVGS DYCSAQVLS  
RQALDNP IILGSKQLKYSHKTFDVTMTIFDAALQNLSDLG LTIKD IKGFWNERKKAV  
SSDYDFLANLSEYNNMPLASGQFGFSSNGAGEELDYTVNESIEKGYLVLSYSIFGGIS  
FAIIEKR

SEQ ID NO. 7522

STRAIN JM9130013 frame: 3

VSGIGI ISSLGKNYSEHKQHLFDLKEGISKHLYKNHDSILES YTGSI TSDEPVPEQYKDB  
TRNFKFAPTAFEEALASSGVNLKAYHNI AVCLGTSLGKKSAGQNALYQFEEGERQVDASL  
LEKASVYHIADELMAYHDI VGASYVISTACASNNNAVILGTQLLDGDCDLAICGGCDEL  
SDISLAGFTSLGAINTEMACQPYSSGKGINLGEAGFVVLVKDQSLAKYKGIIGGLITSD  
GYHITAPKPTGEGAAQIAKQLVTQAGIDYSEIDYINGHGTGTQANDKMEKNMYGKFFPTT  
TLISSTKGQTGHTLGAAGI IELINCLAAIEEQVTPATKNEIGIEGFPEFVYHOKREYPI  
RNALNFSFAPGGNNSGILLSSLDSPLETL PARENLMKMAILSSVASISKNESLSITYEKVA  
SNFNDFEALRFKGRARPPKTVNPAQFRKMDDFS KMVAVTTAQALESNINLKKQDTSKVG I  
VFTTLLSGPVEVVEGIEKQITTEGYAHVSASRFPFTVMNAAAGMLSII FKITGPLSVISTN  
SGALDGIQYAKEMMRNDNDYVILVSNQWTDMSFMWQQLNYDSQMFVGS DYCSAQVLS  
RQALDNP IILGSKQLKYSHKTFDVTMTIFDAALQNLSDLG LTIKD IKGFWNERKKAV  
SSDYDFLANLSEYNNMPLASGQFGFSSNGAGEELDYTVNESIEKGYLVLSYSIFGGIS  
FAIIEKR

PRETTY of: /biotmp/msa118713.2{\*} April 9, 2003 02:54 ..

	1		50
msa118713.2{361_090}	----VSGIGI	ISSLGKNYSE HKQHLFDLKE	GISKHLYKNH DSILES YTGS
msa118713.2{361_1169NT}	----VSGIGI	ISSLGKNYSE HKQHLFDLKE	GISKHLYKNH DSILES YTGS
msa118713.2{361_CJB110}	----VSGIGI	ISSLGKNYSE HKQHLFDLKE	GISKHLYKNH DSILES YTGS
msa118713.2{361_M781}	----VSGIGI	ISSLGKNYSE HKQHLFDLKE	GISKHLYKNH DSILES YTGS
msa118713.2{361_18RS21}	----VSGIGI	ISSLGKNYSE HKQHLFDLKE	GISKHLYKNH DSILES YTGS
msa118713.2{361_A909}	----VSGIGI	ISSLGKNYSE HKQHLFDLKE	GISKHLYKNH DSILES YTGS
msa118713.2{361_COH1}	----VSGIGI	ISSLGKNYSE HKQHLFDLKE	GISKHLYKNH DSILES YTGS
msa118713.2{361_H36B}	----VSGIGI	ISSLGKNYSE HKQHLFDLKE	GISKHLYKNH DSILES YTGS
msa118713.2{361_JM9130013}	----VSGIGI	ISSLGKNYSE HKQHLFDLKE	GISKHLYKNH DSILES YTGS
msa118713.2{361_M732}	----VSGIGI	ISSLGKNYSE HKQHLFDLKE	GISKHLYKNH DSILES YTGS
msa118713.2{GBS361_2603}	msvyVSGIGI	ISSLGKNYSE HKQHLFDLKE	GISKHLYKNH DSILES YTGS
Consensus	*****	*****	*****
	51		100
msa118713.2{361_090}	ITSDPEVPEQ	YKDETRNFKF APTAFEEALA	SSGVNLKAYH NIAVCLGTSL
msa118713.2{361_1169NT}	ITSDPEVPEQ	YKDETRNFKF APTAFEEALA	SSGVNLKAYH NIAVCLGTSL
msa118713.2{361_CJB110}	ITSDPEVPEQ	YKDETRNFKF APTAFEEALA	SSGVNLKAYH NIAVCLGTSL
msa118713.2{361_M781}	ITSDPEVPEQ	YKDETRNFKF APTAFEEALA	SSGVNLKAYH NIAVCLGTSL
msa118713.2{361_18RS21}	ITSDPEVPEQ	YKDETRNFKF APTAFEEALA	SSGVNLKAYH NIAVCLGTSL

Table 75: Comparative Sequences relating to SAG0671

msa118713.2{361_A909}	ITSDPEVPEQ	YKDETRNFKF	AFTAFEEALA	SSGVNLKAYH	NIAVCLGTSL
msa118713.2{361_COH1}	ITSDPEVPEQ	YKDETRNFKF	AFTAFEEALA	SSGVNLKAYH	NIAVCLGTSL
msa118713.2{361_H36B}	ITSDPEVPEQ	YKDETRNFKF	AFTAFEEALA	SSGVNLKAYH	NIAVCLGTSL
msa118713.2{361_JM9130013}	ITSDPEVPEQ	YKDETRNFKF	AFTAFEEALA	SSGVNLKAYH	NIAVCLGTSL
msa118713.2{361_M732}	ITSDPEVPEQ	YKDETRNFKF	AFTAFEEALA	SSGVNLKAYH	NIAVCLGTSL
msa118713.2{GBS361_2603}	ITSDPEVPEQ	YKDETRNFKF	AFTAFEEALA	SSGVNLKAYH	NIAVCLGTSL
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa118713.2{361_090}	GGKSAGQNAL	YQFEEGERQV	DASLLEKASV	YHIADLMAY	HDIVGASYVI
msa118713.2{361_1169NT}	GGKSAGQNAL	YQFEEGERQV	DASLLEKASV	YHIADLMAY	HDIVGASYVI
msa118713.2{361_CJB110}	GGKSAGQNAL	YQFEEGERQV	DASLLEKASV	YHIADLMAY	HDIVGASYVI
msa118713.2{361_M781}	GGKSAGQNAL	YQFEEGERQV	DASLLEKASV	YHIADLMAY	HDIVGASYVI
msa118713.2{361_18RS21}	GGKSAGQNAL	YQFEEGERQV	DASLLEKASV	YHIADLMAY	HDIVGASYVI
msa118713.2{361_A909}	GGKSAGQNAL	YQFEEGERQV	DASLLEKASV	YHIADLMAY	HDIVGASYVI
msa118713.2{361_COH1}	GGKSAGQNAL	YQFEEGERQV	DASLLEKASV	YHIADLMAY	HDIVGASYVI
msa118713.2{361_H36B}	GGKSAGQNAL	YQFEEGERQV	DASLLEKASV	YHIADLMAY	HDIVGASYVI
msa118713.2{361_JM9130013}	GGKSAGQNAL	YQFEEGERQV	DASLLEKASV	YHIADLMAY	HDIVGASYVI
msa118713.2{361_M732}	GGKSAGQNAL	YQFEEGERQV	DASLLEKASV	YHIADLMAY	HDIVGASYVI
msa118713.2{GBS361_2603}	GGKSAGQNAL	YQFEEGERQV	DASLLEKASV	YHIADLMAY	HDIVGASYVI
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa118713.2{361_090}	STACSASNNA	VILGTQLLQD	GDCDLAICGG	CDELSDISLA	GFTSLGAIN
msa118713.2{361_1169NT}	STACSASNNA	VILGTQLLQD	GDCDLAICGG	CDELSDISLA	GFTSLGAIN
msa118713.2{361_CJB110}	STACSASNNA	VILGTQLLQD	GDCDLAICGG	CDELSDISLA	GFTSLGAIN
msa118713.2{361_M781}	STACSASNNA	VILGTQLLQD	GDCDLAICGG	CDELSDISLA	GFTSLGAIN
msa118713.2{361_18RS21}	STACSASNNA	VILGTQLLQD	GDCDLAICGG	CDELSDISLA	GFTSLGAIN
msa118713.2{361_A909}	STACSASNNA	VILGTQLLQD	GDCDLAICGG	CDELSDISLA	GFTSLGAIN
msa118713.2{361_COH1}	STACSASNNA	VILGTQLLQD	GDCDLAICGG	CDELSDISLA	GFTSLGAIN
msa118713.2{361_H36B}	STACSASNNA	VILGTQLLQD	GDCDLAICGG	CDELSDISLA	GFTSLGAIN
msa118713.2{361_JM9130013}	STACSASNNA	VILGTQLLQD	GDCDLAICGG	CDELSDISLA	GFTSLGAIN
msa118713.2{361_M732}	STACSASNNA	VILGTQLLQD	GDCDLAICGG	CDELSDISLA	GFTSLGAIN
msa118713.2{GBS361_2603}	STACSASNNA	VILGTQLLQD	GDCDLAICGG	CDELSDISLA	GFTSLGAIN
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa118713.2{361_090}	EMACQPYSSG	KGINLGEAG	FVVLVKDQSL	AKYGKIIGGL	ITSDGYHITA
msa118713.2{361_1169NT}	EMACQPYSSG	KGINLGEAG	FVVLVKDQSL	AKYGKIIGGL	ITSDGYHITA
msa118713.2{361_CJB110}	EMACQPYSSG	KGINLGEAG	FVVLVKDQSL	AKYGKIIGGL	ITSDGYHITA
msa118713.2{361_M781}	EMACQPYSSG	KGINLGEAG	FVVLVKDQSL	AKYGKIIGGL	ITSDGYHITA
msa118713.2{361_18RS21}	EMACQPYSSG	KGINLGEAG	FVVLVKDQSL	AKYGKIIGGL	ITSDGYHITA
msa118713.2{361_A909}	EMACQPYSSG	KGINLGEAG	FVVLVKDQSL	AKYGKIIGGL	ITSDGYHITA
msa118713.2{361_COH1}	EMACQPYSSG	KGINLGEAG	FVVLVKDQSL	AKYGKIIGGL	ITSDGYHITA
msa118713.2{361_H36B}	EMACQPYSSG	KGINLGEAG	FVVLVKDQSL	AKYGKIIGGL	ITSDGYHITA
msa118713.2{361_JM9130013}	EMACQPYSSG	KGINLGEAG	FVVLVKDQSL	AKYGKIIGGL	ITSDGYHITA
msa118713.2{361_M732}	EMACQPYSSG	KGINLGEAG	FVVLVKDQSL	AKYGKIIGGL	ITSDGYHITA
msa118713.2{GBS361_2603}	EMACQPYSSG	KGINLGEAG	FVVLVKDQSL	AKYGKIIGGL	ITSDGYHITA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa118713.2{361_090}	PKPTGEGAAQ	IAKQLVTQAG	IDYSEIDYIN	GHGTGTQAND	KMEKNMYGKF
msa118713.2{361_1169NT}	PKPTGEGAAQ	IAKQLVTQAG	IDYSEIDYIN	GHGTGTQAND	KMEKNMYGKF
msa118713.2{361_CJB110}	PKPTGEGAAQ	IAKQLVTQAG	IDYSEIDYIN	GHGTGTQAND	KMEKNMYGKF
msa118713.2{361_M781}	PKPTGEGAAQ	IAKQLVTQAG	IDYSEIDYIN	GHGTGTQAND	KMEKNMYGKF
msa118713.2{361_18RS21}	PKPTGEGAAQ	IAKQLVTQAG	IDYSEIDYIN	GHGTGTQAND	KMEKNMYGKF
msa118713.2{361_A909}	PKPTGEGAAQ	IAKQLVTQAG	IDYSEIDYIN	GHGTGTQAND	KMEKNMYGKF
msa118713.2{361_COH1}	PKPTGEGAAQ	IAKQLVTQAG	IDYSEIDYIN	GHGTGTQAND	KMEKNMYGKF
msa118713.2{361_H36B}	PKPTGEGAAQ	IAKQLVTQAG	IDYSEIDYIN	GHGTGTQAND	KMEKNMYGKF
msa118713.2{361_JM9130013}	PKPTGEGAAQ	IAKQLVTQAG	IDYSEIDYIN	GHGTGTQAND	KMEKNMYGKF
msa118713.2{361_M732}	PKPTGEGAAQ	IAKQLVTQAG	IDYSEIDYIN	GHGTGTQAND	KMEKNMYGKF
msa118713.2{GBS361_2603}	PKPTGEGAAQ	IAKQLVTQAG	IDYSEIDYIN	GHGTGTQAND	KMEKNMYGKF
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa118713.2{361_090}	FPITTLISST	KGQTGHTLGA	AGIIE LINCL	AAIEBQTVPA	TKNEIGIEGF
msa118713.2{361_1169NT}	FPITTLISST	KGQTGHTLGA	AGIIE LINCL	AAIEBQTVPA	TKNEIGIEGF
msa118713.2{361_CJB110}	FPITTLISST	KGQTGHTLGA	AGIIE LINCL	AAIEBQTVPA	TKNEIGIEGF
msa118713.2{361_M781}	FPITTLISST	KGQTGHTLGA	AGIIE LINCL	AAIEBQTVPA	TKNEIGIEGF
msa118713.2{361_18RS21}	FPITTLISST	KGQTGHTLGA	AGIIE LINCL	AAIEBQTVPA	TKNEIGIEGF
msa118713.2{361_A909}	FPITTLISST	KGQTGHTLGA	AGIIE LINCL	AAIEBQTVPA	TKNEIGIEGF
msa118713.2{361_COH1}	FPITTLISST	KGQTGHTLGA	AGIIE LINCL	AAIEBQTVPA	TKNEIGIEGF
msa118713.2{361_H36B}	FPITTLISST	KGQTGHTLGA	AGIIE LINCL	AAIEBQTVPA	TKNEIGIEGF
msa118713.2{361_JM9130013}	FPITTLISST	KGQTGHTLGA	AGIIE LINCL	AAIEBQTVPA	TKNEIGIEGF
msa118713.2{361_M732}	FPITTLISST	KGQTGHTLGA	AGIIE LINCL	AAIEBQTVPA	TKNEIGIEGF
msa118713.2{GBS361_2603}	FPITTLISST	KGQTGHTLGA	AGIIE LINCL	AAIEBQTVPA	TKNEIGIEGF
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa118713.2{361_090}	PENFVYHQKR	EYPIRNALNF	SFAFGGNSG	ILLSSLDSP	ETLPARENK
msa118713.2{361_1169NT}	PENFVYHQKR	EYPIRNALNF	SFAFGGNSG	ILLSSLDSP	ETLPARENK
msa118713.2{361_CJB110}	PENFVYHQKR	EYPIRNALNF	SFAFGGNSG	ILLSSLDSP	ETLPARENK
msa118713.2{361_M781}	PENFVYHQKR	EYPIRNALNF	SFAFGGNSG	ILLSSLDSP	ETLPARENK

Table 75: Comparative Sequences relating to SAG0671

msa118713.2(361_18RS21)	PENFVYHQKR	EYPIRNALNF	SFAFGGNNNSG	VLLSSLDSPL	ETLPARENLK
msa118713.2(361_A909)	PENFVYHQKR	EYPIRNALNF	SFAFGGNNNSG	VLLSSLDSPL	ETLPARENLK
msa118713.2(361_COH1)	PENFVYHQKR	EYPIRNALNF	SFAFGGNNNSG	VLLSSLDSPL	ETLPARENLK
msa118713.2(361_H36B)	PENFVYHQKR	EYPIRNALNF	SFAFGGNNNSG	VLLSSLDSPL	ETLPARENLK
msa118713.2(361_JM9130013)	PENFVYHQKR	EYPIRNALNF	SFAFGGNNNSG	VLLSSLDSPL	ETLPARENLK
msa118713.2(361_M732)	PENFVYHQKR	EYPIRNALNF	SFAFGGNNNSG	VLLSSLDSPL	ETLPARENLK
msa118713.2(GBS361_2603)	PENFVYHQKR	EYPIRNALNF	SFAFGGNNNSG	VLLSSLDSPL	ETLPARENLK
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa118713.2(361_090)	MAILSSVASI	SKNESLSITY	EKVASNFNDF	EALRFKGARP	PKTVNPAQFR
msa118713.2(361_1169NT)	MAILSSVASI	SKNESLSITY	EKVASNFNDF	EALRFKGARP	PKTVNPAQFR
msa118713.2(361_CJB110)	MAILSSVASI	SKNESLSITY	EKVASNFNDF	EALRFKGARP	PKTVNPAQFR
msa118713.2(361_M781)	MAILSSVASI	SKNESLSITY	EKVASNFNDF	EALRFKGARP	PKTVNPAQFR
msa118713.2(361_18RS21)	MAILSSVASI	SKNESLSITY	EKVASNFNDF	EALRFKGARP	PKTVNPAQFR
msa118713.2(361_A909)	MAILSSVASI	SKNESLSITY	EKVASNFNDF	EALRFKGARP	PKTVNPAQFR
msa118713.2(361_COH1)	MAILSSVASI	SKNESLSITY	EKVASNFNDF	EALRFKGARP	PKTVNPAQFR
msa118713.2(361_H36B)	MAILSSVASI	SKNESLSITY	EKVASNFNDF	EALRFKGARP	PKTVNPAQFR
msa118713.2(361_JM9130013)	MAILSSVASI	SKNESLSITY	EKVASNFNDF	EALRFKGARP	PKTVNPAQFR
msa118713.2(361_M732)	MAILSSVASI	SKNESLSITY	EKVASNFNDF	EALRFKGARP	PKTVNPAQFR
msa118713.2(GBS361_2603)	MAILSSVASI	SKNESLSITY	EKVASNFNDF	EALRFKGARP	PKTVNPAQFR
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa118713.2(361_090)	KMDDFSKMVA	VTTAQUALIES	NINLKKQDTS	KVGIVFTTLS	GPVEVVBGIE
msa118713.2(361_1169NT)	KMDDFSKMVA	VTTAQUALIES	NINLKKQDTS	KVGIVFTTLS	GPVEVVBGIE
msa118713.2(361_CJB110)	KMDDFSKMVA	VTTAQUALIES	NINLKKQDTS	KVGIVFTTLS	GPVEVVBGIE
msa118713.2(361_M781)	KMDDFSKMVA	VTTAQUALIES	NINLKKQDTS	KVGIVFTTLS	GPVEVVBGIE
msa118713.2(361_18RS21)	KMDDFSKMVA	VTTAQUALIES	NINLKKQDTS	KVGIVFTTLS	GPVEVVBGIE
msa118713.2(361_A909)	KMDDFSKMVA	VTTAQUALIES	NINLKKQDTS	KVGIVFTTLS	GPVEVVBGIE
msa118713.2(361_COH1)	KMDDFSKMVA	VTTAQUALIES	NINLKKQDTS	KVGIVFTTLS	GPVEVVBGIE
msa118713.2(361_H36B)	KMDDFSKMVA	VTTAQUALIES	NINLKKQDTS	KVGIVFTTLS	GPVEVVBGIE
msa118713.2(361_JM9130013)	KMDDFSKMVA	VTTAQUALIES	NINLKKQDTS	KVGIVFTTLS	GPVEVVBGIE
msa118713.2(361_M732)	KMDDFSKMVA	VTTAQUALIES	NINLKKQDTS	KVGIVFTTLS	GPVEVVBGIE
msa118713.2(GBS361_2603)	KMDDFSKMVA	VTTAQUALIES	NINLKKQDTS	KVGIVFTTLS	GPVEVVBGIE
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa118713.2(361_090)	KQITTEGYAH	VSASRFPPTV	MNAAAGMLSI	IFKITGPLSV	ISTNSGALDG
msa118713.2(361_1169NT)	KQITTEGYAH	VSASRFPPTV	MNAAAGMLSI	IFKITGPLSV	ISTNSGALDG
msa118713.2(361_CJB110)	KQITTEGYAH	VSASRFPPTV	MNAAAGMLSI	IFKITGPLSV	ISTNSGALDG
msa118713.2(361_M781)	KQITTEGYAH	VSASRFPPTV	MNAAAGMLSI	IFKITGPLSV	ISTNSGALDG
msa118713.2(361_18RS21)	KQITTEGYAH	VSASRFPPTV	MNAAAGMLSI	IFKITGPLSV	ISTNSGALDG
msa118713.2(361_A909)	KQITTEGYAH	VSASRFPPTV	MNAAAGMLSI	IFKITGPLSV	ISTNSGALDG
msa118713.2(361_COH1)	KQITTEGYAH	VSASRFPPTV	MNAAAGMLSI	IFKITGPLSV	ISTNSGALDG
msa118713.2(361_H36B)	KQITTEGYAH	VSASRFPPTV	MNAAAGMLSI	IFKITGPLSV	ISTNSGALDG
msa118713.2(361_JM9130013)	KQITTEGYAH	VSASRFPPTV	MNAAAGMLSI	IFKITGPLSV	ISTNSGALDG
msa118713.2(361_M732)	KQITTEGYAH	VSASRFPPTV	MNAAAGMLSI	IFKITGPLSV	ISTNSGALDG
msa118713.2(GBS361_2603)	KQITTEGYAH	VSASRFPPTV	MNAAAGMLSI	IFKITGPLSV	ISTNSGALDG
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa118713.2(361_090)	IQYAKEMMRN	DNLDYVILVS	ANQWTDMSFM	WWQQLNYDSQ	MFVGS DYCSA
msa118713.2(361_1169NT)	IQYAKEMMRN	DNLDYVILVS	ANQWTDMSFM	WWQQLNYDSQ	MFVGS DYCSA
msa118713.2(361_CJB110)	IQYAKEMMRN	DNLDYVILVS	ANQWTDMSFM	WWQQLNYDSQ	MFVGS DYCSA
msa118713.2(361_M781)	IQYAKEMMRN	DNLDYVILVS	ANQWTDMSFM	WWQQLNYDSQ	MFVGS DYCSA
msa118713.2(361_18RS21)	IQYAKEMMRN	DNLDYVILVS	ANQWTDMSFM	WWQQLNYDSQ	MFVGS DYCSA
msa118713.2(361_A909)	IQYAKEMMRN	DNLDYVILVS	ANQWTDMSFM	WWQQLNYDSQ	MFVGS DYCSA
msa118713.2(361_COH1)	IQYAKEMMRN	DNLDYVILVS	ANQWTDMSFM	WWQQLNYDSQ	MFVGS DYCSA
msa118713.2(361_H36B)	IQYAKEMMRN	DNLDYVILVS	ANQWTDMSFM	WWQQLNYDSQ	MFVGS DYCSA
msa118713.2(361_JM9130013)	IQYAKEMMRN	DNLDYVILVS	ANQWTDMSFM	WWQQLNYDSQ	MFVGS DYCSA
msa118713.2(361_M732)	IQYAKEMMRN	DNLDYVILVS	ANQWTDMSFM	WWQQLNYDSQ	MFVGS DYCSA
msa118713.2(GBS361_2603)	IQYAKEMMRN	DNLDYVILVS	ANQWTDMSFM	WWQQLNYDSQ	MFVGS DYCSA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa118713.2(361_090)	QVLSRQALDN	SPIILGSKQL	KYSHKTFIDV	MTIFDAALQN	LLSDLGLTIK
msa118713.2(361_1169NT)	QVLSRQALDN	SPIILGSKQL	KYSHKTFIDV	MTIFDAALQN	LLSDLGLTIK
msa118713.2(361_CJB110)	QVLSRQALDN	SPIILGSKQL	KYSHKTFIDV	MTIFDAALQN	LLSDLGLTIK
msa118713.2(361_M781)	QVLSRQALDN	SPIILGSKQL	KYSHKTFIDV	MTIFDAALQN	LLSDLGLTIK
msa118713.2(361_18RS21)	QVLSRQALDN	SPIILGSKQL	KYSHKTFIDV	MTIFDAALQN	LLSDLGLTIK
msa118713.2(361_A909)	QVLSRQALDN	SPIILGSKQL	KYSHKTFIDV	MTIFDAALQN	LLSDLGLTIK
msa118713.2(361_COH1)	QVLSRQALDN	SPIILGSKQL	KYSHKTFIDV	MTIFDAALQN	LLSDLGLTIK
msa118713.2(361_H36B)	QVLSRQALDN	SPIILGSKQL	KYSHKTFIDV	MTIFDAALQN	LLSDLGLTIK
msa118713.2(361_JM9130013)	QVLSRQALDN	SPIILGSKQL	KYSHKTFIDV	MTIFDAALQN	LLSDLGLTIK
msa118713.2(361_M732)	QVLSRQALDN	SPIILGSKQL	KYSHKTFIDV	MTIFDAALQN	LLSDLGLTIK
msa118713.2(GBS361_2603)	QVLSRQALDN	SPIILGSKQL	KYSHKTFIDV	MTIFDAALQN	LLSDLGLTIK
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa118713.2(361_090)	DIKGFVWNER	KKAVSSDYDF	LANLSEYNYM	PNLASGQPGF	SSNGAGEELD
msa118713.2(361_1169NT)	DIKGFVWNER	KKAVSSDYDF	LANLSEYNYM	PNLASGQPGF	SSNGAGEELD
msa118713.2(361_CJB110)	DIKGFVWNER	KKAVSSDYDF	LANLSEYNYM	PNLASGQPGF	SSNGAGEELD

Table 75: Comparative Sequences relating t SAG0671

msa118713.2{361_M781}	DIKGFVWNER	KKAVSSDYDF	LANLSEYYNM	PNLASGQFGF	SSNGAGEELD
msa118713.2{361_18RS21}	DIKGFVWNER	KKAVSSDYDF	LANLSEYYNM	PNLASGQFGF	SSNGAGEELD
msa118713.2{361_A909}	DIKGFVWNER	KKAVSSDYDF	LANLSEYYNM	PNLASGQFGF	SSNGAGEELD
msa118713.2{361_COH1}	DIKGFVWNER	KKAVSSDYDF	LANLSEYYNM	PNLASGQFGF	SSNGAGEELD
msa118713.2{361_H36B}	DIKGFVWNER	KKAVSSDYDF	LANLSEYYNM	PNLASGQFGF	SSNGAGEELD
msa118713.2{361_JM9130013}	DIKGFVWNER	KKAVSSDYDF	LANLSEYYNM	PNLASGQFGF	SSNGAGEELD
msa118713.2{361_M732}	DIKGFVWNER	KKAVSSDYDF	LANLSEYYNM	PNLASGQFGF	SSNGAGEELD
msa118713.2{GBS361_2603}	DIKGFVWNER	KKAVSSDYDF	LANLSEYYNM	PNLASGQFGF	SSNGAGEELD
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
	701			731	
msa118713.2{361_090}	YTVNESIEKG	YYLVLSYSIF	GGISFAIEK	R	
msa118713.2{361_1169NT}	YTVNESIEKG	YYLVLSYSIF	GGISFAIEK	R	
msa118713.2{361_CJB110}	YTVNESIEKG	YYLVLSYSIF	GGISFAIEK	R	
msa118713.2{361_M781}	YTVNESIEKG	YYLVLSYSIF	GGISFAIEK	R	
msa118713.2{361_18RS21}	YTVNESIEKG	YYLVLSYSIF	GGISFAIEK	R	
msa118713.2{361_A909}	YTVNESIEKG	YYLVLSYSIF	GGISFAIEK	R	
msa118713.2{361_COH1}	YTVNESIEKG	YYLVLSYSIF	GGISFAIEK	R	
msa118713.2{361_H36B}	YTVNESIEKG	YYLVLSYSIF	GGISFAIEK	R	
msa118713.2{361_JM9130013}	YTVNESIEKG	YYLVLSYSIF	GGISFAIEK	R	
msa118713.2{361_M732}	YTVNESIEKG	YYLVLSYSIF	GGISFAIEK	R	
msa118713.2{GBS361_2603}	YTVNESIEKG	YYLVLSYSIF	GGISFAIEK	R	
Consensus	*****	*****	*****	*	

Table 76: Comparative Sequences relating to SAG0260

## SEQ ID NO. 7601

## STRAIN 2603

ATGAAAAAGTCATCGATTAAAAAACTACAAAAAGCATATGCCTCAGAAACCGTTTAA  
 AATAATATTAATTTGGAGGTGTTTAAAGGCGAAATAATTGGATTAAATAGGACCCCTCGGA  
 GCAGGGAATCTACCTTGATTAAAACTATGCTTGGCATGGAAAAAGCAGATAAGGGAACA  
 GCTCTGTTCTTGATACTCAAAATGCCAGATCGTAATATTTAAATCAAATTGGCTATATG  
 GCTCAATCTGATGCCCTTATACGAGTCTTAACTGGCTTAGAAAAATTTATTATCTTTGGA  
 AAAATGAAGGTATTCAAAAACTGAATTAAAAACAGCAGATAAATCATATTTCTAAAGTA  
 GTAGATCTAGAAAAACCACTTGATAAATTTGTCTCAGGTTACTCAGGAGGTATGAAAAGA  
 CGGCTTTCTAGCCATCGCCCTACTTGGAAACCCACAGTTTAAATCCTAGATGAACCT  
 ACCGTTGGAATTGATCCATCCTTGAGGAGAAAAATCTGGCAAGAGCTAATTAATATTAAG  
 GATGAAGGACATTTCTATCTTATTACAACCCAGTTATGGATGAAGCAGAATTACAAGT  
 AAGGTTGCCTACTATTACGTGGAAACATTATTGCCCTTTGATACCTACATTATTTAAAA  
 AAACAATTAATGTGAGTACTATTGAGGAAGTTTCTTAAAGCTGAAGGAGAA

## SEQ ID NO. 7602

## STRAIN 090

ATTTAAAAAACTACAAAAAGCATATGCCTCAGAAACTGTTTAAATAAT  
 ATTAATTTGGAGGTGTTTAAAGGCGAAATAATTGGATTAAATAGGACCCCTC  
 TGGAGCAGGGAATCTACCTTGATTAAAACTATGCTTGGCATGGAAAAAG  
 CAGATAAGGGAACAGCTCTTGTCTTGATACTCAAAATGCCAGATCGTAAT  
 ATTTTAAATCAAATTGGCTATATGGCTCAATCTGATGCCCTTATACGAATC  
 TTTAACTGCTTAGAAAATTATTATTCTTTGGAAAAATGAAAGGTATTCT  
 AAAAACTGAATTAAAAACAGCAGATAAATCATATTTCTAAAGTAGTAGAT  
 CTAGAAAACCACTTGATAAATTTGTCTCAGGTTACTCAGGAGGTATGAA  
 AAGACGGCTTTCTTAGCCATCGCCCTACTTGGAAACCCACAGTTTAA  
 TCCTAGATGAACCTACCGTTGGAATTGATCCAATCTTGAGGAGAAAAATC  
 TGGCAAGAGCTAATTAATATTAAAGGATGAAGGACGTTCTATCTTTATTAC  
 AACCCACGTTATGGATGAAGCAGAATTACAAGTAAGGTTGCCTACTAT  
 TACGTGGAAACATTATTGCCCTTTGATACCTACATTATTTAAAAAACAA  
 TTTAATGTGAGTACTATTGAGGAAGTTTCTTAAAGCTGAAGGAGAA

## SEQ ID NO. 7603

## STRAIN A909

AAAAAAGTCATCGATTAAAAAACTACAAAAAGCATATGCCTCA  
 GAAACGGTTTAAATAATATTAAATTTGGAGGTGTTTAAAGGCGAAATAAT  
 TGGATTAAATAGGACCCCTCTGGAGCAGGGAATCTACCTTGATTAAAACTA  
 TGCTTGGCATGGAAAAAGCAGATAAGGGAACAGCTCTTGTCTTGATACT  
 CAAATGCCAGATCATAATATTTTAAATCAAATTGGCTATATGGCTCAATC  
 TGATGCCCTTATACGAGTCTTAACTGGCTTAGAAAAATTTATTATTCTTTG  
 GAAAAATGAAGGTATTCAAAAACTGAATTAAAAACAGCAGATAAATCAT  
 ATTTCTAAAGTAGTAGATCTAGAAAACCACTTGATAAATTTGTCTCAGG  
 TTAATCAGGAGGTATGAAAAGACGGCTTTCTTAGCCATCGCCCTACTTG  
 GAAACCCACAGTTTAAATCCTAGATGAACCTACCGTTGGAATTGATCCA  
 TCCTTGAGGAGAAAAATCTGGCAAGAGCTAATTAATATTAAAGGATGAAGG  
 ACGTTCTATCTTTATTACAACCCACGTTATGGATGAAGCAGAATTAAACA  
 GTAAGGTTGCCTACTATTACGTGGAAACATTATTGCCCTTTGATACCTCA  
 TTACATTTAAAAAACCAATTTAATGTGAGTACTATTGAGGAAGTTTCTT  
 AAAAGCTGAAGGAGAA

## SEQ ID NO. 7604

## STRAIN H36B

AAAAAAGTCATTGATTAAAAAACTACAAAAAGCATATGCC  
 TCAGAAACCGTTTAAATAATATTAAATTTGGAGGTGTTTAAAGGCGAAAT  
 AATTGGATTAAATAGGACCCCTCTGGAGCAGGGAATCTACCTTGATTAAAA  
 CTATGCTTGGCATGGAAAAAGCAGATAAGGGAACAGCTCTTGTCTTGAT  
 ACTCAATGCCAGATCGTAATATTTTAAATCAAATTGGCTATATGGCTCA  
 ATCTGATGCCCTTATACGAGTCTTAACTGGCTTAGAAAAATTTATTATTCT  
 TTGAAAAATGAAGGTATTCAAAAACTGAATTAAAAACAGCAGATAAAT  
 CATATTTCTAAAGTAGTAGATCTAGAAAAACCACTTGATAAATTTGTCTC  
 AGGTTACTCAGGAGGTATGAAAAGACGGCTTTCTTAGCCATCGCCCTAC  
 TTGAAACCCACAGTTTAAATCCTAGATGAACCTACCGTTGGAATTGAT  
 CCATCCTTGAGGAGAAAAATCTGGCAAGAGCTAATTAATATTAAAGGATGA  
 AGGACGTTCTATCTTTATTACAACCCACGTTATGGATGAAGCAGAATTAA  
 CAAGTAAGGTTGCCTACTATTACGTGGAAACATTATTGCCCTTTGATAC  
 CCATTACATTTAAAAAACCAATTTAATGTGAGTACTATTGAGGAAGTTT  
 CTTAAAGCTGAAGGAGAA

## SEQ ID NO. 7605

## STRAIN 18RS21

GATTTAAAAAACTACAAAAAGCATATGCCTCAGAAACCGTTTAAATAA  
 TATTAAATTTGGAGGTGTTTAAAGGCGAAATAATTGGATTAAATAGGACCCCT  
 CTGGAGCAGGGAATCTACCTTGATTAAAACTATGCTTGGCATGGAAAAA  
 GCAGATAAGGGAACAGCTCTTGTCTTGATACTCAAAATGCCAGATCGTAA  
 TATTTTAAATCAAATTGGCTATATGGCTCAATCTGATGCCCTTATACGAGT  
 CTTTAACTGGCTTAGAAAAATTTATTATTCTTTGGAAAAATGAAAGGTATT  
 CAAAAACTGAATTAAAAACAGCAGATAAATCATATTTCTAAAGTAGTAGA  
 TCTAGAAAAACCACTTGATAAATTTGTCTCAGGTTACTCAGGAGGTATGA  
 AAAGACGGCTTTCTCTAGCCATCGCCCTACTTGGAAACCCACAGTTTAA  
 ATCCTAGATGAACCTACCGTTGGAATTGATCCATCCTTGAGGAGAAAAAT  
 CTGGCAAGAGCTAATTAATATTAAAGGATGAAGGACATTCTATCTTTATTA  
 CAACCCACGTTATGGATGAAGCAGAATTACAAGTAAGGTTGCCTACTA



Table 76: Comparative Sequences relating to SAG0260

TTACGTGGAACATTATTGCCTTTGATACTCCATTACATTTAAAAAACA  
ATTTAATGTGAGTACTATTGAGGAAGTTTCTTAAAGCTGAAGGAGAA

SEQ ID NO. 7606

STRAIN M732

AAAAAAGTCATCGATTTAAAAAACTACAAAAGCATACGCCTCA  
GAAACTGTTTTAAATAATATTAAATTTGGAGGTGTTTAAAGGAGAAATAAT  
TGGATTAAATAGGACCCCTCTGGAGCAGGGAATCTACCTTGATTAAACTA  
TGCTTGGCATGGA AAAAGCAGATAAGGGAACAGCTCTTGTCTTGATACT  
CAAATGCCAGATCGTAATATTTTAAATCAAATGGCTATATGGCTCAATC  
TGATGCCTTACACGAGTCTTAACTGGCTTAGAAAATTTATTATTCTTTG  
GAAAAATGAAAGGTATTCAAAAACTGAATTAAACAGCAGATAACTCAT  
ATTTCTAAAGTAGTAGATCTAGAAAACCAACTTGATAAATTTGTCTCAGG  
TTACTCAGGAGGTATGAAAAGACGGCTTTCTCTAGCCATCGCCCTACTTG  
GAAACCCACAGTTTTAATCCTAGATGAACCTACCGTTGGAATTGATCCA  
TCCTTGAGGAGAAAAATCTGGCAAGAGCTAATTAATTTAAGGATGAAGG  
ACGTTCTATCTTTATTACAACCCACGTTATGGATGAAGCAGAATTAACAA  
GTAAGGTTGCACTACTATTACGTGGAACATTTATGCCTTTGATACTCCA  
TTACATTTAAAAAACAATTTAATGTGAGTACTATTGAGGAAGTTTCTT  
AAAAAGCTGAAGGAGAA

SEQ ID NO. 7607

STRAIN COH1

AAAAAAGTCATCGATTTAAAAAACTACAAAAGCATACGCCTCAGAA  
ACTGTTTTAAATAATATTAAATTTGGAGGTGTTTAAAGGAGAAATAATGG  
ATTAAATAGGACCCCTCTGGAGCAGGGAATCTACCTTGATTAAACTATGC  
TTGGCATGGA AAAAGCAGATAAGGGAACAGCTCTTGTCTTGATACTCAA  
ATGCCAGATCGTAATATTTTAAATCAAATGGCTATATGGCTCAATCTGA  
TGCTTTACACGAGTCTTAACTGGCTTAGAAAATTTATTATTCTTTGGAA  
AAATGAAAGGTATTCAAAAACTGAATTAAACAGCAGATAACTCATATT  
TCTAAAGTAGTAGATCTAGAAAACCAACTTGATAAATTTGTCTCAGGTTA  
CTCAGGAGGTATGAAAAGACGGCTTTCTCTAGCCATCGCCCTACTTGGA  
ACCCACAGTTTTAATCCTAGATGAACCTACCGTTGGAATTGATCCATCC  
TTGAGGAGAAAAATCTGGCAAGAGCTAATTAATTTAAGGATGAAGGACG  
TTCTATCTTTATTACAACCCACGTTATGGATGAAGCAGAATTAACAAGTA  
AGTTGCACTACTATTACGTGGAACATTTATGCCTTTGATACTCCATTA  
CATTTAAAAAACAATTTAATGTGAGTACTATTGAGGAAG

SEQ ID NO. 7608

STRAIN M781

AAAAAAGTCATCGATTTAAAAAACTACAAAAGCATAC  
GCCTCAGAAACTGTTTTAAATAATATTAAATTTGGAGGTGTTTAAAGGAGA  
AATAATTTGGATTAAATAGGACCCCTCTGGAGCAGGGAATCTACCTTGATT  
AACTATGCTTGGCATGGA AAAAGCAGATAAGGGAACAGCTCTTGTCTT  
GATACTCAAATGCCAGATCGTAATATTTTAAATCAAATGGCTATATGGC  
TCAATCTGATGCCTTACACGAGTCTTAACTGGCTTAGAAAATTTATTAT  
TCTTTGGA AAAAGGTATTCAAAAACTGAATTAAACAGCAGATA  
ACTCATATTCTAAAGTAGTAGATCTAGAAAACCAACTTGATAAATTTGT  
CTCAGGTTACTCAGGAGGTATGAAAAGACGGCTTTCTCTAGCCATCGCCC  
TACTTGGA AAAACCCACAGTTTTAATCCTAGATGAACCTACCGTTGGAAT  
GATCCATCTTGGAGGAAAAATCTGGCAAGAGCTAATTAATTTAAGGA  
TGAAGGACGTTCTATCTTTATTACAACCCACGTTATGGATGAAGCAGAAT  
TAACAAGTAAGGTTGCACTACTATTACGTGGAACATTTATGCCTTTGAT  
ACTCCATTACATTTAAAAAACAATTTAATGTGAGTACTATTGAGGAAGT  
TTTCTTAAAGCTGAAGGAGAA

SEQ ID NO. 7609

STRAIN CJB110

AAAAAAGTCATCGATTTAAAAAACTACAAAAGCATATG  
CCTCAGAAACTGTTTTAAATAATATTAAATTTGGAGGTGTTTAAAGGCGAA  
ATAATTTGGATTAAATAGGACCCCTCTGGAGCAGGGAATCTACCTTGATTAA  
AACTATGCTTGGCATGGA AAAAGCAGATAAGGGAACAGCTCTTGTCTTG  
ATACTCAAATGCCAGATCGTAATATTTTAAATCAAATGGCTATATGGCT  
CAATCTGATGCCTTATACGAATCTTAACTGCCTTAGAAAATTTATTATT  
CTTTGGA AAAAGGTATTCAAAAACTGAATTAAACAGCAGATAA  
CTCATATTTCTAAAGTAGTAGATCTAGAAAACCAACTTGATAAATTTGTC  
TCAGGTTACTCAGGAGGTATGAAAAGACGGCTTTCTCTAGCCATCGCCCT  
ACTTGGA AAAACCCACAGTTTTAATCCTAGATGAACCTACCGTTGGAATG  
ATCCATCTTGGAGGAAAAATCTGGCAAGAGCTAATTAATTTAAGGAT  
GAAGGACGTTCTATCTTTATTACAACCCACGTTATGGATGAAGCAGAAT  
AACAAAGTAAGGTTGCACTACTATTACGTGGAACATTTATGCCTTTGATA  
CTCCATTACATTTAAAAAACAATTTAATGTGAGTACTATTGAGGAAGTT  
TTCTTAAAGCTGAAGGAGAA

SEQ ID NO. 7610

STRAIN 1169NT

AAAAAAGTCATCGATTTAAAAAACTACAAAAGCATAC  
GCCTCAGAAACTGTTTTAAATAATATTAAATTTGGAGGTGTTTAAAGGCGA  
AATAATTTGGATTAAATAGGACCCCTCTGGAGCAGGGAATCTACCTTGATT  
AACTATGCTTGGCATGGA AAAAGCAGATAAGGGAACAGCTCTTGTCTT  
GATACTCAAATGCCAGATCGTAATATTTTAAATCAAATGGCTATATGGC  
TCAATCTGATGCCTTATACGAATCTTAACTGCCTTAGAAAATTTATTAT

Table 76: Comparative Sequences relating to SAG0260

TCTTTGGAAAAATGAAAGGTATTCAAAAACTGAATTAAACAGCAGATA  
 ACTCATATTTCTAAAGTAGTAGATCTAGAAAAACCACTTGATAAATTTGT  
 CTCAGGTTACTCAGGAGGTATGAAAGACGGCTTTCTAGCCATCGCCC  
 TACTTGGAAACCCACAGTTTAACTCCTAGATGAACCTACCGTTGGAATT  
 GATCCATCCTTGAGGAGAAAAATCTGGCAAGAGCTAATTAATATTAGGA  
 TGAAGGACGTTCTATCTTTATTACAACCCAGTTATGGATGAAGCAGAAT  
 TAACAAGTAAGGTTGCACTACTATTACGTGGAACATATTGCCTTTGAT  
 ACTCCATTACATTTAAAAAACAATTTAATGTGAGTACTATTGAGGAAGT  
 TTTCTTAAAGCTGAAGGAGAA

SEQ ID NO. 7611

STRAIN JM9130013

AAAAAAGTCATCGATTAAAAAACTACAAAAAGCATATGCC  
 TCAGAAACCGTTTAAATAATATTAAATTTGGAGGTGTTAAAGGCGAAAT  
 AATTGGATTAAAGGACCCCTCTGGAGCAGGGAATCTACCTTGATTAAAA  
 CTATGCTTGGCATGGAAAAAGCAGATAAGGGAACAGCTCTTGTCTTGAT  
 ACTCAAAATGCCAGATCGTAATTTTAAATCAAATTGGCTATATGGCTCA  
 ATCTGATGCCCTTATACGAGTCTTTAACTGGCTTAGAAAAATTTATTATTCT  
 TTGGAAAAATGAAAGGTATTCAAAAACTGAATTAAAAACAGCAGATAACT  
 CATATTTCTAAAGTAGTAGATCTAGAAAAACCACTTGATAAATTTGTCTC  
 AGGTTACTCAGGAGGTATGAAAGACGGCTTTCTAGCCATCGCCCTAC  
 TTGGAACCCACAGTTTAACTCCTAGATGAACCTACCGTTGGAATTGAT  
 CCATCTTGAGGAGAAAAATCTGGCAAGAGCTAATTAATATTAGGATGA  
 AGGACGTTCTATCTTTATTACAACCCAGTTATGGATGAAGCAGAATTAA  
 CAAGTAAGGTTGCACTACTATTACGTGGAACATATTGCCTTTGATACT  
 CCATTACATTTAAAAAACAATTTAATGTGAGTACTATTGAGGAAGTTT  
 CTTAAAGCTGAAGGAGAA

PRETTY of: /biotmp/msa134270.2{\*} April 10, 2003 02:14 ..

```

1                                     50
msa134270.2{391_COH1}  ---aaaaaag tcatcgATTT AAAAAAACTA CAAAAAGCAT AcGCCTCAGA
msa134270.2{391_M732}  ---aaaaaag tcatcgATTT AAAAAAACTA CAAAAAGCAT AcGCCTCAGA
msa134270.2{391_M781}  ---aaaaaag tcatcgATTT AAAAAAACTA CAAAAAGCAT AcGCCTCAGA
msa134270.2{391_090}  -----ATTT AAAAAAACTA CAAAAAGCAT AtGCCTCAGA
msa134270.2{391_CJB110} ---aaaaaag tcatcgATTT AAAAAAACTA CAAAAAGCAT AtGCCTCAGA
msa134270.2{391_1169NT} ---aaaaaag tcatcgATTT AAAAAAACTA CAAAAAGCAT AcGCCTCAGA
msa134270.2{391_18RS21} -----gATTT AAAAAAACTA CAAAAAGCAT AtGCCTCAGA
msa134270.2{391_2603}  atgaaaaaag tcatcgATTT AAAAAAACTA CAAAAAGCAT AtGCCTCAGA
msa134270.2{391_A909}  ---aaaaaag tcatcgATTT AAAAAAACTA CAAAAAGCAT AtGCCTCAGA
msa134270.2{391_JM9130013} ---aaaaaag tcatcgATTT AAAAAAACTA CAAAAAGCAT AtGCCTCAGA
msa134270.2{391_H36B}  ---aaaaaag tcattgATTT AAAAAAACTA CAAAAAGCAT AtGCCTCAGA
Consensus  ***----- *****
51                                     100
msa134270.2{391_COH1}  AAcTgTtTTA AATAATATTA ATTTGGAGGT GTTTAAAGGa GAAATAATTG
msa134270.2{391_M732}  AAcTgTtTTA AATAATATTA ATTTGGAGGT GTTTAAAGGa GAAATAATTG
msa134270.2{391_M781}  AAcTgTtTTA AATAATATTA ATTTGGAGGT GTTTAAAGGa GAAATAATTG
msa134270.2{391_090}  AAcTgTtTTA AATAATATTA ATTTGGAGGT GTTTAAAGGc GAAATAATTG
msa134270.2{391_CJB110} AAcTgTtTTA AATAATATTA ATTTGGAGGT GTTTAAAGGc GAAATAATTG
msa134270.2{391_1169NT} AAcTgTtTTA AATAATATTA ATTTGGAGGT GTTTAAAGGc GAAATAATTG
msa134270.2{391_18RS21} AACcGtTtTA AATAATATTA ATTTGGAGGT GTTTAAAGGc GAAATAATTG
msa134270.2{391_2603}  AACcGtTtTA AATAATATTA ATTTGGAGGT GTTTAAAGGc GAAATAATTG
msa134270.2{391_A909}  AACcGtTtTA AATAATATTA ATTTGGAGGT GTTTAAAGGc GAAATAATTG
msa134270.2{391_JM9130013} AACcGtTtTA AATAATATTA ATTTGGAGGT GTTTAAAGGc GAAATAATTG
msa134270.2{391_H36B}  AACcGtTtTA AATAATATTA ATTTGGAGGT GTTTAAAGGc GAAATAATTG
Consensus  ***-*****
101                                    150
msa134270.2{391_COH1}  GATTAAATAGG ACCCTCTGGA GCAGGGAAAT CTACCTTGAT TAAAACTATG
msa134270.2{391_M732}  GATTAAATAGG ACCCTCTGGA GCAGGGAAAT CTACCTTGAT TAAAACTATG
msa134270.2{391_M781}  GATTAAATAGG ACCCTCTGGA GCAGGGAAAT CTACCTTGAT TAAAACTATG
msa134270.2{391_090}  GATTAAATAGG ACCCTCTGGA GCAGGGAAAT CTACCTTGAT TAAAACTATG
msa134270.2{391_CJB110} GATTAAATAGG ACCCTCTGGA GCAGGGAAAT CTACCTTGAT TAAAACTATG
msa134270.2{391_1169NT} GATTAAATAGG ACCCTCTGGA GCAGGGAAAT CTACCTTGAT TAAAACTATG
msa134270.2{391_18RS21} GATTAAATAGG ACCCTCTGGA GCAGGGAAAT CTACCTTGAT TAAAACTATG
msa134270.2{391_2603}  GATTAAATAGG ACCCTCTGGA GCAGGGAAAT CTACCTTGAT TAAAACTATG
msa134270.2{391_A909}  GATTAAATAGG ACCCTCTGGA GCAGGGAAAT CTACCTTGAT TAAAACTATG
msa134270.2{391_JM9130013} GATTAAATAGG ACCCTCTGGA GCAGGGAAAT CTACCTTGAT TAAAACTATG
msa134270.2{391_H36B}  GATTAAATAGG ACCCTCTGGA GCAGGGAAAT CTACCTTGAT TAAAACTATG
Consensus  *****
151                                    200
msa134270.2{391_COH1}  CTTGGCATGG AAAAAGCAGA TAAGGGAACA GCTCTTGTTT TTGATACTCA
msa134270.2{391_M732}  CTTGGCATGG AAAAAGCAGA TAAGGGAACA GCTCTTGTTT TTGATACTCA
msa134270.2{391_M781}  CTTGGCATGG AAAAAGCAGA TAAGGGAACA GCTCTTGTTT TTGATACTCA
msa134270.2{391_090}  CTTGGCATGG AAAAAGCAGA TAAGGGAACA GCTCTTGTTT TTGATACTCA
msa134270.2{391_CJB110} CTTGGCATGG AAAAAGCAGA TAAGGGAACA GCTCTTGTTT TTGATACTCA
msa134270.2{391_1169NT} CTTGGCATGG AAAAAGCAGA TAAGGGAACA GCTCTTGTTT TTGATACTCA
msa134270.2{391_18RS21} CTTGGCATGG AAAAAGCAGA TAAGGGAACA GCTCTTGTTT TTGATACTCA
msa134270.2{391_2603}  CTTGGCATGG AAAAAGCAGA TAAGGGAACA GCTCTTGTTT TTGATACTCA
msa134270.2{391_A909}  CTTGGCATGG AAAAAGCAGA TAAGGGAACA GCTCTTGTTT TTGATACTCA

```

Table 76: Comparative Sequences relating to SAG0260

msa134270.2{391_JM9130013}	CTTGGCATGG	AAAAAGCAGA	TAAGGGAACA	GCTCTTGTTT	TTGATACTCA
msa134270.2{391_H36B}	CTTGGCATGG	AAAAAGCAGA	TAAGGGAACA	GCTCTTGTTT	TTGATACTCA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
201					
msa134270.2{391_COH1}	AATGCCAGAT	CgTAATATTT	TAAATCAAAT	TGGCTATATG	GCTCAATCTG
msa134270.2{391_M732}	AATGCCAGAT	CgTAATATTT	TAAATCAAAT	TGGCTATATG	GCTCAATCTG
msa134270.2{391_M781}	AATGCCAGAT	CgTAATATTT	TAAATCAAAT	TGGCTATATG	GCTCAATCTG
msa134270.2{391_090}	AATGCCAGAT	CgTAATATTT	TAAATCAAAT	TGGCTATATG	GCTCAATCTG
msa134270.2{391_CJB110}	AATGCCAGAT	CgTAATATTT	TAAATCAAAT	TGGCTATATG	GCTCAATCTG
msa134270.2{391_1169NT}	AATGCCAGAT	CgTAATATTT	TAAATCAAAT	TGGCTATATG	GCTCAATCTG
msa134270.2{391_18RS21}	AATGCCAGAT	CgTAATATTT	TAAATCAAAT	TGGCTATATG	GCTCAATCTG
msa134270.2{391_2603}	AATGCCAGAT	CgTAATATTT	TAAATCAAAT	TGGCTATATG	GCTCAATCTG
msa134270.2{391_A909}	AATGCCAGAT	CgTAATATTT	TAAATCAAAT	TGGCTATATG	GCTCAATCTG
msa134270.2{391_JM9130013}	AATGCCAGAT	CgTAATATTT	TAAATCAAAT	TGGCTATATG	GCTCAATCTG
msa134270.2{391_H36B}	AATGCCAGAT	CgTAATATTT	TAAATCAAAT	TGGCTATATG	GCTCAATCTG
Consensus	*****	*-*****	*****	*****	*****
251					
msa134270.2{391_COH1}	ATGCCCTTAcA	CGAgTCITTA	ACTGgCTTAG	AAAATTTATT	ATTCTTTGGA
msa134270.2{391_M732}	ATGCCCTTAcA	CGAgTCITTA	ACTGgCTTAG	AAAATTTATT	ATTCTTTGGA
msa134270.2{391_M781}	ATGCCCTTAcA	CGAgTCITTA	ACTGgCTTAG	AAAATTTATT	ATTCTTTGGA
msa134270.2{391_090}	ATGCCCTTAcA	CGAaTCITTA	ACTGcCTTAG	AAAATTTATT	ATTCTTTGGA
msa134270.2{391_CJB110}	ATGCCCTTAcA	CGAaTCITTA	ACTGcCTTAG	AAAATTTATT	ATTCTTTGGA
msa134270.2{391_1169NT}	ATGCCCTTAcA	CGAaTCITTA	ACTGcCTTAG	AAAATTTATT	ATTCTTTGGA
msa134270.2{391_18RS21}	ATGCCCTTAcA	CGAgTCITTA	ACTGgCTTAG	AAAATTTATT	ATTCTTTGGA
msa134270.2{391_2603}	ATGCCCTTAcA	CGAgTCITTA	ACTGgCTTAG	AAAATTTATT	ATTCTTTGGA
msa134270.2{391_A909}	ATGCCCTTAcA	CGAgTCITTA	ACTGgCTTAG	AAAATTTATT	ATTCTTTGGA
msa134270.2{391_JM9130013}	ATGCCCTTAcA	CGAgTCITTA	ACTGgCTTAG	AAAATTTATT	ATTCTTTGGA
msa134270.2{391_H36B}	ATGCCCTTAcA	CGAgTCITTA	ACTGgCTTAG	AAAATTTATT	ATTCTTTGGA
Consensus	*****	***-*****	***-*****	*****	*****
301					
msa134270.2{391_COH1}	AAAATGAAAG	GTATTCAAAA	AACTGAATTA	AAACAGCAGA	TAACTCATAT
msa134270.2{391_M732}	AAAATGAAAG	GTATTCAAAA	AACTGAATTA	AAACAGCAGA	TAACTCATAT
msa134270.2{391_M781}	AAAATGAAAG	GTATTCAAAA	AACTGAATTA	AAACAGCAGA	TAACTCATAT
msa134270.2{391_090}	AAAATGAAAG	GTATTCAAAA	AACTGAATTA	AAACAGCAGA	TAACTCATAT
msa134270.2{391_CJB110}	AAAATGAAAG	GTATTCAAAA	AACTGAATTA	AAACAGCAGA	TAACTCATAT
msa134270.2{391_1169NT}	AAAATGAAAG	GTATTCAAAA	AACTGAATTA	AAACAGCAGA	TAACTCATAT
msa134270.2{391_18RS21}	AAAATGAAAG	GTATTCAAAA	AACTGAATTA	AAACAGCAGA	TAACTCATAT
msa134270.2{391_2603}	AAAATGAAAG	GTATTCAAAA	AACTGAATTA	AAACAGCAGA	TAACTCATAT
msa134270.2{391_A909}	AAAATGAAAG	GTATTCAAAA	AACTGAATTA	AAACAGCAGA	TAACTCATAT
msa134270.2{391_JM9130013}	AAAATGAAAG	GTATTCAAAA	AACTGAATTA	AAACAGCAGA	TAACTCATAT
msa134270.2{391_H36B}	AAAATGAAAG	GTATTCAAAA	AACTGAATTA	AAACAGCAGA	TAACTCATAT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
351					
msa134270.2{391_COH1}	TTCTAAAGTA	GTAGATCTAG	AAAACCAACT	TGATAAATTT	GTCTCAGGTT
msa134270.2{391_M732}	TTCTAAAGTA	GTAGATCTAG	AAAACCAACT	TGATAAATTT	GTCTCAGGTT
msa134270.2{391_M781}	TTCTAAAGTA	GTAGATCTAG	AAAACCAACT	TGATAAATTT	GTCTCAGGTT
msa134270.2{391_090}	TTCTAAAGTA	GTAGATCTAG	AAAACCAACT	TGATAAATTT	GTCTCAGGTT
msa134270.2{391_CJB110}	TTCTAAAGTA	GTAGATCTAG	AAAACCAACT	TGATAAATTT	GTCTCAGGTT
msa134270.2{391_1169NT}	TTCTAAAGTA	GTAGATCTAG	AAAACCAACT	TGATAAATTT	GTCTCAGGTT
msa134270.2{391_18RS21}	TTCTAAAGTA	GTAGATCTAG	AAAACCAACT	TGATAAATTT	GTCTCAGGTT
msa134270.2{391_2603}	TTCTAAAGTA	GTAGATCTAG	AAAACCAACT	TGATAAATTT	GTCTCAGGTT
msa134270.2{391_A909}	TTCTAAAGTA	GTAGATCTAG	AAAACCAACT	TGATAAATTT	GTCTCAGGTT
msa134270.2{391_JM9130013}	TTCTAAAGTA	GTAGATCTAG	AAAACCAACT	TGATAAATTT	GTCTCAGGTT
msa134270.2{391_H36B}	TTCTAAAGTA	GTAGATCTAG	AAAACCAACT	TGATAAATTT	GTCTCAGGTT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
401					
msa134270.2{391_COH1}	ACTCAGGAGG	TATGAAAAGA	CGGCTTTCTC	TAGCCATCGC	CCTACTTGGA
msa134270.2{391_M732}	ACTCAGGAGG	TATGAAAAGA	CGGCTTTCTC	TAGCCATCGC	CCTACTTGGA
msa134270.2{391_M781}	ACTCAGGAGG	TATGAAAAGA	CGGCTTTCTC	TAGCCATCGC	CCTACTTGGA
msa134270.2{391_090}	ACTCAGGAGG	TATGAAAAGA	CGGCTTTCTC	TAGCCATCGC	CCTACTTGGA
msa134270.2{391_CJB110}	ACTCAGGAGG	TATGAAAAGA	CGGCTTTCTC	TAGCCATCGC	CCTACTTGGA
msa134270.2{391_1169NT}	ACTCAGGAGG	TATGAAAAGA	CGGCTTTCTC	TAGCCATCGC	CCTACTTGGA
msa134270.2{391_18RS21}	ACTCAGGAGG	TATGAAAAGA	CGGCTTTCTC	TAGCCATCGC	CCTACTTGGA
msa134270.2{391_2603}	ACTCAGGAGG	TATGAAAAGA	CGGCTTTCTC	TAGCCATCGC	CCTACTTGGA
msa134270.2{391_A909}	ACTCAGGAGG	TATGAAAAGA	CGGCTTTCTC	TAGCCATCGC	CCTACTTGGA
msa134270.2{391_JM9130013}	ACTCAGGAGG	TATGAAAAGA	CGGCTTTCTC	TAGCCATCGC	CCTACTTGGA
msa134270.2{391_H36B}	ACTCAGGAGG	TATGAAAAGA	CGGCTTTCTC	TAGCCATCGC	CCTACTTGGA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
451					
msa134270.2{391_COH1}	AACCCACAG	TTTTAATCCT	AGATGAACCT	ACCGTTGGAA	TTGATCCATC
msa134270.2{391_M732}	AACCCACAG	TTTTAATCCT	AGATGAACCT	ACCGTTGGAA	TTGATCCATC
msa134270.2{391_M781}	AACCCACAG	TTTTAATCCT	AGATGAACCT	ACCGTTGGAA	TTGATCCATC
msa134270.2{391_090}	AACCCACAG	TTTTAATCCT	AGATGAACCT	ACCGTTGGAA	TTGATCCATC
msa134270.2{391_CJB110}	AACCCACAG	TTTTAATCCT	AGATGAACCT	ACCGTTGGAA	TTGATCCATC
msa134270.2{391_1169NT}	AACCCACAG	TTTTAATCCT	AGATGAACCT	ACCGTTGGAA	TTGATCCATC
msa134270.2{391_18RS21}	AACCCACAG	TTTTAATCCT	AGATGAACCT	ACCGTTGGAA	TTGATCCATC
msa134270.2{391_2603}	AACCCACAG	TTTTAATCCT	AGATGAACCT	ACCGTTGGAA	TTGATCCATC

Table 76: Comparative Sequences relating to SAG0260

msa134270.2{391_A909}	AACCCACAG	TTTTAATCCT	AGATGAACCT	ACCGTTGGAA	TTGATCCATC
msa134270.2{391_JM9130013}	AACCCACAG	TTTTAATCCT	AGATGAACCT	ACCGTTGGAA	TTGATCCATC
msa134270.2{391_H36B}	AACCCACAG	TTTTAATCCT	AGATGAACCT	ACCGTTGGAA	TTGATCCATC
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa134270.2{391_COH1}	CTTGAGGAGA	AAAATCTGGC	AAGAGCTAAT	TAATATTAAG	GATGAAGGAC
msa134270.2{391_M732}	CTTGAGGAGA	AAAATCTGGC	AAGAGCTAAT	TAATATTAAG	GATGAAGGAC
msa134270.2{391_M781}	CTTGAGGAGA	AAAATCTGGC	AAGAGCTAAT	TAATATTAAG	GATGAAGGAC
msa134270.2{391_090}	CTTGAGGAGA	AAAATCTGGC	AAGAGCTAAT	TAATATTAAG	GATGAAGGAC
msa134270.2{391_CJB110}	CTTGAGGAGA	AAAATCTGGC	AAGAGCTAAT	TAATATTAAG	GATGAAGGAC
msa134270.2{391_1169NT}	CTTGAGGAGA	AAAATCTGGC	AAGAGCTAAT	TAATATTAAG	GATGAAGGAC
msa134270.2{391_18RS21}	CTTGAGGAGA	AAAATCTGGC	AAGAGCTAAT	TAATATTAAG	GATGAAGGAC
msa134270.2{391_2603}	CTTGAGGAGA	AAAATCTGGC	AAGAGCTAAT	TAATATTAAG	GATGAAGGAC
msa134270.2{391_A909}	CTTGAGGAGA	AAAATCTGGC	AAGAGCTAAT	TAATATTAAG	GATGAAGGAC
msa134270.2{391_JM9130013}	CTTGAGGAGA	AAAATCTGGC	AAGAGCTAAT	TAATATTAAG	GATGAAGGAC
msa134270.2{391_H36B}	CTTGAGGAGA	AAAATCTGGC	AAGAGCTAAT	TAATATTAAG	GATGAAGGAC
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa134270.2{391_COH1}	gTTCTATCTT	TATTACAACC	CACGTTATGG	ATGAAGCAGA	ATTAAACAAGT
msa134270.2{391_M732}	gTTCTATCTT	TATTACAACC	CACGTTATGG	ATGAAGCAGA	ATTAAACAAGT
msa134270.2{391_M781}	gTTCTATCTT	TATTACAACC	CACGTTATGG	ATGAAGCAGA	ATTAAACAAGT
msa134270.2{391_090}	gTTCTATCTT	TATTACAACC	CACGTTATGG	ATGAAGCAGA	ATTAAACAAGT
msa134270.2{391_CJB110}	gTTCTATCTT	TATTACAACC	CACGTTATGG	ATGAAGCAGA	ATTAAACAAGT
msa134270.2{391_1169NT}	gTTCTATCTT	TATTACAACC	CACGTTATGG	ATGAAGCAGA	ATTAAACAAGT
msa134270.2{391_18RS21}	gTTCTATCTT	TATTACAACC	CACGTTATGG	ATGAAGCAGA	ATTAAACAAGT
msa134270.2{391_2603}	gTTCTATCTT	TATTACAACC	CACGTTATGG	ATGAAGCAGA	ATTAAACAAGT
msa134270.2{391_A909}	gTTCTATCTT	TATTACAACC	CACGTTATGG	ATGAAGCAGA	ATTAAACAAGT
msa134270.2{391_JM9130013}	gTTCTATCTT	TATTACAACC	CACGTTATGG	ATGAAGCAGA	ATTAAACAAGT
msa134270.2{391_H36B}	gTTCTATCTT	TATTACAACC	CACGTTATGG	ATGAAGCAGA	ATTAAACAAGT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa134270.2{391_COH1}	AAGGTTGCAC	TACTATTACG	TGGAAACATT	ATTGCCCTTG	ATACTCCATT
msa134270.2{391_M732}	AAGGTTGCAC	TACTATTACG	TGGAAACATT	ATTGCCCTTG	ATACTCCATT
msa134270.2{391_M781}	AAGGTTGCAC	TACTATTACG	TGGAAACATT	ATTGCCCTTG	ATACTCCATT
msa134270.2{391_090}	AAGGTTGCAC	TACTATTACG	TGGAAACATT	ATTGCCCTTG	ATACTCCATT
msa134270.2{391_CJB110}	AAGGTTGCAC	TACTATTACG	TGGAAACATT	ATTGCCCTTG	ATACTCCATT
msa134270.2{391_1169NT}	AAGGTTGCAC	TACTATTACG	TGGAAACATT	ATTGCCCTTG	ATACTCCATT
msa134270.2{391_18RS21}	AAGGTTGCAC	TACTATTACG	TGGAAACATT	ATTGCCCTTG	ATACTCCATT
msa134270.2{391_2603}	AAGGTTGCAC	TACTATTACG	TGGAAACATT	ATTGCCCTTG	ATACTCCATT
msa134270.2{391_A909}	AAGGTTGCAC	TACTATTACG	TGGAAACATT	ATTGCCCTTG	ATACTCCATT
msa134270.2{391_JM9130013}	AAGGTTGCAC	TACTATTACG	TGGAAACATT	ATTGCCCTTG	ATACTCCATT
msa134270.2{391_H36B}	AAGGTTGCAC	TACTATTACG	TGGAAACATT	ATTGCCCTTG	ATACTCCATT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa134270.2{391_COH1}	ACATTTAAAA	AAACAATTTA	ATGTGAGTAC	TATTGAGGAA	G-----
msa134270.2{391_M732}	ACATTTAAAA	AAACAATTTA	ATGTGAGTAC	TATTGAGGAA	GTTTTCITAA
msa134270.2{391_M781}	ACATTTAAAA	AAACAATTTA	ATGTGAGTAC	TATTGAGGAA	GTTTTCITAA
msa134270.2{391_090}	ACATTTAAAA	AAACAATTTA	ATGTGAGTAC	TATTGAGGAA	GTTTTCITAA
msa134270.2{391_CJB110}	ACATTTAAAA	AAACAATTTA	ATGTGAGTAC	TATTGAGGAA	GTTTTCITAA
msa134270.2{391_1169NT}	ACATTTAAAA	AAACAATTTA	ATGTGAGTAC	TATTGAGGAA	GTTTTCITAA
msa134270.2{391_18RS21}	ACATTTAAAA	AAACAATTTA	ATGTGAGTAC	TATTGAGGAA	GTTTTCITAA
msa134270.2{391_2603}	ACATTTAAAA	AAACAATTTA	ATGTGAGTAC	TATTGAGGAA	GTTTTCITAA
msa134270.2{391_A909}	ACATTTAAAA	AAACAATTTA	ATGTGAGTAC	TATTGAGGAA	GTTTTCITAA
msa134270.2{391_JM9130013}	ACATTTAAAA	AAACAATTTA	ATGTGAGTAC	TATTGAGGAA	GTTTTCITAA
msa134270.2{391_H36B}	ACATTTAAAA	AAACAATTTA	ATGTGAGTAC	TATTGAGGAA	GTTTTCITAA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa134270.2{391_COH1}	AAGCTGAAGG	AGAA			
msa134270.2{391_M732}	AAGCTGAAGG	AGAA			
msa134270.2{391_M781}	AAGCTGAAGG	AGAA			
msa134270.2{391_090}	AAGCTGAAGG	AGAA			
msa134270.2{391_CJB110}	AAGCTGAAGG	AGAA			
msa134270.2{391_1169NT}	AAGCTGAAGG	AGAA			
msa134270.2{391_18RS21}	AAGCTGAAGG	AGAA			
msa134270.2{391_2603}	AAGCTGAAGG	AGAA			
msa134270.2{391_A909}	AAGCTGAAGG	AGAA			
msa134270.2{391_JM9130013}	AAGCTGAAGG	AGAA			
msa134270.2{391_H36B}	AAGCTGAAGG	AGAA			
Consensus	*****	****			

SEQ ID NO. 7612

STRAIN 2603 frame: 1

KKVIDLKKLQKAYASETVLNNINLEVPKGEIIGLIGPSGAGKSTLIKTLGMEKADKGTALVLDLQMPDRNINLQIGYMAQSDALYESLTGLENLFFPGKMKGIQKTELKQKQITHISKVV  
 DLENQDLKPFVSGYSGYSGMKRRLLSLAIALGNPTVLILDEPTVIGIDPSLRRIKQELINIKD  
 EGHISIFITTHVMEABELTSKVALLLRGNILAPDTPLHLKKQFNV

SEQ ID NO. 7613

Table 76: Comparative Sequences relating to SAG0260

## STRAIN 090 frame: 3

LKKLQKAYASETVLNNINLEVFKEIIGLIGPSGAGKSTLIKTMGMKADKGTALVLD  
QMPDRNINLQIGYMAQSDALYESLTALLENLLFFGKMKGIQKTELKQOITHISKVV  
LDKFVSGYSGGMRRLSLAIALGNPTVLILDEPTVGIDPSLRRIWQELINIKDEGRSI  
FITTHVMDAELTSKVALLLRGNI IAFDTPLHLKKQFNV

## SEQ ID NO. 7614

## STRAIN A909 frame: 1

KKVIDLKKLQKAYASETVLNNINLEVFKEIIGLIGPSGAGKSTLIKTMGMKADKGT  
LVLDTQMPDRNINLQIGYMAQSDALYESLTGLENLLFFGKMKGIQKTELKQOITHISKVV  
DLENQLDKFVSGYSGGMRRLSLAIALGNPTVLILDEPTVGIDPSLRRIWQELINIKD  
EGRSIFITTHVMDAELTSKVALLLRGNI IAFDTPLHLKKQFNV

## SEQ ID NO. 7615

## STRAIN H36B frame: 1

KKVIDLKKLQKAYASETVLNNINLEVFKEIIGLIGPSGAGKSTLIKTMGMKADKGT  
LVLDTQMPDRNINLQIGYMAQSDALYESLTGLENLLFFGKMKGIQKTELKQOITHISKVV  
DLENQLDKFVSGYSGGMRRLSLAIALGNPTVLILDEPTVGIDPSLRRIWQELINIKD  
EGRSIFITTHVMDAELTSKVALLLRGNI IAFDTPLHLKKQFNV

## SEQ ID NO. 7616

## STRAIN 18RS21 frame: 1

DLKKLQKAYASETVLNNINLEVFKEIIGLIGPSGAGKSTLIKTMGMKADKGTALVLD  
TQMPDRNINLQIGYMAQSDALYESLTGLENLLFFGKMKGIQKTELKQOITHISKVV  
LDKFVSGYSGGMRRLSLAIALGNPTVLILDEPTVGIDPSLRRIWQELINIKDEGHS  
IFITTHVMDAELTSKVALLLRGNI IAFDTPLHLKKQFNV

## SEQ ID NO. 7617

## STRAIN M732 frame: 1

KKVIDLKKLQKAYASETVLNNINLEVFKEIIGLIGPSGAGKSTLIKTMGMKADKGT  
LVLDTQMPDRNINLQIGYMAQSDALHESLTGLENLLFFGKMKGIQKTELKQOITHISKVV  
DLENQLDKFVSGYSGGMRRLSLAIALGNPTVLILDEPTVGIDPSLRRIWQELINIKD  
EGRSIFITTHVMDAELTSKVALLLRGNI IAFDTPLHLKKQFNV

## SEQ ID NO. 7618

## STRAIN COH1 frame: 1

KKVIDLKKLQKAYASETVLNNINLEVFKEIIGLIGPSGAGKSTLIKTMGMKADKGT  
LVLDTQMPDRNINLQIGYMAQSDALHESLTGLENLLFFGKMKGIQKTELKQOITHISKVV  
DLENQLDKFVSGYSGGMRRLSLAIALGNPTVLILDEPTVGIDPSLRRIWQELINIKD  
EGRSIFITTHVMDAELTSKVALLLRGNI IAFDTPLHLKKQFNV

## SEQ ID NO. 7619

## STRAIN M781 frame: 1

KKVIDLKKLQKAYASETVLNNINLEVFKEIIGLIGPSGAGKSTLIKTMGMKADKGT  
LVLDTQMPDRNINLQIGYMAQSDALHESLTGLENLLFFGKMKGIQKTELKQOITHISKVV  
DLENQLDKFVSGYSGGMRRLSLAIALGNPTVLILDEPTVGIDPSLRRIWQELINIKD  
EGRSIFITTHVMDAELTSKVALLLRGNI IAFDTPLHLKKQFNV

## SEQ ID NO. 7620

## STRAIN CJB110 frame: 1

KKVIDLKKLQKAYASETVLNNINLEVFKEIIGLIGPSGAGKSTLIKTMGMKADKGT  
LVLDTQMPDRNINLQIGYMAQSDALYESLTALLENLLFFGKMKGIQKTELKQOITHISKVV  
DLENQLDKFVSGYSGGMRRLSLAIALGNPTVLILDEPTVGIDPSLRRIWQELINIKD  
EGRSIFITTHVMDAELTSKVALLLRGNI IAFDTPLHLKKQFNV

## SEQ ID NO. 7621

## STRAIN 1169NT frame: 1

KKVIDLKKLQKAYASETVLNNINLEVFKEIIGLIGPSGAGKSTLIKTMGMKADKGT  
LVLDTQMPDRNINLQIGYMAQSDALYESLTALLENLLFFGKMKGIQKTELKQOITHISKVV  
DLENQLDKFVSGYSGGMRRLSLAIALGNPTVLILDEPTVGIDPSLRRIWQELINIKD  
EGRSIFITTHVMDAELTSKVALLLRGNI IAFDTPLHLKKQFNV

## SEQ ID NO. 7622

## STRAIN JM9130013 frame: 1

KKVIDLKKLQKAYASETVLNNINLEVFKEIIGLIGPSGAGKSTLIKTMGMKADKGT  
LVLDTQMPDRNINLQIGYMAQSDALYESLTGLENLLFFGKMKGIQKTELKQOITHISKVV  
DLENQLDKFVSGYSGGMRRLSLAIALGNPTVLILDEPTVGIDPSLRRIWQELINIKD  
EGRSIFITTHVMDAELTSKVALLLRGNI IAFDTPLHLKKQFNV

PRETTY of: /biotmp/msa134470.2(\*) April 10, 2003 02:16 ..

	1	50
msa134470.2{391_090}	-----LKKLQ KAYASETVLN NINLEVFKEI IIGLIGPSGA GKSTLIKTM	
msa134470.2{391_1169NT}	KKVIDLKKLQ KAYASETVLN NINLEVFKEI IIGLIGPSGA GKSTLIKTM	
msa134470.2{391_CJB110}	KKVIDLKKLQ KAYASETVLN NINLEVFKEI IIGLIGPSGA GKSTLIKTM	
msa134470.2{391_COH1}	KKVIDLKKLQ KAYASETVLN NINLEVFKEI IIGLIGPSGA GKSTLIKTM	
msa134470.2{391_M732}	KKVIDLKKLQ KAYASETVLN NINLEVFKEI IIGLIGPSGA GKSTLIKTM	
msa134470.2{391_M781}	KKVIDLKKLQ KAYASETVLN NINLEVFKEI IIGLIGPSGA GKSTLIKTM	
msa134470.2{391_18RS21}	-----DLKKLQ KAYASETVLN NINLEVFKEI IIGLIGPSGA GKSTLIKTM	
msa134470.2{391_2603}	KKVIDLKKLQ KAYASETVLN NINLEVFKEI IIGLIGPSGA GKSTLIKTM	
msa134470.2{391_H36B}	KKVIDLKKLQ KAYASETVLN NINLEVFKEI IIGLIGPSGA GKSTLIKTM	
msa134470.2{391_JM9130013}	KKVIDLKKLQ KAYASETVLN NINLEVFKEI IIGLIGPSGA GKSTLIKTM	

Table 76: Comparative Sequences relating to SAG0260

msa134470.2{391_A909}	KKVIDLKKLQ	KAYASETVLN	NINLEVFKE	IIGLIGPSGA	GKSTLIKTM
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
51					
msa134470.2{391_090}	GMEKADKGTA	LVLDTQMPDr	NILNQIGYMA	QSDALyESLT	aLENLLFFGK
msa134470.2{391_1169NT}	GMEKADKGTA	LVLDTQMPDr	NILNQIGYMA	QSDALyESLT	aLENLLFFGK
msa134470.2{391_CJB110}	GMEKADKGTA	LVLDTQMPDr	NILNQIGYMA	QSDALyESLT	aLENLLFFGK
msa134470.2{391_COH1}	GMEKADKGTA	LVLDTQMPDr	NILNQIGYMA	QSDALhESLT	gLENLLFFGK
msa134470.2{391_M732}	GMEKADKGTA	LVLDTQMPDr	NILNQIGYMA	QSDALhESLT	gLENLLFFGK
msa134470.2{391_M781}	GMEKADKGTA	LVLDTQMPDr	NILNQIGYMA	QSDALhESLT	gLENLLFFGK
msa134470.2{391_18RS21}	GMEKADKGTA	LVLDTQMPDr	NILNQIGYMA	QSDALyESLT	gLENLLFFGK
msa134470.2{391_2603}	GMEKADKGTA	LVLDTQMPDr	NILNQIGYMA	QSDALyESLT	gLENLLFFGK
msa134470.2{391_H36B}	GMEKADKGTA	LVLDTQMPDr	NILNQIGYMA	QSDALyESLT	gLENLLFFGK
msa134470.2{391_JM9130013}	GMEKADKGTA	LVLDTQMPDr	NILNQIGYMA	QSDALyESLT	gLENLLFFGK
msa134470.2{391_A909}	GMEKADKGTA	LVLDTQMPDh	NILNQIGYMA	QSDALyESLT	gLENLLFFGK
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
101					
msa134470.2{391_090}	MKGIOKTELK	QQITHISKVV	DLENQLDKFV	SGYSGGMKRR	LSLAIALLGN
msa134470.2{391_1169NT}	MKGIOKTELK	QQITHISKVV	DLENQLDKFV	SGYSGGMKRR	LSLAIALLGN
msa134470.2{391_CJB110}	MKGIOKTELK	QQITHISKVV	DLENQLDKFV	SGYSGGMKRR	LSLAIALLGN
msa134470.2{391_COH1}	MKGIOKTELK	QQITHISKVV	DLENQLDKFV	SGYSGGMKRR	LSLAIALLGN
msa134470.2{391_M732}	MKGIOKTELK	QQITHISKVV	DLENQLDKFV	SGYSGGMKRR	LSLAIALLGN
msa134470.2{391_M781}	MKGIOKTELK	QQITHISKVV	DLENQLDKFV	SGYSGGMKRR	LSLAIALLGN
msa134470.2{391_18RS21}	MKGIOKTELK	QQITHISKVV	DLENQLDKFV	SGYSGGMKRR	LSLAIALLGN
msa134470.2{391_2603}	MKGIOKTELK	QQITHISKVV	DLENQLDKFV	SGYSGGMKRR	LSLAIALLGN
msa134470.2{391_H36B}	MKGIOKTELK	QQITHISKVV	DLENQLDKFV	SGYSGGMKRR	LSLAIALLGN
msa134470.2{391_JM9130013}	MKGIOKTELK	QQITHISKVV	DLENQLDKFV	SGYSGGMKRR	LSLAIALLGN
msa134470.2{391_A909}	MKGIOKTELK	QQITHISKVV	DLENQLDKFV	SGYSGGMKRR	LSLAIALLGN
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
151					
msa134470.2{391_090}	PTVLILDEPT	VGIDPSLRRK	IWQELINIKD	EGrSIFITTH	VMDEABLTsk
msa134470.2{391_1169NT}	PTVLILDEPT	VGIDPSLRRK	IWQELINIKD	EGrSIFITTH	VMDEABLTsk
msa134470.2{391_CJB110}	PTVLILDEPT	VGIDPSLRRK	IWQELINIKD	EGrSIFITTH	VMDEABLTsk
msa134470.2{391_COH1}	PTVLILDEPT	VGIDPSLRRK	IWQELINIKD	EGrSIFITTH	VMDEABLTsk
msa134470.2{391_M732}	PTVLILDEPT	VGIDPSLRRK	IWQELINIKD	EGrSIFITTH	VMDEABLTsk
msa134470.2{391_M781}	PTVLILDEPT	VGIDPSLRRK	IWQELINIKD	EGrSIFITTH	VMDEABLTsk
msa134470.2{391_18RS21}	PTVLILDEPT	VGIDPSLRRK	IWQELINIKD	EGhSIFITTH	VMDEABLTsk
msa134470.2{391_2603}	PTVLILDEPT	VGIDPSLRRK	IWQELINIKD	EGhSIFITTH	VMDEABLTsk
msa134470.2{391_H36B}	PTVLILDEPT	VGIDPSLRRK	IWQELINIKD	EGrSIFITTH	VMDEABLTsk
msa134470.2{391_JM9130013}	PTVLILDEPT	VGIDPSLRRK	IWQELINIKD	EGrSIFITTH	VMDEABLTsk
msa134470.2{391_A909}	PTVLILDEPT	VGIDPSLRRK	IWQELINIKD	EGrSIFITTH	VMDEABLTsk
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
201					
msa134470.2{391_090}	VALLLRGNII	AFDTPLHLKK	QFNv		
msa134470.2{391_1169NT}	VALLLRGNII	AFDTPLHLKK	QFNv		
msa134470.2{391_CJB110}	VALLLRGNII	AFDTPLHLKK	QFNv		
msa134470.2{391_COH1}	VALLLRGNII	AFDTPLHLKK	QFNv		
msa134470.2{391_M732}	VALLLRGNII	AFDTPLHLKK	QFNv		
msa134470.2{391_M781}	VALLLRGNII	AFDTPLHLKK	QFNv		
msa134470.2{391_18RS21}	VALLLRGNII	AFDTPLHLKK	QFNv		
msa134470.2{391_2603}	VALLLRGNII	AFDTPLHLKK	QFNv		
msa134470.2{391_H36B}	VALLLRGNII	AFDTPLHLKK	QFNv		
msa134470.2{391_JM9130013}	VALLLRGNII	AFDTPLHLKK	QFNv		
msa134470.2{391_A909}	VALLLRGNII	AFDTPLHLKK	QFNv		
Consensus	*****	*****	****		
224					

Table 77: Comparative Sequences relating toSAG2059

## SEQ ID NO. 7701

## STRAIN 2603

TTGCCTATGTCTGTCTGTTGGTTTAGTTTTAGAGGGTGGCGGAATGAGAGGTCTTTATACT  
GCTGGAGTTTTAGATGCTTTTCTAGATGCAGGAATAAAAAATAGATGGTATCGTATCTGTC  
TCTGCTGGTGCAATTGTTTGGTGTAAATTTGTATCTAGACAACGAGAGAGGGCTTTGCGA  
TACAATAAAAGTATTTATCCCACCCTAAATATATAGTCTAAGGTCATGGTTTCGAACA  
GGGAATTTGTTAATAAAGATTTACCTATTATGAAGTTCCCTATGAAATGGATGTATTT  
GACGATGAAGCATTTAAAAAATCAAGTATTGATTTTTACGTAGTTGCTACAGAGATGACA  
TCTGGTAAACCTGAATATTTAAAAATTGATAGTGTTTTGAACAAATGGAAATTTTACGT  
GCTAGTTTCAAGTATACCAAGTAGTCTCAAGATGGTTGATTGGCAGGGGAAAAAGTACTTA  
GATGGTGGTTTATCTGATAGTATTTCCCGTTGATTTTGCCCGTGGTTTAGGATTTGACAAG  
TTGATTTGTTGATGACTAGGCCGCTCAATTATCAGAAAAAGCCTTCAGTGGACGATTG  
TATAAACTCTGTATAGGAATAATCCTAATTTGTAAAGACAGCCTCGAATCGGTACCAA  
CAGTATAATAATAGTCTTGAAGAGGTCTAGAGCCTTGAAAAACAGGCGATCTATTGCA  
ATTAGACCGAGTAAGAGCTTGGTTATTGGCCGCTTAGAGAAGAATCCGGATAAACTTGAT  
AGTATTTATCAGCTTGGTATGAAAGATGCTAAAAGTGTGATGCTGAGCTGAATAGTTAT  
CTAATGAAA

## SEQ ID NO. 7702

## STRAIN 090

CCTATGTTGTCTGTTGGTTTAGTTTTAG  
AGGGTGGCGGAATGAGAGGTCTTTATACTGCTGGAGTTTTAGATGCTTTT  
CTAGATGCAGGAATAAAAAATAGATGGTATCGTATCTGTCCTGCTGGTGC  
ATTGTTTGGTGTAAATTTGTATCTAGACAACGAGAGAGGGCTTTGCGAT  
ACAATAAAAGTATTTATCCCACCCTAAATATATAGTCTAAGGTCATGG  
TTTTCGAACAGGGAATTTGTTAATAAAGATTTACCTATTATGAAGTTCC  
TATGAAATTTGGATGTATTTGACGATGAAGCATTTAAAAAATCAAGTATTG  
ATTTTACGTAGTTGCTACAGAGATGACATCTGGTAAACCTGAATATTTT  
AAAATTGATAGTGTTTTGAACAAATGGAAATTTACGTGCTAGTTTCAAG  
ATTACAGTAGTCTCAAGATGGTTGATTGGCAGGGGAAAAAGTACTTAG  
ATTGTTGTTTATCTGATAGTATTTCCCGTTGATTTTGCCCGTGGTTAGGA  
TTTGACAAGTTGATTTGTTGATGACTAGGCCGCTCAATTATCAGAAAA  
GCCTTCAAGTGGACGATTGTATAAACTCTGTATAGGAAATATCCTAAT  
TTGTAAAGACAGCCTCGAATCGGTACCAACAGTATAATAATAGTCTTGAA  
AAGGTCATGAGCCTTGAAAAACAGGCGATCTATTGCAATTAGACCGAG  
TAAGAGCTTGGTTATTGGCCGCTTAGAGAAGAATCCGGATAAACTTGATA  
GTATTTATCAGCTTGGTATGAAAGATGCTAAAAGTGTGATGCTGAGCTG  
AATAGTTATCTAATGAAA

## SEQ ID NO. 7703

## STRAIN A909

CCTATGTTGTCTGTTGGTTTAGTTTTAGAG  
GGTGGCGGAATGAGAGGTCTTTATACTGCTGGAGTTTTAGATGCTTTTCT  
AGATGCAGGAATAAAAGTAGATGGTATCATATCTGTCCTGCTGGTGCAT  
TGTTTGGTGTAAATTTGTATCTAGACAACGAGAGAGGGCTTTGCGATAC  
AATAAAAGTATTTATCCCACCCTAAATATATAGTCTAAGGTCATGGCT  
TCGAACAGGGAATTTGTTAATAAAGATTTACCTATTATGAAGTTCCCTA  
TGAAATTTGGATGTATTTGACGATGAAGCATTTAAAAAATCAAGTATTGAT  
TTTTACGCAAGTTGCTACAGAGATGACATCTGGTAAACCTGAGTATTTTAA  
AATTGATAGTGTTTTGAACAAATGGAAATTTACGTGCTAGTTTCAAGC  
TACCAAGTAGTCTCAAGATGGTTGTTTGGCAGGGGAAAAAGTACTTAGAT  
GGTGGTTTATCTGATAGTATTTCCCGTTGATTTTGCCCGTGGTTAGGATT  
TGACAAGTTGATTTGTTGATGACTAGGCCGCTCAATTATCAGAAAAAGC  
CTTCAAGTGGACGATTGTATAAACTCTGTATAGGAAATATCCTAATTTT  
GTAAAGACAGCCTCGAACCGGTACCAACAGTATAATAATAGCCTTGAAAA  
GGTCATGAGCCTTGAAAAACAGGCGATCTATTGCAATTAGACCAAGTA  
AGAGCTTGGTTATTGGCCGCTTAGAGAAGAATCCGGATAAACTTGATAGT  
ATTTATCAGCTTGGTATGAAAGATGCTAAAAGTGGGATGCTGAGCTGAA  
TAGTTATCTAATGAAA

## SEQ ID NO. 7704

## STRAIN H36B

CCTATGTTGTCTGTTGGTTTAGTTTTAG  
AGGGTGGCGGAATGAGAGGTCTTTATACTGCTGGAGTTTTAGATGCTTTT  
CTAGATGCAGGAATAAAAGTAGATGGTATCATATCTGTCCTGCTGGTGC  
ATTGTTTGGTGTAAATTTGTATCTAGACAACGAGAGAGGGCTTTGCGAT  
ACAATAAAAGTATTTATCCCACCCTAAATATATAGTCTAAGGTCATGG  
CTTCGAACAGGGAATTTGTTAATAAAGATTTACCTATTATGAAGTTCC  
TATGAAATTTGGATGTATTTGACGATGAAGCATTTAAAAAATCAAGTATTG  
ATTTTACGCAAGTTGCTACAGAGATGACATCTGGTAAACCTGAGTATTTT  
AAAATTGATAGTGTTTTGAACAAATGGAAATTTACGTGCTAGTTTCAAGC  
ATTACCAAGTAGTCTCAAGATGGTTGTTTGGCAGGGGAAAAAGTACTTAG  
ATTGTTGTTTATCTGATAGTATTTCCCGTTGATTTTGCCCGTGGTTAGGA  
TTTGACAAGTTGATTTGTTGATGACTAGGCCGCTCAATTATCAGAAAA  
GCCTTCAAGTGGACGATTGTATAAACTCTGTATAGGAAATATCCTAAT  
TTGTAAAGACAGCCTCGAACCGGTACCAACAGTATAATAATAGCCTTGAA  
AAGGTCATGAGCCTTGAAAAACAGGCGATCTATTGCAATTAGACCAAG  
TAAGAGCTTGGTTATTGGCCGCTTAGAGAAGAATCCGGATAAACTTGATA  
GTATTTATCAGCTTGGTATGAAAGATGCTAAAAGTGGGATGCTGAGCTG  
AATAGTTATCTAATGAAA

## SEQ ID NO. 7705

Table 77: Comparative Sequences relating to SAG2059

## STRAIN 18RS21

CCTATGTTGTCGTGTTGGTTTAGTTTTAGAGG  
 GTGGCGGAATGAGAGGCTTTATACCTGCTGGAGTTTITAGATGCTTTTCTA  
 GATGCAGGAATAAAATAGATGGTATCGTATCTGTCTCTGCTGGTGCA  
 GTTTGGTGTAAATTTTGTATCTAGACAACGAGAGAGGGCTTTGCGATACA  
 ATAAAAAGTATTTATCCACCCCTAAATATATGAGTCTAAGGTCATGGTTT  
 CGAACAGGAATTTTGTAAATAAGATTTCACCTATTATGAAGTTCCCTAT  
 GAAATTGGATGTATTTGACGATGAAGCATTAAAAAATCAAGTATTGATT  
 TTTACGTAGTTGCTACAGAGATGACATCTGGTAAACCTGAATATTTTAAA  
 ATTGATAGTGTTTTGAACAAATGGAATTTTACGTGCTAGTTTCAGCATT  
 ACCAGTAGTCTCAAGATGGTTGATTGGCAGGGGAAAAAGTACTTAGATG  
 GTGGTTTATCTGATAGTATTTCCCGTTGATTTTGCCCGTGGTTTAGGATT  
 GACAAGTTGATTGTTGTGATGACTAGGCCGCTCAATTATCAGAAAAAGCC  
 TTCAAGTGGACGATTGTATAAACTCTGTATAGGAAATATCCTAATTTTG  
 TAAAGACAGCCTCGAATCGGTACCAACAGTATAATAATAGTCTTGAAAAAG  
 GTCATGAGCCTTGAAAAAACAGGCCGATCTATTGCAATTAGACCGAGTAA  
 GAGCTTGGTTATTGGCCGCTTAGAGAAGAATCCGGATAAACTTGATAGTA  
 TTTATCAGCTTGGTATGAAAGATGCTAAAAGTGTGATGCCTGAGCTGAAT  
 AGTTATCTAATGAAA

## SEQ ID NO. 7706

## STRAIN M732

CCTATGTTGTCGTGTTGGTTTAGTTTTAGA  
 GGGTGGCGGAATGAGAGGCTTTATACCTGCTGGAGTTTITAGATGCTTTTC  
 TAGATGCAGGAATAAAATAGATGGTATCGTATCTGTCTCTGCGGGTGCA  
 TTGTTTGGTGTAAATTTTGTATCTAGACAACGAGAGAGGGCTTTGCGATA  
 CAATAAAAAAGTATTTATCCACCCCTGAATATATGAGTCTAAGATCATGGC  
 TTCGAACAGGGAATTTTGTAAATAAGATTTCACCTATTATGAAGTTCCCT  
 ATGAAATTGGATGTATTTGACGATGAAGCATTAAAAAATCAAGTATTGA  
 TTTTACGTAGTTGCTACAGAGATGACATCTGGTAAACCTGAATATTTTA  
 AAATTGATAGTGTTTTGAACAAATGGAATTTTACGTGCTAGTTTCAGCA  
 TTACAGTAGTCTCAAGATGGTTGATTGGCAGGGGAAAAAGTACTTAGA  
 TGGTGGTTTATCTGATAGTATTTCCCGTTGATTTTGCCCGTGGTTTAGGAT  
 TTGACAAGTTGATTGTTGTGATGACTAGGCCGCTCAATTATCAGAAAAAG  
 CCTTCAAGTGGACGATTGTATAAACTCTGTATAGGAAATATCCTAATTT  
 TGTAAAGACAGCCTCGAATCGGTACCAACAGTATAATAATAGTCTTGAAA  
 AGGTCATGAGCCTTGAAAAAACAGGCCGATCTATTGCAATTAGACCGAGT  
 AAGAGCTTGGTTATTGGCCGCTTAGAGAAGAATCCGGATAAACTTGATAG  
 TATTTATCAGCTTGGTATGAAATATGCTAAAAGTGTGATGCCTGAGCTGA  
 ATAGTTATCTAATGAAA

## SEQ ID NO. 7707

## STRAIN COH1

CCTATGTTGTCGTGTTGGTTTAGTTTTA  
 GAGGGTGGCGGAATGAGAGGCTTTATACCTGCTGGAGTTTITAGATGCTTT  
 TCTAGATGCAGGAATAAAATAGATGGTATCGTATCTGTCTCTGCGGGTG  
 CATTTGTTGGTGTAAATTTTGTATCTAGACAACGAGAGAGGGCTTTGCGA  
 TACAATAAAAAAGTATTTATCCACCCCTGAATATATGAGTCTAAGATCATG  
 GCTTCGAACAGGGAATTTTGTAAATAAGATTTCACCTATTATGAAGTTTC  
 CTATGAAATTGGATGTATTTGACGATGAAGCATTAAAAAATCAAGTATT  
 GATTTTACGTAGTTGCTACAGAGATGACATCTGGTAAACCTGAATATTT  
 TAAAAITGATAGTGTTTTGAACAAATGGAATTTTACGTGCTAGTTTCAG  
 CATTTACAGTAGTCTCAAGATGGTTGATTGGCAGGGGAAAAAGTACTTA  
 GATGGTGGTTTATCTGATAGTATTTCCCGTTGATTTTGCCCGTGGTTTAGG  
 ATTTGACAAGTTGATTGTTGTGATGACTAGGCCGCTCAATTATCAGAAAA  
 AGCCTTCAAGTGGACGATTGTATAAACTCTGTATAGGAAATATCCTAAT  
 TTTGTAAAGACAGCCTCGAATCGGTACCAACAGTATAATAATAGTCTTGA  
 AAAAGTATGAGCCTTGAAAAAACAGGCCGATCTATTGCAATTAGACCGA  
 GTAAGAGCTTGGTTATTGGCCGCTTAGAGAAGAATCCGGATAAACTTGAT  
 AGTATTTATCAGCTTGGTATGAAATATGCTAAAAGTGTGATGCCTGAGCT  
 GAATAGTTATCTAATGAAA

## SEQ ID NO. 7708

## STRAIN M781

CCTATGTTGTCGTGTTGGTTTAGTTTTAG  
 AGGGTGGCGGAATGAGAGGCTTTATACCTGCTGGAGTTTITAGATGCTTTT  
 CTAGATGCAGGAATAAAATAGATGGTATCGTATCTGTCTCTGCGGGTGC  
 ATTGTTTGGTGTAAATTTTGTATCTAGACAACGAGAGAGGGCTTTGCGAT  
 ACAATAAAAAAGTATTTATCCACCCCTGAATATATGAGTCTAAGATCATGG  
 CTTTGAACAGGGAATTTTGTAAATAAGATTTCACCTATTATGAAGTTCC  
 TATGAAATTGGATGTATTTGACGATGAAGCATTAAAAAATCAAGTATTG  
 ATTTTACGTAGTTGCTACAGAGATGACATCTGGTAAACCTGAATATTTT  
 AAAATTGATAGTGTTTTGAACAAATGGAATTTTACGTGCTAGTTTCAGC  
 ATTACAGTAGTCTCAAGATGGTTGATTGGCAGGGGAAAAAGTACTTAG  
 ATGGTGGTTTATCTGATAGTATTTCCCGTTGATTTTGCCCGTGGTTTAGGA  
 TTTGACAAGTTGATTGTTGTGATGACTAGGCCGCTCAATTATCAGAAAA  
 GCCTTCAAGTGGACGATTGTATAAACTCTGTATAGGAAATATCCTAATT  
 TTGTAAAGACAGCCTCGAATCGGTACCAACAGTATAATAATAGTCTTGAA  
 AAGTCTAGAGCCTTGAAAAAACAGGCCGATCTATTGCAATTAGACCGAG  
 TAAGAGCTTGGTTATTGGCCGCTTAGAGAAGAATCCGGATAAACTTGATA  
 GTATTTATCAGCTTGGTATGAAATATGCTAAAAGTGTGATGCCTGAGCTG  
 AATAGTTATCTAATGAAA



Table 77: Comparative Sequences relating to SAG2059

SEQ ID NO. 7709

STRAIN CJB110

CCTATGTTGCTGTTGGTTTAGTTTTA  
 GAGGGTGGCGGAATGAGAGGTCCTTATACTGCTGGAGTTTATAGATGCTTT  
 TCTAGATGCAGGAATAAAATAGATGGTATCGTATCTGCTCTGCTGGTG  
 CATGTTTGGTGTAAATTTTGTATCTAGACAACGAGAGAGGGCTTTGCGA  
 TACAATAAAAGTATTTATCCCACCCTAAATATATAGTCTAAGGTCATG  
 GTTTCGAACAGGGAATTTTGTAAATAAGATTTCACCTATTATGAAGTTC  
 CTATGAANTGGATGTATTTGACGATGAAGCATTTAAAAATCAAGTATT  
 GATTTTACGTAGTTGCTACAGAGATGACATCTGGTAAACCTGAATATTT  
 TAAAATTGATAGTGTTTTGAACAAATGGAAATTTTACGTGCTAGTTCCAG  
 CATACCAGTAGTCTCAAAGATGGTTGATTGGCAGGGGAAAAAGTACTTA  
 GATGGTGGTTTATCTGATAGTATTTCCCGTTGATTTTGCCCGTGGTTTAGG  
 ATTTGACAAGTTGATTGTTGTGATGACTAGGCCGCTCAATTATCAGAAAA  
 AGCCCTTCAAGTGGACGATTGTATAAACTCTGTATAGGAAATATCCTAAT  
 TTTGTAAGACAGCCTCGAATCGGTACCAACAGTATAATAATAGTCTTGA  
 AAAGGTCATGAGCCTTGAAAAACAGGCGATCTATTTGCAATTAGACCGA  
 GTAAGAGCTTGGTTATTTGGCCGCTTAGAGAAGAATCCGGATAAACTTGAT  
 AGTATTTATCAGCTTGGTATGAAAGATGCTAAAAGTGTGATGCCCTGAGCT  
 GAATAGTTATCTAATGAAA

SEQ ID NO. 7710

STRAIN 1169NT

CCTATGTTGCTGTTGGTTTAGTTTTAGAGGGTG  
 GCGGAATGAGAGGTCCTTATACTGCTGGAGTTTATAGATGCTTTTCTAGAT  
 GCAGGAATAAAATAGATGGTATCGTATCTGCTCTGCGGGTGCAATTTGT  
 TGGTGTAAATTTTGTATCTAGACAACGAGAGAGGGCTTTGCGATAAATA  
 AAAAGTATTTATCCCACCCTAAATATATAGTCTAAGATCATGGCTTCGA  
 ACAGGGAATTTTGTAAATAAGATTTCACCTATTATGAAGTTCCTATGAA  
 ATTGGATGTATTTGACGATGAAGCATTTAAAAATCAAGTATTGATTTT  
 ACGCAGTTGCTACAGAGATGACATCTGGTAAACCTGAATATTTTAAAT  
 GATAGTGTCTTTGAACAAATGGAAATTTTACGTGCTAGTTCCAGCATTACC  
 AGTAGTCTCAAAGATGGTTGATTGGCAGGGGAAAAAGTACTTAGATGGTG  
 GTTTATCTGATAGTATCCCCGTTGATTTTGCCCGTGGTTTAGGATTTGAC  
 AAGTTGATTGTTGTGATGACTAGGCCGCTCAATTATCAGAAAAAGCCTTC  
 AAGTGGACGATTGTATAAACTCTGTATAGGAAATATCCTAATTTTGTAA  
 AGACAGCCTCGAATCGGTACCAACAGTATAATAATAGCCTTGAAAAAGTC  
 ATGAGCCTTGAAAAACAGGCGATCTATTTGCAATTAGGCCGAGTAAAAG  
 CTGGTTATTTGTCGCTTAGAGAAGAATCCGGATAAACTTGATAGTATTT  
 ATCAGCTTGGTATGAAAGATGCTAAAAGTGTGATGCCCTGAGCTGAATAGT  
 TATCTAATGAAA

SEQ ID NO. 7711

STRAIN JM9130013

CCTATGTTGCTGTTGGTTTAGTTTTAGAG  
 GGTGGCGGAATGAGAGGTCCTTATACTGCTGGAGTTTATAGATGCTTTTCT  
 AGATGCAGGAATAAAAGTAGATGGTATCATATCTGCTCTGCTGGTGCA  
 TTTTGGTGTAAATTTTGTATCTAGACAACGAGAGAGGGCTTTGCGATAC  
 AATAAAAGTATTTATCCCACCCTAAATATATAGTCTAAGGTCATGGCT  
 TCGAACAGGGAATTTTGTAAATAAGATTTCACCTATTATGAAGTTCCTA  
 TGAAATTGGATGTATTTGACGATGAAGCATTTAAAAATCAAGTATTGAT  
 TTTTACGCAAGTTGCTACAGAGATGACATCTGGTAAACCTGAGTATTTTAA  
 AATTGATAGTGTTTTGAACAAATGGAAATTTTACGTGCTAGTTCCAGCAT  
 TACCAGTAGTCTCAAAGATGGTTGTTTGGCAGGGGAAAAAGTACTTAGAT  
 GGTGGTTTATCTGATAGTATTTCCCGTTGATTTTGCCCGTGGTTTAGGATT  
 TGACAAGTTGATTGTTGTGATGACTAGGCCGCTCAATTATCAGAAAAAGC  
 CTCAAGTGGACGATTGTATAAACTCTGTATAGGAAATATCCTAATTTT  
 GTAAAGACAGCCTCGAACCGGTACCAACAGTATAATAATAGCCTTGAAAA  
 GGTCATGAGCCTTGAAAAACAGGCGATCTATTTGCAATTAGACCAAGTA  
 AGAGCTTGGTTATTGGCCGCTTAGAGAAGAATCCGGATAAACTTGATAGT  
 ATTTATCAGCTTGGTATGAAAGATGCTAAAAGTGGATGCTGAGCTGAA  
 TAGTTATCTAATGAAA

PRETTY of: /biotmp/msa47199.2{\*} February 19, 2003 05:51 ..

	1		50
msa47199.2{394_A909}	---CCTATGT	TGTCGTGG	TTTAGTTTGA GAGGGTGGCG GAATGAGAGG
msa47199.2{394_H36B}	---CCTATGT	TGTCGTGG	TTTAGTTTGA GAGGGTGGCG GAATGAGAGG
msa47199.2{394_JM9130013}	---CCTATGT	TGTCGTGG	TTTAGTTTGA GAGGGTGGCG GAATGAGAGG
msa47199.2{394_090}	---CCTATGT	TGTCGTGG	TTTAGTTTGA GAGGGTGGCG GAATGAGAGG
msa47199.2{394_18R21}	---CCTATGT	TGTCGTGG	TTTAGTTTGA GAGGGTGGCG GAATGAGAGG
msa47199.2{394_2603}	ttgCCTATGT	TGTCGTGG	TTTAGTTTGA GAGGGTGGCG GAATGAGAGG
msa47199.2{394_CJB110}	---CCTATGT	TGTCGTGG	TTTAGTTTGA GAGGGTGGCG GAATGAGAGG
msa47199.2{394_COH1}	---CCTATGT	TGTCGTGG	TTTAGTTTGA GAGGGTGGCG GAATGAGAGG
msa47199.2{394_M732}	---CCTATGT	TGTCGTGG	TTTAGTTTGA GAGGGTGGCG GAATGAGAGG
msa47199.2{394_M781}	---CCTATGT	TGTCGTGG	TTTAGTTTGA GAGGGTGGCG GAATGAGAGG
msa47199.2{394_1169NT}	---CCTATGT	TGTCGTGG	TTTAGTTTGA GAGGGTGGCG GAATGAGAGG
Consensus	*****	*****	*****
	51		100
msa47199.2{394_A909}	TCTTTTATACT	GCTGGAGTTT	TAGATGCTTT TCTAGATGCA GGAATAAAAG
msa47199.2{394_H36B}	TCTTTTATACT	GCTGGAGTTT	TAGATGCTTT TCTAGATGCA GGAATAAAAG
msa47199.2{394_JM9130013}	TCTTTTATACT	GCTGGAGTTT	TAGATGCTTT TCTAGATGCA GGAATAAAAG

Table 77: Comparative Sequences relating to SAG2059

msa47199.2{394_090}	TCTTTTAACT	GCTGGAGTTT	TAGATGCTTT	TCTAGATGCA	GGAATAAAAA
msa47199.2{394_18RS21}	TCTTTTAACT	GCTGGAGTTT	TAGATGCTTT	TCTAGATGCA	GGAATAAAAA
msa47199.2{394_2603}	TCTTTTAACT	GCTGGAGTTT	TAGATGCTTT	TCTAGATGCA	GGAATAAAAA
msa47199.2{394_CJB110}	TCTTTTAACT	GCTGGAGTTT	TAGATGCTTT	TCTAGATGCA	GGAATAAAAA
msa47199.2{394_COH1}	TCTTTTAACT	GCTGGAGTTT	TAGATGCTTT	TCTAGATGCA	GGAATAAAAA
msa47199.2{394_M732}	TCTTTTAACT	GCTGGAGTTT	TAGATGCTTT	TCTAGATGCA	GGAATAAAAA
msa47199.2{394_M781}	TCTTTTAACT	GCTGGAGTTT	TAGATGCTTT	TCTAGATGCA	GGAATAAAAA
msa47199.2{394_1169NT}	TCTTTTAACT	GCTGGAGTTT	TAGATGCTTT	TCTAGATGCA	GGAATAAAAA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa47199.2{394_A909}	TAGATGGTAT	CaTATCTGTC	TCTGCTGGTG	CATTGTTTGG	TGTTAATTTT
msa47199.2{394_H36B}	TAGATGGTAT	CaTATCTGTC	TCTGCTGGTG	CATTGTTTGG	TGTTAATTTT
msa47199.2{394_JM9130013}	TAGATGGTAT	CaTATCTGTC	TCTGCTGGTG	CATTGTTTGG	TGTTAATTTT
msa47199.2{394_090}	TAGATGGTAT	CgTATCTGTC	TCTGCTGGTG	CATTGTTTGG	TGTTAATTTT
msa47199.2{394_18RS21}	TAGATGGTAT	CgTATCTGTC	TCTGCTGGTG	CATTGTTTGG	TGTTAATTTT
msa47199.2{394_2603}	TAGATGGTAT	CgTATCTGTC	TCTGCTGGTG	CATTGTTTGG	TGTTAATTTT
msa47199.2{394_CJB110}	TAGATGGTAT	CgTATCTGTC	TCTGCTGGTG	CATTGTTTGG	TGTTAATTTT
msa47199.2{394_COH1}	TAGATGGTAT	CgTATCTGTC	TCTGCTGGTG	CATTGTTTGG	TGTTAATTTT
msa47199.2{394_M732}	TAGATGGTAT	CgTATCTGTC	TCTGCTGGTG	CATTGTTTGG	TGTTAATTTT
msa47199.2{394_M781}	TAGATGGTAT	CgTATCTGTC	TCTGCTGGTG	CATTGTTTGG	TGTTAATTTT
msa47199.2{394_1169NT}	TAGATGGTAT	CgTATCTGTC	TCTGCTGGTG	CATTGTTTGG	TGTTAATTTT
Consensus	*****	*-*****	*****-****	*****	*****
msa47199.2{394_A909}	GTATCTAGAC	AACGAGAGAG	GGCITTGCGA	TACAATAAAA	AGTATTATC
msa47199.2{394_H36B}	GTATCTAGAC	AACGAGAGAG	GGCITTGCGA	TACAATAAAA	AGTATTATC
msa47199.2{394_JM9130013}	GTATCTAGAC	AACGAGAGAG	GGCITTGCGA	TACAATAAAA	AGTATTATC
msa47199.2{394_090}	GTATCTAGAC	AACGAGAGAG	GGCITTGCGA	TACAATAAAA	AGTATTATC
msa47199.2{394_18RS21}	GTATCTAGAC	AACGAGAGAG	GGCITTGCGA	TACAATAAAA	AGTATTATC
msa47199.2{394_2603}	GTATCTAGAC	AACGAGAGAG	GGCITTGCGA	TACAATAAAA	AGTATTATC
msa47199.2{394_CJB110}	GTATCTAGAC	AACGAGAGAG	GGCITTGCGA	TACAATAAAA	AGTATTATC
msa47199.2{394_COH1}	GTATCTAGAC	AACGAGAGAG	GGCITTGCGA	TACAATAAAA	AGTATTATC
msa47199.2{394_M732}	GTATCTAGAC	AACGAGAGAG	GGCITTGCGA	TACAATAAAA	AGTATTATC
msa47199.2{394_M781}	GTATCTAGAC	AACGAGAGAG	GGCITTGCGA	TACAATAAAA	AGTATTATC
msa47199.2{394_1169NT}	GTATCTAGAC	AACGAGAGAG	GGCITTGCGA	TACAATAAAA	AGTATTATC
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa47199.2{394_A909}	CCACCCTaAA	TATATGAGTC	TAAGgTCATG	GcTTGGAACA	GGGAATTTTG
msa47199.2{394_H36B}	CCACCCTaAA	TATATGAGTC	TAAGgTCATG	GcTTGGAACA	GGGAATTTTG
msa47199.2{394_JM9130013}	CCACCCTaAA	TATATGAGTC	TAAGgTCATG	GcTTGGAACA	GGGAATTTTG
msa47199.2{394_090}	CCACCCTaAA	TATATGAGTC	TAAGgTCATG	GcTTGGAACA	GGGAATTTTG
msa47199.2{394_18RS21}	CCACCCTaAA	TATATGAGTC	TAAGgTCATG	GcTTGGAACA	GGGAATTTTG
msa47199.2{394_2603}	CCACCCTaAA	TATATGAGTC	TAAGgTCATG	GcTTGGAACA	GGGAATTTTG
msa47199.2{394_CJB110}	CCACCCTaAA	TATATGAGTC	TAAGgTCATG	GcTTGGAACA	GGGAATTTTG
msa47199.2{394_COH1}	CCACCCTaAA	TATATGAGTC	TAAGgTCATG	GcTTGGAACA	GGGAATTTTG
msa47199.2{394_M732}	CCACCCTaAA	TATATGAGTC	TAAGgTCATG	GcTTGGAACA	GGGAATTTTG
msa47199.2{394_M781}	CCACCCTaAA	TATATGAGTC	TAAGgTCATG	GcTTGGAACA	GGGAATTTTG
msa47199.2{394_1169NT}	CCACCCTaAA	TATATGAGTC	TAAGgTCATG	GcTTGGAACA	GGGAATTTTG
Consensus	*****-..*	*****	*****-*****	*-*****	*****
msa47199.2{394_A909}	TTAATAAAGA	TTTCACCTAT	TATGAAGTTC	CTATGAAATT	GGATGTATTT
msa47199.2{394_H36B}	TTAATAAAGA	TTTCACCTAT	TATGAAGTTC	CTATGAAATT	GGATGTATTT
msa47199.2{394_JM9130013}	TTAATAAAGA	TTTCACCTAT	TATGAAGTTC	CTATGAAATT	GGATGTATTT
msa47199.2{394_090}	TTAATAAAGA	TTTCACCTAT	TATGAAGTTC	CTATGAAATT	GGATGTATTT
msa47199.2{394_18RS21}	TTAATAAAGA	TTTCACCTAT	TATGAAGTTC	CTATGAAATT	GGATGTATTT
msa47199.2{394_2603}	TTAATAAAGA	TTTCACCTAT	TATGAAGTTC	CTATGAAATT	GGATGTATTT
msa47199.2{394_CJB110}	TTAATAAAGA	TTTCACCTAT	TATGAAGTTC	CTATGAAATT	GGATGTATTT
msa47199.2{394_COH1}	TTAATAAAGA	TTTCACCTAT	TATGAAGTTC	CTATGAAATT	GGATGTATTT
msa47199.2{394_M732}	TTAATAAAGA	TTTCACCTAT	TATGAAGTTC	CTATGAAATT	GGATGTATTT
msa47199.2{394_M781}	TTAATAAAGA	TTTCACCTAT	TATGAAGTTC	CTATGAAATT	GGATGTATTT
msa47199.2{394_1169NT}	TTAATAAAGA	TTTCACCTAT	TATGAAGTTC	CTATGAAATT	GGATGTATTT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa47199.2{394_A909}	GACGATGAAG	CATTTAAAAA	ATCAAGTATT	GATTTTACG	cAGTTGCTAC
msa47199.2{394_H36B}	GACGATGAAG	CATTTAAAAA	ATCAAGTATT	GATTTTACG	cAGTTGCTAC
msa47199.2{394_JM9130013}	GACGATGAAG	CATTTAAAAA	ATCAAGTATT	GATTTTACG	cAGTTGCTAC
msa47199.2{394_090}	GACGATGAAG	CATTTAAAAA	ATCAAGTATT	GATTTTACG	cAGTTGCTAC
msa47199.2{394_18RS21}	GACGATGAAG	CATTTAAAAA	ATCAAGTATT	GATTTTACG	cAGTTGCTAC
msa47199.2{394_2603}	GACGATGAAG	CATTTAAAAA	ATCAAGTATT	GATTTTACG	cAGTTGCTAC
msa47199.2{394_CJB110}	GACGATGAAG	CATTTAAAAA	ATCAAGTATT	GATTTTACG	cAGTTGCTAC
msa47199.2{394_COH1}	GACGATGAAG	CATTTAAAAA	ATCAAGTATT	GATTTTACG	cAGTTGCTAC
msa47199.2{394_M732}	GACGATGAAG	CATTTAAAAA	ATCAAGTATT	GATTTTACG	cAGTTGCTAC
msa47199.2{394_M781}	GACGATGAAG	CATTTAAAAA	ATCAAGTATT	GATTTTACG	cAGTTGCTAC
msa47199.2{394_1169NT}	GACGATGAAG	CATTTAAAAA	ATCAAGTATT	GATTTTACG	cAGTTGCTAC
Consensus	*****	*****	*****	*****	-*****
msa47199.2{394_A909}	AGAGATGACA	TCTGGTAAAC	CTGAgTATTT	TAAAAATTGAT	AGTGTtTTTG
msa47199.2{394_H36B}	AGAGATGACA	TCTGGTAAAC	CTGAgTATTT	TAAAAATTGAT	AGTGTtTTTG

Table 77: Comparative Sequences relating to SAG2059

msa47199.2{394_JM9130013}	AGAGATGACA	TCTGGTAAAC	CTGAgTATTT	TAAAATTGAT	AGTGTtTTTG
msa47199.2{394_090}	AGAGATGACA	TCTGGTAAAC	CTGaaTATTT	TAAAATTGAT	AGTGTtTTTG
msa47199.2{394_18RS21}	AGAGATGACA	TCTGGTAAAC	CTGaaTATTT	TAAAATTGAT	AGTGTtTTTG
msa47199.2{394_2603}	AGAGATGACA	TCTGGTAAAC	CTGaaTATTT	TAAAATTGAT	AGTGTtTTTG
msa47199.2{394_CJB110}	AGAGATGACA	TCTGGTAAAC	CTGaaTATTT	TAAAATTGAT	AGTGTtTTTG
msa47199.2{394_COH1}	AGAGATGACA	TCTGGTAAAC	CTGaaTATTT	TAAAATTGAT	AGTGTtTTTG
msa47199.2{394_M732}	AGAGATGACA	TCTGGTAAAC	CTGaaTATTT	TAAAATTGAT	AGTGTtTTTG
msa47199.2{394_M781}	AGAGATGACA	TCTGGTAAAC	CTGaaTATTT	TAAAATTGAT	AGTGTtTTTG
msa47199.2{394_1169NT}	AGAGATGACA	TCTGGTAAAC	CTGaaTATTT	TAAAATTGAT	AGTGTtTTTG
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa47199.2{394_A909}	401 AACAAATGGA	AATTTTACGT	GCTAGTTCAG	CATTACCAGT	AGTCTCAAAG
msa47199.2{394_H36B}	AACAAATGGA	AATTTTACGT	GCTAGTTCAG	CATTACCAGT	AGTCTCAAAG
msa47199.2{394_JM9130013}	AACAAATGGA	AATTTTACGT	GCTAGTTCAG	CATTACCAGT	AGTCTCAAAG
msa47199.2{394_090}	AACAAATGGA	AATTTTACGT	GCTAGTTCAG	CATTACCAGT	AGTCTCAAAG
msa47199.2{394_18RS21}	AACAAATGGA	AATTTTACGT	GCTAGTTCAG	CATTACCAGT	AGTCTCAAAG
msa47199.2{394_2603}	AACAAATGGA	AATTTTACGT	GCTAGTTCAG	CATTACCAGT	AGTCTCAAAG
msa47199.2{394_CJB110}	AACAAATGGA	AATTTTACGT	GCTAGTTCAG	CATTACCAGT	AGTCTCAAAG
msa47199.2{394_COH1}	AACAAATGGA	AATTTTACGT	GCTAGTTCAG	CATTACCAGT	AGTCTCAAAG
msa47199.2{394_M732}	AACAAATGGA	AATTTTACGT	GCTAGTTCAG	CATTACCAGT	AGTCTCAAAG
msa47199.2{394_M781}	AACAAATGGA	AATTTTACGT	GCTAGTTCAG	CATTACCAGT	AGTCTCAAAG
msa47199.2{394_1169NT}	AACAAATGGA	AATTTTACGT	GCTAGTTCAG	CATTACCAGT	AGTCTCAAAG
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa47199.2{394_A909}	451 ATGGTTGtTT	GGCAGGGGAA	AAAGTACTTA	GATGGTGGTT	TATCTGATAG
msa47199.2{394_H36B}	ATGGTTGtTT	GGCAGGGGAA	AAAGTACTTA	GATGGTGGTT	TATCTGATAG
msa47199.2{394_JM9130013}	ATGGTTGtTT	GGCAGGGGAA	AAAGTACTTA	GATGGTGGTT	TATCTGATAG
msa47199.2{394_090}	ATGGTTGtTT	GGCAGGGGAA	AAAGTACTTA	GATGGTGGTT	TATCTGATAG
msa47199.2{394_18RS21}	ATGGTTGtTT	GGCAGGGGAA	AAAGTACTTA	GATGGTGGTT	TATCTGATAG
msa47199.2{394_2603}	ATGGTTGtTT	GGCAGGGGAA	AAAGTACTTA	GATGGTGGTT	TATCTGATAG
msa47199.2{394_CJB110}	ATGGTTGtTT	GGCAGGGGAA	AAAGTACTTA	GATGGTGGTT	TATCTGATAG
msa47199.2{394_COH1}	ATGGTTGtTT	GGCAGGGGAA	AAAGTACTTA	GATGGTGGTT	TATCTGATAG
msa47199.2{394_M732}	ATGGTTGtTT	GGCAGGGGAA	AAAGTACTTA	GATGGTGGTT	TATCTGATAG
msa47199.2{394_M781}	ATGGTTGtTT	GGCAGGGGAA	AAAGTACTTA	GATGGTGGTT	TATCTGATAG
msa47199.2{394_1169NT}	ATGGTTGtTT	GGCAGGGGAA	AAAGTACTTA	GATGGTGGTT	TATCTGATAG
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa47199.2{394_A909}	501 TATtCCCGTT	GATTTTGCCC	GTGGTTTAGG	ATTtTGACAAG	TTGATTGTTG
msa47199.2{394_H36B}	TATtCCCGTT	GATTTTGCCC	GTGGTTTAGG	ATTtTGACAAG	TTGATTGTTG
msa47199.2{394_JM9130013}	TATtCCCGTT	GATTTTGCCC	GTGGTTTAGG	ATTtTGACAAG	TTGATTGTTG
msa47199.2{394_090}	TATtCCCGTT	GATTTTGCCC	GTGGTTTAGG	ATTtTGACAAG	TTGATTGTTG
msa47199.2{394_18RS21}	TATtCCCGTT	GATTTTGCCC	GTGGTTTAGG	ATTtTGACAAG	TTGATTGTTG
msa47199.2{394_2603}	TATtCCCGTT	GATTTTGCCC	GTGGTTTAGG	ATTtTGACAAG	TTGATTGTTG
msa47199.2{394_CJB110}	TATtCCCGTT	GATTTTGCCC	GTGGTTTAGG	ATTtTGACAAG	TTGATTGTTG
msa47199.2{394_COH1}	TATtCCCGTT	GATTTTGCCC	GTGGTTTAGG	ATTtTGACAAG	TTGATTGTTG
msa47199.2{394_M732}	TATtCCCGTT	GATTTTGCCC	GTGGTTTAGG	ATTtTGACAAG	TTGATTGTTG
msa47199.2{394_M781}	TATtCCCGTT	GATTTTGCCC	GTGGTTTAGG	ATTtTGACAAG	TTGATTGTTG
msa47199.2{394_1169NT}	TATtCCCGTT	GATTTTGCCC	GTGGTTTAGG	ATTtTGACAAG	TTGATTGTTG
Consensus	***-*****	*****	*****	*****	*****
msa47199.2{394_A909}	551 TGATGACTAG	GCCGCTCAAT	TATCAGAAAA	AGCCTTCAAG	TGGACGATTG
msa47199.2{394_H36B}	TGATGACTAG	GCCGCTCAAT	TATCAGAAAA	AGCCTTCAAG	TGGACGATTG
msa47199.2{394_JM9130013}	TGATGACTAG	GCCGCTCAAT	TATCAGAAAA	AGCCTTCAAG	TGGACGATTG
msa47199.2{394_090}	TGATGACTAG	GCCGCTCAAT	TATCAGAAAA	AGCCTTCAAG	TGGACGATTG
msa47199.2{394_18RS21}	TGATGACTAG	GCCGCTCAAT	TATCAGAAAA	AGCCTTCAAG	TGGACGATTG
msa47199.2{394_2603}	TGATGACTAG	GCCGCTCAAT	TATCAGAAAA	AGCCTTCAAG	TGGACGATTG
msa47199.2{394_CJB110}	TGATGACTAG	GCCGCTCAAT	TATCAGAAAA	AGCCTTCAAG	TGGACGATTG
msa47199.2{394_COH1}	TGATGACTAG	GCCGCTCAAT	TATCAGAAAA	AGCCTTCAAG	TGGACGATTG
msa47199.2{394_M732}	TGATGACTAG	GCCGCTCAAT	TATCAGAAAA	AGCCTTCAAG	TGGACGATTG
msa47199.2{394_M781}	TGATGACTAG	GCCGCTCAAT	TATCAGAAAA	AGCCTTCAAG	TGGACGATTG
msa47199.2{394_1169NT}	TGATGACTAG	GCCGCTCAAT	TATCAGAAAA	AGCCTTCAAG	TGGACGATTG
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa47199.2{394_A909}	601 TATAAACTC	TGTATAGGAA	ATATCCTAAT	TTTGTAAAGA	CAGCCTCGAA
msa47199.2{394_H36B}	TATAAACTC	TGTATAGGAA	ATATCCTAAT	TTTGTAAAGA	CAGCCTCGAA
msa47199.2{394_JM9130013}	TATAAACTC	TGTATAGGAA	ATATCCTAAT	TTTGTAAAGA	CAGCCTCGAA
msa47199.2{394_090}	TATAAACTC	TGTATAGGAA	ATATCCTAAT	TTTGTAAAGA	CAGCCTCGAA
msa47199.2{394_18RS21}	TATAAACTC	TGTATAGGAA	ATATCCTAAT	TTTGTAAAGA	CAGCCTCGAA
msa47199.2{394_2603}	TATAAACTC	TGTATAGGAA	ATATCCTAAT	TTTGTAAAGA	CAGCCTCGAA
msa47199.2{394_CJB110}	TATAAACTC	TGTATAGGAA	ATATCCTAAT	TTTGTAAAGA	CAGCCTCGAA
msa47199.2{394_COH1}	TATAAACTC	TGTATAGGAA	ATATCCTAAT	TTTGTAAAGA	CAGCCTCGAA
msa47199.2{394_M732}	TATAAACTC	TGTATAGGAA	ATATCCTAAT	TTTGTAAAGA	CAGCCTCGAA
msa47199.2{394_M781}	TATAAACTC	TGTATAGGAA	ATATCCTAAT	TTTGTAAAGA	CAGCCTCGAA
msa47199.2{394_1169NT}	TATAAACTC	TGTATAGGAA	ATATCCTAAT	TTTGTAAAGA	CAGCCTCGAA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa47199.2{394_A909}	651 cCGGTACCAA	CAGTATAATA	ATAGCCTTGA	AAAGGTCATG	AGCCTTGAAG

Table 77: Comparative Sequences relating toSAG2059

msa47199.2{394_H36B}	cCGGTACCAA	CAGTATAATA	ATAGcCTTGA	AAAGGTCATG	AGCCTTGAAA
msa47199.2{394_JM9130013}	cCGGTACCAA	CAGTATAATA	ATAGcCTTGA	AAAGGTCATG	AGCCTTGAAA
msa47199.2{394_090}	tCGGTACCAA	CAGTATAATA	ATAGtCTTGA	AAAGGTCATG	AGCCTTGAAA
msa47199.2{394_18RS21}	tCGGTACCAA	CAGTATAATA	ATAGtCTTGA	AAAGGTCATG	AGCCTTGAAA
msa47199.2{394_2603}	tCGGTACCAA	CAGTATAATA	ATAGtCTTGA	AAAGGTCATG	AGCCTTGAAA
msa47199.2{394_CJB110}	tCGGTACCAA	CAGTATAATA	ATAGtCTTGA	AAAGGTCATG	AGCCTTGAAA
msa47199.2{394_COH1}	tCGGTACCAA	CAGTATAATA	ATAGtCTTGA	AAAGGTCATG	AGCCTTGAAA
msa47199.2{394_M732}	tCGGTACCAA	CAGTATAATA	ATAGtCTTGA	AAAGGTCATG	AGCCTTGAAA
msa47199.2{394_M781}	tCGGTACCAA	CAGTATAATA	ATAGtCTTGA	AAAGGTCATG	AGCCTTGAAA
msa47199.2{394_1169NT}	tCGGTACCAA	CAGTATAATA	ATAGcCTTGA	AAAGGTCATG	AGCCTTGAAA
Consensus	*****	*****	****-*****	*****	*****

msa47199.2{394_A909}	701	AAACAGGCGA	TCTATTTGCA	ATTAGaCCaA	GTAAGAGCTT	750	GGTTATTGgC
msa47199.2{394_H36B}	AAACAGGCGA	TCTATTTGCA	ATTAGaCCaA	GTAAGAGCTT	GGTTATTGgC		
msa47199.2{394_JM9130013}	AAACAGGCGA	TCTATTTGCA	ATTAGaCCaA	GTAAGAGCTT	GGTTATTGgC		
msa47199.2{394_090}	AAACAGGCGA	TCTATTTGCA	ATTAGaCCgA	GTAAGAGCTT	GGTTATTGgC		
msa47199.2{394_18RS21}	AAACAGGCGA	TCTATTTGCA	ATTAGaCCgA	GTAAGAGCTT	GGTTATTGgC		
msa47199.2{394_2603}	AAACAGGCGA	TCTATTTGCA	ATTAGaCCgA	GTAAGAGCTT	GGTTATTGgC		
msa47199.2{394_CJB110}	AAACAGGCGA	TCTATTTGCA	ATTAGaCCgA	GTAAGAGCTT	GGTTATTGgC		
msa47199.2{394_COH1}	AAACAGGCGA	TCTATTTGCA	ATTAGaCCgA	GTAAGAGCTT	GGTTATTGgC		
msa47199.2{394_M732}	AAACAGGCGA	TCTATTTGCA	ATTAGaCCgA	GTAAGAGCTT	GGTTATTGgC		
msa47199.2{394_M781}	AAACAGGCGA	TCTATTTGCA	ATTAGaCCgA	GTAAGAGCTT	GGTTATTGgC		
msa47199.2{394_1169NT}	AAACAGGCGA	TCTATTTGCA	ATTAGgCCgA	GTAaAGCTT	GGTTATTGtC		
Consensus	*****	*****	*****-***	*****	*****		

msa47199.2{394_A909}	751	CGCTTAGAGA	AGAATCCGGA	TAAACTTGAT	AGTATTATC	800	AGCTTGGTAT
msa47199.2{394_H36B}	CGCTTAGAGA	AGAATCCGGA	TAAACTTGAT	AGTATTATC	AGCTTGGTAT		
msa47199.2{394_JM9130013}	CGCTTAGAGA	AGAATCCGGA	TAAACTTGAT	AGTATTATC	AGCTTGGTAT		
msa47199.2{394_090}	CGCTTAGAGA	AGAATCCGGA	TAAACTTGAT	AGTATTATC	AGCTTGGTAT		
msa47199.2{394_18RS21}	CGCTTAGAGA	AGAATCCGGA	TAAACTTGAT	AGTATTATC	AGCTTGGTAT		
msa47199.2{394_2603}	CGCTTAGAGA	AGAATCCGGA	TAAACTTGAT	AGTATTATC	AGCTTGGTAT		
msa47199.2{394_CJB110}	CGCTTAGAGA	AGAATCCGGA	TAAACTTGAT	AGTATTATC	AGCTTGGTAT		
msa47199.2{394_COH1}	CGCTTAGAGA	AGAATCCGGA	TAAACTTGAT	AGTATTATC	AGCTTGGTAT		
msa47199.2{394_M732}	CGCTTAGAGA	AGAATCCGGA	TAAACTTGAT	AGTATTATC	AGCTTGGTAT		
msa47199.2{394_M781}	CGCTTAGAGA	AGAATCCGGA	TAAACTTGAT	AGTATTATC	AGCTTGGTAT		
msa47199.2{394_1169NT}	CGCTTAGAGA	AGAATCCGGA	TAAACTTGAT	AGTATTATC	AGCTTGGTAT		
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****		

msa47199.2{394_A909}	801	GAAAgATGCT	AAAAGTGgGA	TGCCTGAGCT	GAATAGTTAT	849	CTAATGAAA
msa47199.2{394_H36B}	GAAAgATGCT	AAAAGTGgGA	TGCCTGAGCT	GAATAGTTAT	CTAATGAAA		
msa47199.2{394_JM9130013}	GAAAgATGCT	AAAAGTGgGA	TGCCTGAGCT	GAATAGTTAT	CTAATGAAA		
msa47199.2{394_090}	GAAAgATGCT	AAAAGTGtGA	TGCCTGAGCT	GAATAGTTAT	CTAATGAAA		
msa47199.2{394_18RS21}	GAAAgATGCT	AAAAGTGtGA	TGCCTGAGCT	GAATAGTTAT	CTAATGAAA		
msa47199.2{394_2603}	GAAAgATGCT	AAAAGTGtGA	TGCCTGAGCT	GAATAGTTAT	CTAATGAAA		
msa47199.2{394_CJB110}	GAAAgATGCT	AAAAGTGtGA	TGCCTGAGCT	GAATAGTTAT	CTAATGAAA		
msa47199.2{394_COH1}	GAAAgATGCT	AAAAGTGtGA	TGCCTGAGCT	GAATAGTTAT	CTAATGAAA		
msa47199.2{394_M732}	GAAAgATGCT	AAAAGTGtGA	TGCCTGAGCT	GAATAGTTAT	CTAATGAAA		
msa47199.2{394_M781}	GAAAgATGCT	AAAAGTGtGA	TGCCTGAGCT	GAATAGTTAT	CTAATGAAA		
msa47199.2{394_1169NT}	GAAAgATGCT	AAAAGTGtGA	TGCCTGAGCT	GAATAGTTAT	CTAATGAAA		
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****		

## SEQ ID NO. 7712

STRAIN 2603 frame: 1

PMLSVGLVLEGGMRGLYTAGVLDAGIKIDGIVSVSAGALFGVNFVSRQRERLRY  
 NKLYLSHPKYMSLRSWFRGTGNFVNKDFTYYEVPMKLDVFDDEAFKSSIDFYVATEMTS  
 GKPEYFKIDSVPFQEMILRASSALPVVSKMVDWQKKYLDGGLSDSI PVD FARGLGFDKL  
 IVMTRPLNYQKPKSSGRLYKTLRYKYPNFVKTASNRYQQYNNLSLEKVMSEKTDGLFAI  
 RPSKSLVIGRLEKNPDKLDSIYQLGMKDAKSVMPENLSYLMK

## SEQ ID NO. 7713

STRAIN 090 frame: 1

PMLSVGLVLEGGMRGLYTAGVLDAGIKIDGIVSVSAGALFGVNFVSRQRERLRY  
 NKLYLSHPKYMSLRSWFRGTGNFVNKDFTYYEVPMKLDVFDDEAFKSSIDFYVATEMTS  
 GKPEYFKIDSVPFQEMILRASSALPVVSKMVDWQKKYLDGGLSDSI PVD FARGLGFDKL  
 IVMTRPLNYQKPKSSGRLYKTLRYKYPNFVKTASNRYQQYNNLSLEKVMSEKTDGLFAI  
 RPSKSLVIGRLEKNPDKLDSIYQLGMKDAKSVMPENLSYLMK

## SEQ ID NO. 7714

STRAIN A909 frame: 1

PMLSVGLVLEGGMRGLYTAGVLDAGIKVDGIISVSAGALFGVNFVSRQRERLRY  
 NKLYLSHPKYMSLRSWFRGTGNFVNKDFTYYEVPMKLDVFDDEAFKSSIDFYVATEMTS  
 GKPEYFKIDSVPFQEMILRASSALPVVSKMVDWQKKYLDGGLSDSI PVD FARGLGFDKL  
 IVMTRPLNYQKPKSSGRLYKTLRYKYPNFVKTASNRYQQYNNLSLEKVMSEKTDGLFAI  
 RPSKSLVIGRLEKNPDKLDSIYQLGMKDAKSVMPENLSYLMK

## SEQ ID NO. 7715

STRAIN H36B frame: 1

PMLSVGLVLEGGMRGLYTAGVLDAGIKVDGIISVSAGALFGVNFVSRQRERLRY  
 NKLYLSHPKYMSLRSWFRGTGNFVNKDFTYYEVPMKLDVFDDEAFKSSIDFYVATEMTS

Table 77: Comparative Sequences relating to SAG2059

GKPEYFKIDSVFQEMILRASSALPVVSKMVDWQKKYLDGGLSDSIPVDFARGLGFDKL  
IVVMTRPLNYQKKPSSGRLYKTLRYKYPNFVKTSNRYQQYNNSLEKVMSEKTDGLFAI  
RPSKSLVIGRLEKNPDKLDSIYQLGMKDAKSGMPELNSYLMK

## SEQ ID NO. 7716

STRAIN 18RS21 frame: 1

PMLSVGLVLEGGMRGLYTAGVLDADFLDAGIKIDGIVSVSAGALFGVNFVSRQRERALRY  
NKKYLSHPKYMISLRSWLRTGNFVNKDFTYYEVPMKLDVFDDEAFKKSSIDFYVATEMTS  
GKPEYFKIDSVFQEMILRASSALPVVSKMVDWQKKYLDGGLSDSIPVDFARGLGFDKL  
IVVMTRPLNYQKKPSSGRLYKTLRYKYPNFVKTSNRYQQYNNSLEKVMSEKTDGLFAI  
RPSKSLVIGRLEKNPDKLDSIYQLGMKDAKSGMPELNSYLMK

## SEQ ID NO. 7717

STRAIN M732 frame: 1

PMLSVGLVLEGGMRGLYTAGVLDADFLDAGIKIDGIVSVSAGALFGVNFVSRQRERALRY  
NKKYLSHPKYMISLRSWLRTGNFVNKDFTYYEVPMKLDVFDDEAFKKSSIDFYVATEMTS  
GKPEYFKIDSVFQEMILRASSALPVVSKMVDWQKKYLDGGLSDSIPVDFARGLGFDKL  
IVVMTRPLNYQKKPSSGRLYKTLRYKYPNFVKTSNRYQQYNNSLEKVMSEKTDGLFAI  
RPSKSLVIGRLEKNPDKLDSIYQLGMKYAKSVMPPELNSYLMK

## SEQ ID NO. 7718

STRAIN COH1 frame: 1

PMLSVGLVLEGGMRGLYTAGVLDADFLDAGIKIDGIVSVSAGALFGVNFVSRQRERALRY  
NKKYLSHPKYMISLRSWLRTGNFVNKDFTYYEVPMKLDVFDDEAFKKSSIDFYVATEMTS  
GKPEYFKIDSVFQEMILRASSALPVVSKMVDWQKKYLDGGLSDSIPVDFARGLGFDKL  
IVVMTRPLNYQKKPSSGRLYKTLRYKYPNFVKTSNRYQQYNNSLEKVMSEKTDGLFAI  
RPSKSLVIGRLEKNPDKLDSIYQLGMKYAKSVMPPELNSYLMK

## SEQ ID NO. 7719

STRAIN M781 frame: 1

PMLSVGLVLEGGMRGLYTAGVLDADFLDAGIKIDGIVSVSAGALFGVNFVSRQRERALRY  
NKKYLSHPKYMISLRSWLRTGNFVNKDFTYYEVPMKLDVFDDEAFKKSSIDFYVATEMTS  
GKPEYFKIDSVFQEMILRASSALPVVSKMVDWQKKYLDGGLSDSIPVDFARGLGFDKL  
IVVMTRPLNYQKKPSSGRLYKTLRYKYPNFVKTSNRYQQYNNSLEKVMSEKTDGLFAI  
RPSKSLVIGRLEKNPDKLDSIYQLGMKYAKSVMPPELNSYLMK

## SEQ ID NO. 7720

STRAIN CJB110 frame: 1

PMLSVGLVLEGGMRGLYTAGVLDADFLDAGIKIDGIVSVSAGALFGVNFVSRQRERALRY  
NKKYLSHPKYMISLRSWLRTGNFVNKDFTYYEVPMKLDVFDDEAFKKSSIDFYVATEMTS  
GKPEYFKIDSVFQEMILRASSALPVVSKMVDWQKKYLDGGLSDSIPVDFARGLGFDKL  
IVVMTRPLNYQKKPSSGRLYKTLRYKYPNFVKTSNRYQQYNNSLEKVMSEKTDGLFAI  
RPSKSLVIGRLEKNPDKLDSIYQLGMKDAKSGMPELNSYLMK

## SEQ ID NO. 7721

STRAIN JM9130013 frame: 1

PMLSVGLVLEGGMRGLYTAGVLDADFLDAGIKVDGIIISVSAGALFGVNFVSRQRERALRY  
NKKYLSHPKYMISLRSWLRTGNFVNKDFTYYEVPMKLDVFDDEAFKKSSIDFYVATEMTS  
GKPEYFKIDSVFQEMILRASSALPVVSKMVDWQKKYLDGGLSDSIPVDFARGLGFDKL  
IVVMTRPLNYQKKPSSGRLYKTLRYKYPNFVKTSNRYQQYNNSLEKVMSEKTDGLFAI  
RPSKSLVIGRLEKNPDKLDSIYQLGMKDAKSGMPELNSYLMK

## SEQ ID NO. 7722

STRAIN 1169NT frame: 1

PMLSVGLVLEGGMRGLYTAGVLDADFLDAGIKIDGIVSVSAGALFGVNFVSRQRERALRY  
NKKYLSHPKYMISLRSWLRTGNFVNKDFTYYEVPMKLDVFDDEAFKKSSIDFYVATEMTS  
GKPEYFKIDSVFQEMILRASSALPVVSKMVDWQKKYLDGGLSDSIPVDFARGLGFDKL  
IVVMTRPLNYQKKPSSGRLYKTLRYKYPNFVKTSNRYQQYNNSLEKVMSEKTDGLFAI  
RPSKSLVIGRLEKNPDKLDSIYQLGMKDAKSGMPELNSYLMK

	1		50
msa47322.2{394_A909}	PMLSVGLVLE	GGGMRGLYTA	GVLDADFLDAG IKVDGIIISVS AGALFGVNFV
msa47322.2{394_H36B}	PMLSVGLVLE	GGGMRGLYTA	GVLDADFLDAG IKVDGIIISVS AGALFGVNFV
msa47322.2{394_JM9130013}	PMLSVGLVLE	GGGMRGLYTA	GVLDADFLDAG IKVDGIIISVS AGALFGVNFV
msa47322.2{394_090}	PMLSVGLVLE	GGGMRGLYTA	GVLDADFLDAG IKIDGIVSVS AGALFGVNFV
msa47322.2{394_1169NT}	PMLSVGLVLE	GGGMRGLYTA	GVLDADFLDAG IKIDGIVSVS AGALFGVNFV
msa47322.2{394_18RS21}	PMLSVGLVLE	GGGMRGLYTA	GVLDADFLDAG IKIDGIVSVS AGALFGVNFV
msa47322.2{394_2603}	PMLSVGLVLE	GGGMRGLYTA	GVLDADFLDAG IKIDGIVSVS AGALFGVNFV
msa47322.2{394_CJB110}	PMLSVGLVLE	GGGMRGLYTA	GVLDADFLDAG IKIDGIVSVS AGALFGVNFV
msa47322.2{394_COH1}	PMLSVGLVLE	GGGMRGLYTA	GVLDADFLDAG IKIDGIVSVS AGALFGVNFV
msa47322.2{394_M732}	PMLSVGLVLE	GGGMRGLYTA	GVLDADFLDAG IKIDGIVSVS AGALFGVNFV
msa47322.2{394_M781}	PMLSVGLVLE	GGGMRGLYTA	GVLDADFLDAG IKIDGIVSVS AGALFGVNFV
Consensus	*****	*****	*****

	51		100
msa47322.2{394_A909}	SRQRERALRY	NKKYLSHPK	YMSLRSLWRTG NFNVDKFTYY EVPMKLDVFD
msa47322.2{394_H36B}	SRQRERALRY	NKKYLSHPK	YMSLRSLWRTG NFNVDKFTYY EVPMKLDVFD
msa47322.2{394_JM9130013}	SRQRERALRY	NKKYLSHPK	YMSLRSLWRTG NFNVDKFTYY EVPMKLDVFD
msa47322.2{394_090}	SRQRERALRY	NKKYLSHPK	YMSLRSLWRTG NFNVDKFTYY EVPMKLDVFD
msa47322.2{394_1169NT}	SRQRERALRY	NKKYLSHPK	YMSLRSLWRTG NFNVDKFTYY EVPMKLDVFD
msa47322.2{394_18RS21}	SRQRERALRY	NKKYLSHPK	YMSLRSLWRTG NFNVDKFTYY EVPMKLDVFD

Table 77: Comparative Sequences relating toSAG2059

msa47322.2{394_2603}	SRQRERALRY	NKKYLSHPkY	MSLRSWERTG	NFVNKDFTYY	EVPMKLDVFD
msa47322.2{394_CJB110}	SRQRERALRY	NKKYLSHPkY	MSLRSWERTG	NFVNKDFTYY	EVPMKLDVFD
msa47322.2{394_COH1}	SRQRERALRY	NKKYLSHPeY	MSLRSWlRTG	NFVNKDFTYY	EVPMKLDVFD
msa47322.2{394_M732}	SRQRERALRY	NKKYLSHPeY	MSLRSWlRTG	NFVNKDFTYY	EVPMKLDVFD
msa47322.2{394_M781}	SRQRERALRY	NKKYLSHPeY	MSLRSWlRTG	NFVNKDFTYY	EVPMKLDVFD
Consensus	*****	*****_*	*****_**	*****	*****
msa47322.2{394_A909}	DEAFKKSSID	FYaVATEMTS	GKPEYFKIDS	VFEQMEILRA	SSALPVVSKM
msa47322.2{394_H36B}	DEAFKKSSID	FYaVATEMTS	GKPEYFKIDS	VFEQMEILRA	SSALPVVSKM
msa47322.2{394_JM9130013}	DEAFKKSSID	FYaVATEMTS	GKPEYFKIDS	VFEQMEILRA	SSALPVVSKM
msa47322.2{394_090}	DEAFKKSSID	FYvVATEMTS	GKPEYFKIDS	VFEQMEILRA	SSALPVVSKM
msa47322.2{394_1169NT}	DEAFKKSSID	FYaVATEMTS	GKPEYFKIDS	VFEQMEILRA	SSALPVVSKM
msa47322.2{394_18RS21}	DEAFKKSSID	FYvVATEMTS	GKPEYFKIDS	VFEQMEILRA	SSALPVVSKM
msa47322.2{394_2603}	DEAFKKSSID	FYvVATEMTS	GKPEYFKIDS	VFEQMEILRA	SSALPVVSKM
msa47322.2{394_CJB110}	DEAFKKSSID	FYvVATEMTS	GKPEYFKIDS	VFEQMEILRA	SSALPVVSKM
msa47322.2{394_COH1}	DEAFKKSSID	FYvVATEMTS	GKPEYFKIDS	VFEQMEILRA	SSALPVVSKM
msa47322.2{394_M732}	DEAFKKSSID	FYvVATEMTS	GKPEYFKIDS	VFEQMEILRA	SSALPVVSKM
msa47322.2{394_M781}	DEAFKKSSID	FYvVATEMTS	GKPEYFKIDS	VFEQMEILRA	SSALPVVSKM
Consensus	*****	**_*****	*****	*****	*****
msa47322.2{394_A909}	VvWQGGKCYLD	GGLSDSIPVD	FARGLGFDKL	IVVMTRPLNY	QKKPSSGRLY
msa47322.2{394_H36B}	VvWQGGKCYLD	GGLSDSIPVD	FARGLGFDKL	IVVMTRPLNY	QKKPSSGRLY
msa47322.2{394_JM9130013}	VvWQGGKCYLD	GGLSDSIPVD	FARGLGFDKL	IVVMTRPLNY	QKKPSSGRLY
msa47322.2{394_090}	VdWQGGKCYLD	GGLSDSIPVD	FARGLGFDKL	IVVMTRPLNY	QKKPSSGRLY
msa47322.2{394_1169NT}	VdWQGGKCYLD	GGLSDSIPVD	FARGLGFDKL	IVVMTRPLNY	QKKPSSGRLY
msa47322.2{394_18RS21}	VdWQGGKCYLD	GGLSDSIPVD	FARGLGFDKL	IVVMTRPLNY	QKKPSSGRLY
msa47322.2{394_2603}	VdWQGGKCYLD	GGLSDSIPVD	FARGLGFDKL	IVVMTRPLNY	QKKPSSGRLY
msa47322.2{394_CJB110}	VdWQGGKCYLD	GGLSDSIPVD	FARGLGFDKL	IVVMTRPLNY	QKKPSSGRLY
msa47322.2{394_COH1}	VdWQGGKCYLD	GGLSDSIPVD	FARGLGFDKL	IVVMTRPLNY	QKKPSSGRLY
msa47322.2{394_M732}	VdWQGGKCYLD	GGLSDSIPVD	FARGLGFDKL	IVVMTRPLNY	QKKPSSGRLY
msa47322.2{394_M781}	VdWQGGKCYLD	GGLSDSIPVD	FARGLGFDKL	IVVMTRPLNY	QKKPSSGRLY
Consensus	..*****	*****	*****	*****	*****
msa47322.2{394_A909}	KTLYRKYPNF	VKTASNRYQQ	YNNSEKVMs	LEKTGDLFAI	RPSKSLVIGR
msa47322.2{394_H36B}	KTLYRKYPNF	VKTASNRYQQ	YNNSEKVMs	LEKTGDLFAI	RPSKSLVIGR
msa47322.2{394_JM9130013}	KTLYRKYPNF	VKTASNRYQQ	YNNSEKVMs	LEKTGDLFAI	RPSKSLVIGR
msa47322.2{394_090}	KTLYRKYPNF	VKTASNRYQQ	YNNSEKVMs	LEKTGDLFAI	RPSKSLVIGR
msa47322.2{394_1169NT}	KTLYRKYPNF	VKTASNRYQQ	YNNSEKVMs	LEKTGDLFAI	RPSKSLVIGR
msa47322.2{394_18RS21}	KTLYRKYPNF	VKTASNRYQQ	YNNSEKVMs	LEKTGDLFAI	RPSKSLVIGR
msa47322.2{394_2603}	KTLYRKYPNF	VKTASNRYQQ	YNNSEKVMs	LEKTGDLFAI	RPSKSLVIGR
msa47322.2{394_CJB110}	KTLYRKYPNF	VKTASNRYQQ	YNNSEKVMs	LEKTGDLFAI	RPSKSLVIGR
msa47322.2{394_COH1}	KTLYRKYPNF	VKTASNRYQQ	YNNSEKVMs	LEKTGDLFAI	RPSKSLVIGR
msa47322.2{394_M732}	KTLYRKYPNF	VKTASNRYQQ	YNNSEKVMs	LEKTGDLFAI	RPSKSLVIGR
msa47322.2{394_M781}	KTLYRKYPNF	VKTASNRYQQ	YNNSEKVMs	LEKTGDLFAI	RPSKSLVIGR
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****_..
msa47322.2{394_A909}	LEKNPDKLDS	IYQLGMKdAK	SgMPELNSYL	MK	
msa47322.2{394_H36B}	LEKNPDKLDS	IYQLGMKdAK	SgMPELNSYL	MK	
msa47322.2{394_JM9130013}	LEKNPDKLDS	IYQLGMKdAK	SgMPELNSYL	MK	
msa47322.2{394_090}	LEKNPDKLDS	IYQLGMKdAK	SvMPELNSYL	MK	
msa47322.2{394_1169NT}	LEKNPDKLDS	IYQLGMKdAK	SvMPELNSYL	MK	
msa47322.2{394_18RS21}	LEKNPDKLDS	IYQLGMKdAK	SvMPELNSYL	MK	
msa47322.2{394_2603}	LEKNPDKLDS	IYQLGMKdAK	SvMPELNSYL	MK	
msa47322.2{394_CJB110}	LEKNPDKLDS	IYQLGMKdAK	SvMPELNSYL	MK	
msa47322.2{394_COH1}	LEKNPDKLDS	IYQLGMKyAK	SvMPELNSYL	MK	
msa47322.2{394_M732}	LEKNPDKLDS	IYQLGMKyAK	SvMPELNSYL	MK	
msa47322.2{394_M781}	LEKNPDKLDS	IYQLGMKyAK	SvMPELNSYL	MK	
Consensus	*****	*****_**	..*****	**	

Table 78: Comparative Sequences relating to SAG1016

SEQ ID NO. 7801

STRAIN 2603

ATGAAAGTTTGTAGTAGTGTGATGAACCAGTTGCACGTAACGAATTAATTTACCTTCTT  
 AATAAGTATGATTCTAACCTCGTTATAGCAGAGGCGCATGATATGGCTACTGCATTAGCT  
 ATTTTACTTAGAGAAACTTTTGATGTAGCACTGTTAGATATCCATCTCAGAGATGATTCT  
 GGGTTGCAATTAGCAGAGTATATCAATAAAATGCCCAAACCAACCATTTATGATATTGCG  
 ACTGCTTATGATCAATATGCTATTTCAGGCTTTTGAGCATGATGCGCGTGATTATTGTTA  
 AAACCTTATGATTTTGTAGGCTAAAGCAAGCTATGGATAGAGTAAAGGAGCGCTAAGT  
 ACATCTACAATTATAGAGAGCGTAACCTCCGGTCTCTCTTCAAGCAACAGTATCCATTG  
 ACAGTAGAAGATCGAATCTATCTGGTGTGCGCGGATGATATCCCTTTTGATTGAAGCTATG  
 CAAGGAAAACTGATTATACAAACACCTGATAAAATTTATGAAATGATGGCTCTCTACA  
 CAATGGCAAGATAAACTACCATCATCTCAATTTGTACGGGTACATCGCTCTTACATTGTG  
 AACATTATGCTATTAAAAACGATTGAACCTTGGTTTAAACCAACACTTCAGTTACACCTT  
 TGTAAATAAAATAACAGTTCCCTGTTAGCAGAGCAAAATGTAACCCCTTAAACAAATGTTA  
 GGCATATCTACC

SEQ ID NO. 7802

STRAIN 090

AAAGTTTGTAGTAGTGTGATGAACCAGTTGCACGTAA  
 CGAATTAATTTACCTTCTTAATAAGTATGATTCTAACCTCGTTATAGCAG  
 AGGCGCATGATATGGCTACTGCATTAGCTATTTTACTTAGAGAAACTTTT  
 GATGTAGCACTGTTAGATATCCATCTCAGAGATGATTCTGGGTTGCAATT  
 AGCAGAGTATATCAATAAAATGCCCAAACCAACCATTTATGATATTGOGA  
 CTGCTTATGATCAATATGCTATTTCAGGCTTTTGAGCATGATGCGCGTGAT  
 TATTGTTAAAAACCTTATGATTTTGTAGGCTAAAGCAAGCTATGGATAG  
 AGTAAAAAGGAGCGCTAAGTACATCTACAATTATAGAGAGCGTAACCTCCG  
 GTCTCTCTTCAAGCAACAGTATCCATTGACAGTAGAAGATCGAATCTAT  
 CTGGTGTGCGCGGATGATATCCCTTTTGATTGAAGCTATGCAAGGAAAACT  
 GATTATACAAACACCTGATAAAATTTATGAAATGATGGCTCTCTACAAC  
 AATGGCAAGATAAACTACCATCATCTCAATTTGTACGGGTACATCGCTCT  
 TACATTGTGAACATTAAATGCTATTAAAAACGATTGAACCTTGGTTTAAACCA  
 AACACTTCAGTTACACCTTTGTAAATAAAATAACAGTTCCCTGTTAGCAGAG  
 CAAATGTAAACCCCTTAAACAAATGTTAGGCATATCTACC

SEQ ID NO. 7803

STRAIN A909

AAAGTTTGTAGTAGTGTGATGAACCAGTTGCACGTAA  
 GAAATTAATTTACCTTCTTAATAAGTATGATTCTAACCTCGTTATAGCAG  
 AGGCGCATGATATGGCTACTGCATTAGCTATTTTACTTAGAGAAACTTTT  
 ATGTAGCACTGTTAGATATCCATCTCAGAGATGATTCTGGGTTGCAATTA  
 GCAGAGTATATCAATAAAATGCCCAAACCAACCATTTATGATATTGCGGAC  
 TGCTTATGATCAATATGCTATTCAAGCTTTTGAGCATGATGCGCGTGATT  
 ATTTGTTAAAAACCTTATGAGTTTGTAGGCTAAAGCAAGCTATGGATAGA  
 GTAAAGGAGCGCTAAGTACATCTACAATTATAGAGAGCGTAACCTCCGG  
 CCTCTCTTCAAGCAACAGTATCCATTGACAGTAGAAGATCGAATCTATC  
 TGGTGTGCGCGGATGATATCCCTTTTGATTGAAGCTATGCAAGGAAAACTG  
 ATTATACAAACACCTGATAAAATTTATGAAATGATGGCTCTCTACAACA  
 ATGGCAAGATAAACTACCATCATCTCAATTTGTACGGGTGACACCGCTCT  
 ACATTGTGAATATTAAATGCTATTAAAAACGATTGAACCTTGGTTTAAACCA  
 ACACCTTCAGTTACACCTTTGTAAATAAAATAACAGTTCCCTGTTAGCAGAG  
 AAATGTAAACCCCTTAAACAAATGTTAGGCATATCTACC

SEQ ID NO. 7804

STRAIN H36B

AAAGTTTGTAGTAGTGTGATGAACCAGTTGCACGT  
 AACGAATTAATTTACCTTCTTAATAAGTATGATTCTAACCTCGTTATAGC  
 AGAGGCGCATGATATGGCTACTGCATTAGCTATTTTACTTAGAGAAACTTT  
 TTGATGTAGCACTGTTAGATATCCATCTCAGAGATGATTCTGGGTTGCAA  
 TTAGCAGAGTATATCAATAAAATGCCCAAACCAACCATTTATGATATTGCG  
 GACTGCTTATGATCAATATGCTATTCAAGCTTTTGAGCATGATGCGCGTG  
 ATTATTGTTAAAAACCTTATGAGTTTGTAGGCTAAAGCAAGCTATGGAT  
 AGAGTAAAGGAGCGCTAAGTACATCTACAATTATAGAGAGCGTAACCTC  
 CGGCCCTCTCTTCAAGCAACAGTATCCATTGACAGTAGAAGATCGAATCT  
 ATCTGGTGTGCGCGGATGATATCCCTTTTGATTGAAGCTATGCAAGGAAAA  
 CTGATTATACAAACACCTGATAAAATTTATGAAATGATGGCTCTCTACA  
 ACAATGGCAAGATAAACTACCATCATCTCAATTTGTACGGGTGACACCGCT  
 CTTACATTGTGAATATTAAATGCTATTAAAAACGATTGAACCTTGGTTTAAAC  
 CAAACACTTCAGTTACACCTTTGTAAATAAAATAACAGTTCCCTGTTAGCAG  
 AGCAAATGTAAACCCCTTAAACAAATGTTAGGCATATCTACC

SEQ ID NO. 7805

STRAIN 18RS21

AAAGTTTGTAGTAGTGTGATGAACCAGTTGCACGTAA  
 GAATTAATTTACCTTCTTAATAAGTATGATTCTAACCTCGTTATAGCAG  
 AGGCGCATGATATGGCTACTGCATTAGCTATTTTACTTAGAGAAACTTTT  
 ATGTAGCACTGTTAGATATCCATCTCAGAGATGATTCTGGGTTGCAATTA  
 GCAGAGTATATCAATAAAATGCCCAAACCAACCATTTATGATATTGCGGAC  
 TGCTTATGATCAATATGCTATTTCAGGCTTTTGAGCATGATGCGCGTGATT  
 ATTTGTTAAAAACCTTATGATTTTGTAGGCTAAAGCAAGCTATGGATAGA  
 GTAAAGGAGCGCTAAGTACATCTACAATTATAGAGAGCGTAACCTCCGG  
 TCCTCTCTTCAAGCAACAGTATCCATTGACAGTAGAAGATCGAATCTATC  
 TGGTGTGCGCGGATGATATCCCTTTTGATTGAAGCTATGCAAGGAAAACTG

Table 78: Comparative Sequences relating to SAG1016

ATTATACAAACACCTGATAAAAAATTATGAAATTGATGGCTCTCTACAACA  
 ATGGCAAGATAAACTACCATCATCTCAATTGTACGGGTACATCGCTCTT  
 ACATTGTGAACATTAATGCTATTAACAGATTGAACCTTGGTTAAACCAA  
 ACACCTCAGTTACACCTTTGTAAATAAATAACAGTTCCTGTTAGCAGAGC  
 AAATGTAAACCCCTAAACAAATGTTAGGCATATCTACC

SEQ ID NO. 7806

STRAIN M732

AAAGTTTGTAGTGTGATGATGAACCAAGTT  
 GCACGTAACGAATTAATTTACCTTCTTAATAAGTATGATTCTAACCTCGT  
 TATAGCAGAGGCGCATGATATGGCTACTGCATTAGCTATTTTACTTAGAG  
 AAACCTTTGTAGTACGACTGTTAGATATCCATCTCAGAGATGATTCTGGG  
 TTGCAATTAGCAGAGTATATCAATAAAATGCCAAACCAACCTATTGAT  
 ATTCCGCGACTGCTTATGATCAATATGCTATTTCAGGCTTTTGAGCAGGATG  
 CGCGTATTATTTGTTAAACCCCTATGAGTTTGATAGGTTAAAGCAAGCT  
 ATGGATAGAGTAAAGGAGCGCTAAGTACATCTACAATTATAGAGAGCGT  
 AGCTTCCGGTCTCTCTTCAAGCAACAGTATCCATTGACAGTAGAAGATC  
 GAATCTATCTGGTGTGCGCGGATGATATCCTTTTGATTGAAGCTATGCAA  
 GGAAACCTGATTATACAAACACCTGATAAAATTATGAAATTGATGGCTC  
 TCTACAACAATGGCAAGATAAACTACCATCATCTCAATTTGTACGGGTAC  
 ATCGCTCTTACATTGTGAATATTAATGCTATTAAACGATTGAACCTTGG  
 TTTAACCACCACTTCAGTTACACCTTTGTAAATAAATAACAGTTCCTGT  
 TAGCAGAGCAAAATGTAAACCCCTAAACAAATGTTAGGCATATCTACC

SEQ ID NO. 7807

STRAIN COHI

AAAGTTTGTAGTGTGATGATGAACCAAGTTGCACGTA  
 ACGAATTAATTTACCTTCTTAATAAGTATGATTCTAACCTCGTTATAGCA  
 GAGCGCATGATATGGCTACTGCATTAGCTATTTTACTTAGAGAACTTT  
 TGATGTAGCAGTGTAGATATCCATCTCAGAGATGATTCTGGGTTGCAAT  
 TAGCAGAGTATATCAATAAAATGCCAAACCAACCTATTGATATTCGCG  
 ACTGCTTATGATCAATATGCTATTTCAGGCTTTTGAGCAGGATGCGCGTGA  
 TTATTTGTTAAACCCCTATGAGTTTGATAGGTTAAAGCAAGCTATGGATA  
 GAGTAAAGGAGCGCTAAGTACATCTACAATTATAGAGAGCGTAGCTTCC  
 GGTCTCTCTTCAAGCAACAGTATCCATTGACAGTAGAAGATCGAATCTA  
 TCTGGTGTGCGCGGATGATATCCTTTTGATTGAAGCTATGCAAGGAAAC  
 TGATTATACAAACACCTGATAAAATTATGAAATTGATGGCTCTCTACAA  
 CAATGGCAAGATAAACTACCATCATCTCAATTTGTACGGGTACATCGCTC  
 TTACATTGTGAATATTAATGCTATTAAACGATTGAACCTTGGTTAAACC  
 AAACACTTCAGTTACACCTTTGTAAATAAATAACAGTTCCTGTTAGCAGA  
 GCAATGTAAACCCCTAAACAAATGTTAGGCATATCTACC

SEQ ID NO. 7808

STRAIN M781

AAAGTTTGTAGTGTGATGATGAACCAAGTTGCACGTAAC  
 GAATTAATTTACCTTCTTAATAAGTATGATTCTAACCTCGTTATAGCAGA  
 GGCGCATGATATGGCTACTGCATTAGCTATTTTACTTAGAGAACTTTT  
 ATGTAGCAGTGTAGATATCCATCTCAGAGATGATTCTGGGTTGCAATTA  
 GCAGAGTATATCAATAAAATGCCAAACCAACCTATTGATATTCGCGAC  
 TGCTTATGATCAATATGCTATTTCAGGCTTTTGAGCAGGATGCGCGTAT  
 ATTTGTTAAACCCCTATGAGTTTGATAGGTTAAAGCAAGCTATGGATAGA  
 GTAAAGGAGCGCTAAGTACATCTACAATTATAGAGAGCGTAGCTTCCGG  
 TCCTCTCTTCAAGCAACAGTATCCATTGACAGTAGAAGATCGAATCTATC  
 TGGTGTGCGCGGATGATATCCTTTTGATTGAAGCTATGCAAGGAAACTG  
 ATTATACAAACACCTGATAAAATTATGAAATTGATGGCTCTCTACAACA  
 ATGGCAAGATAAACTACCATCATCTCAATTTGTACGGGTACATCGCTCT  
 ACATTGTGAATATTAATGCTATTAAACGATTGAACCTTGGTTAAACCAA  
 ACACCTCAGTTACACCTTTGTAAATAAATAACAGTTCCTGTTAGCAGAGC  
 AAATGTAAACCCCTAAACAAATGTTAGGCATATCTACC

SEQ ID NO. 7809

STRAIN CJB110

CTTAATAAGTATGATTCTAACCTCGTTATAGCAGAGGCGCATGATATGGC  
 TACTGCATTAGCTATTTTACTTAGAGAACTTTTGATGTAGCACTGTTAG  
 ATATCCATCTCAGAGATGATTCTGGGTTGCAATTAGCAGAGTATATCAAT  
 AAAATGCCAAACCAACCTATTGATATTCGCGACTGCTTATGATCAATA  
 TGCTATTCAAGCTTTTGAGCATGATGCGCGTATATTGTTAAACCCCT  
 ATGAGTTTGATAGGCTAAAGCAAGTATGATAGAGTAAAGGAGCGCTA  
 AGTACATCTACAATTATAGAGAGCGTAACCTTCGGCCCTCTCTTCAAGCA  
 ACAGTATCCATTGACAGTAGAAGATGAATCTATCTGGTGTGCGCGGATG  
 ATATCCTTTTGATTGAAGCTATGCAAGGAAACTGATTATACAAACCT  
 GATAAAATATGAAATTGATGGCTCTCTACAACAATGGCAAGATAAACT  
 ACCATCATCTCAATTTGTACGGGTGCAACCGCTCTTACATTGTGAATATTA  
 ATGCTATTAAACGATTGAACCTTGGTTAAACCAACCTTCAGTTACAC  
 CTTTGTAAATAAATAACAGTTCCTGTTAGCAGAGCAAAATGTAAACCCCT  
 AAAACAAATGTTAGG

SEQ ID NO. 7810

STRAIN 1169NT

AAAGTTTGTAGTGTGATGATGAACCAAG  
 TTGCACGTAACGAATTAATTTATCTTCTTAATAAGTATGATTCTAACCTC  
 GTTATAGCAGAGGCGCATGATATAGCTACTGCATTAGCTATTTTACTTAG



Table 78: Comparative Sequences relating to SAG1016

AGAAACTTTTGTAGTACTGTTAGATATCCATCTCAGAGATGATTCTG  
GGTTGCAATTAGCAGAGTATATCAATAAAATGCCAAACCCATTATTG  
ATATTCGCGACTGCTTATGATCAATATGCTATTTCAGGCTTTTGAGCATGA  
TGCGCGTGATTATTTGTTAAACCCCTATGAGTTTGTAGGCTAAAGCAAG  
CTATGGATAGAGTAAAGGAGCGCTAAGTACATCTACAATTATAGAGAGC  
GTAACCTCCGGCCCTCTCTCAAGCAACAGTATCCATTGACAGTAGAAGA  
TCGAATCTATCTGGTGTGCGCGGATGATATCCCTTTTGATTGAAGCTATGC  
AAGGAAACTGATTATACAAACACCTGATAAAATTTATGAAATTTGATGGC  
TCTCTACAACATGGCAAGATAAACTACCATCATCTCAATTTGTACGGGT  
GCACCGCTCTTACATGTGAATATTAATGCTATTAACGATTGAACCTT  
GGTTTAACCAACACTTCAGTTACACCTTTGTAATAAAATAACAGTTCTCT  
GTTAGCAGAGCAAAATGTAAACCCCTTAAACAAATGTTAGGCATATCTAC  
C

SEQ ID NO. 7811

STRAIN JM9130013

AAAGTTTGTAGTGTGATGATGAACCAGT  
TGCACGTAAAGAAATTAATTTACCTTCTTAATAAGTATGATTCTAACCTCG  
TTATAGCAGAGGCGCATGATATGGCTACTGCTATTAGCTATTTTACTTAGA  
GAAACTTTTGTAGTACTGTTAGATATCCATCTCAGAGATGATTCTGG  
GTTGCAATTAGCAGAGTATATCAATAAAATGCCAAACCCATTATTGA  
TATTCGCGACTGCTTATGATCAATATGCTATTCAAGCTTTTGAGCATGAT  
GCGCGTGATTATTTGTTAAACCCCTATGAGTTTGTATAGGCTAAAGCAAGC  
TATGGATAGAGTAAAGGAGCGCTAAGTACATCTACAATTATAGAGAGCG  
TAACCTTCGCGCCCTCTCTTCAAGCAACAGTATCCATTGACAGTAGAAGAT  
CGAATCTATCTGGTGTGCGCGGATGATATCCCTTTTGATTGAAGCTATGCA  
AGGAAACTGATATACAAACACCTGATAAAATTTATGAAATTTGATGGCT  
CTCTACAACATGGCAAGATAAACTACCATCATCTCAATTTGTACGGGTG  
CACCGCTCTTACATTTGTGAATATTAATGCTATTAACGATTGAACCTTG  
GTTTAACCAACACTTCAGTTACACCTTTGTAATAAAATAACAGTTCTCTG  
TTAGCAGAGCAAAATGTAAACCCCTTAAACAAATGTTAGGCATATCTACC

MSA Alignment Results: Pretty output

PRETTY of: /biotmp/msal41507.2(\*) April 10, 2003 06:36 ..

	1				50
msal41507.2{399_A909}	---aaagttt	tagtagttga	tgatgaacca	gttgcacgta	acgaattaat
msal41507.2{399_CJB110}	-----	-----	-----	-----	-----
msal41507.2{399_H36B}	---aaagttt	tagtagttga	tgatgaacca	gttgcacgta	acgaattaat
msal41507.2{399_JM9130013}	---aaagttt	tagtagttga	tgatgaacca	gttgcacgta	acgaattaat
msal41507.2{399_1169NT}	---aaagttt	tagtagttga	tgatgaacca	gttgcacgta	acgaattaat
msal41507.2{399_090}	---aaagttt	tagtagttga	tgatgaacca	gttgcacgta	acgaattaat
msal41507.2{399_18RS21}	---aaagttt	tagtagttga	tgatgaacca	gttgcacgta	acgaattaat
msal41507.2{399_2603}	atgaaagttt	tagtagttga	tgatgaacca	gttgcacgta	acgaattaat
msal41507.2{399_COH1}	---aaagttt	tagtagttga	tgatgaacca	gttgcacgta	acgaattaat
msal41507.2{399_M732}	---aaagttt	tagtagttga	tgatgaacca	gttgcacgta	acgaattaat
msal41507.2{399_M781}	---aaagttt	tagtagttga	tgatgaacca	gttgcacgta	acgaattaat
Consensus	***-----	-----	-----	-----	-----
	51				100
msal41507.2{399_A909}	ttaccttCTT	AATAAGTATG	ATTCTAACCT	CGTTATAGCA	GAGGCGCATG
msal41507.2{399_CJB110}	-----CTT	AATAAGTATG	ATTCTAACCT	CGTTATAGCA	GAGGCGCATG
msal41507.2{399_H36B}	ttaccttCTT	AATAAGTATG	ATTCTAACCT	CGTTATAGCA	GAGGCGCATG
msal41507.2{399_JM9130013}	ttaccttCTT	AATAAGTATG	ATTCTAACCT	CGTTATAGCA	GAGGCGCATG
msal41507.2{399_1169NT}	ttatcttCTT	AATAAGTATG	ATTCTAACCT	CGTTATAGCA	GAGGCGCATG
msal41507.2{399_090}	ttaccttCTT	AATAAGTATG	ATTCTAACCT	CGTTATAGCA	GAGGCGCATG
msal41507.2{399_18RS21}	ttaccttCTT	AATAAGTATG	ATTCTAACCT	CGTTATAGCA	GAGGCGCATG
msal41507.2{399_2603}	ttaccttCTT	AATAAGTATG	ATTCTAACCT	CGTTATAGCA	GAGGCGCATG
msal41507.2{399_COH1}	ttaccttCTT	AATAAGTATG	ATTCTAACCT	CGTTATAGCA	GAGGCGCATG
msal41507.2{399_M732}	ttaccttCTT	AATAAGTATG	ATTCTAACCT	CGTTATAGCA	GAGGCGCATG
msal41507.2{399_M781}	ttaccttCTT	AATAAGTATG	ATTCTAACCT	CGTTATAGCA	GAGGCGCATG
Consensus	-----***	*****	*****	*****	*****
	101				150
msal41507.2{399_A909}	ATATgGCTAC	TGCATTAGCT	ATTTTACTTA	GAGAAACTTT	TGATGTAGCA
msal41507.2{399_CJB110}	ATATgGCTAC	TGCATTAGCT	ATTTTACTTA	GAGAAACTTT	TGATGTAGCA
msal41507.2{399_H36B}	ATATgGCTAC	TGCATTAGCT	ATTTTACTTA	GAGAAACTTT	TGATGTAGCA
msal41507.2{399_JM9130013}	ATATgGCTAC	TGCATTAGCT	ATTTTACTTA	GAGAAACTTT	TGATGTAGCA
msal41507.2{399_1169NT}	ATATgGCTAC	TGCATTAGCT	ATTTTACTTA	GAGAAACTTT	TGATGTAGCA
msal41507.2{399_090}	ATATgGCTAC	TGCATTAGCT	ATTTTACTTA	GAGAAACTTT	TGATGTAGCA
msal41507.2{399_18RS21}	ATATgGCTAC	TGCATTAGCT	ATTTTACTTA	GAGAAACTTT	TGATGTAGCA
msal41507.2{399_2603}	ATATgGCTAC	TGCATTAGCT	ATTTTACTTA	GAGAAACTTT	TGATGTAGCA
msal41507.2{399_COH1}	ATATgGCTAC	TGCATTAGCT	ATTTTACTTA	GAGAAACTTT	TGATGTAGCA
msal41507.2{399_M732}	ATATgGCTAC	TGCATTAGCT	ATTTTACTTA	GAGAAACTTT	TGATGTAGCA
msal41507.2{399_M781}	ATATgGCTAC	TGCATTAGCT	ATTTTACTTA	GAGAAACTTT	TGATGTAGCA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
	151				200
msal41507.2{399_A909}	CTGTTAGATA	TCCATCTCAG	AGATGATTCT	GGGTTGCAAT	TAGCAGAGTA
msal41507.2{399_CJB110}	CTGTTAGATA	TCCATCTCAG	AGATGATTCT	GGGTTGCAAT	TAGCAGAGTA
msal41507.2{399_H36B}	CTGTTAGATA	TCCATCTCAG	AGATGATTCT	GGGTTGCAAT	TAGCAGAGTA
msal41507.2{399_JM9130013}	CTGTTAGATA	TCCATCTCAG	AGATGATTCT	GGGTTGCAAT	TAGCAGAGTA
msal41507.2{399_1169NT}	CTGTTAGATA	TCCATCTCAG	AGATGATTCT	GGGTTGCAAT	TAGCAGAGTA

Table 78: Comparative Sequences relating to SAG1016

msa141507.2{399_090}	CTGTTAGATA	TCCATCTCAG	AGATGATTCT	GGGTTGCAAT	TAGCAGAGTA
msa141507.2{399_18RS21}	CTGTTAGATA	TCCATCTCAG	AGATGATTCT	GGGTTGCAAT	TAGCAGAGTA
msa141507.2{399_2603}	CTGTTAGATA	TCCATCTCAG	AGATGATTCT	GGGTTGCAAT	TAGCAGAGTA
msa141507.2{399_COH1}	CTGTTAGATA	TCCATCTCAG	AGATGATTCT	GGGTTGCAAT	TAGCAGAGTA
msa141507.2{399_M732}	CTGTTAGATA	TCCATCTCAG	AGATGATTCT	GGGTTGCAAT	TAGCAGAGTA
msa141507.2{399_M781}	CTGTTAGATA	TCCATCTCAG	AGATGATTCT	GGGTTGCAAT	TAGCAGAGTA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa141507.2{399_A909}	TATCAATAAA	ATGCCCAAAC	CACCATTATT	GATATTcGCG	ACTGCTTATG
msa141507.2{399_CJB110}	TATCAATAAA	ATGCCCAAAC	CACCATTATT	GATATTcGCG	ACTGCTTATG
msa141507.2{399_H36B}	TATCAATAAA	ATGCCCAAAC	CACCATTATT	GATATTcGCG	ACTGCTTATG
msa141507.2{399_JM9130013}	TATCAATAAA	ATGCCCAAAC	CACCATTATT	GATATTcGCG	ACTGCTTATG
msa141507.2{399_1169NT}	TATCAATAAA	ATGCCCAAAC	CACCATTATT	GATATTcGCG	ACTGCTTATG
msa141507.2{399_090}	TATCAATAAA	ATGCCCAAAC	CACCATTATT	GATATTcGCG	ACTGCTTATG
msa141507.2{399_18RS21}	TATCAATAAA	ATGCCCAAAC	CACCATTATT	GATATTcGCG	ACTGCTTATG
msa141507.2{399_2603}	TATCAATAAA	ATGCCCAAAC	CACCATTATT	GATATTcGCG	ACTGCTTATG
msa141507.2{399_COH1}	TATCAATAAA	ATGCCCAAAC	CACCATTATT	GATATTcGCG	ACTGCTTATG
msa141507.2{399_M732}	TATCAATAAA	ATGCCCAAAC	CACCATTATT	GATATTcGCG	ACTGCTTATG
msa141507.2{399_M781}	TATCAATAAA	ATGCCCAAAC	CACCATTATT	GATATTcGCG	ACTGCTTATG
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa141507.2{399_A909}	ATCAATATGC	TATTCaGCT	TTTGAGCAtG	ATGCGCGTGA	TTATTtGTTA
msa141507.2{399_CJB110}	ATCAATATGC	TATTCaGCT	TTTGAGCAtG	ATGCGCGTGA	TTATTtGTTA
msa141507.2{399_H36B}	ATCAATATGC	TATTCaGCT	TTTGAGCAtG	ATGCGCGTGA	TTATTtGTTA
msa141507.2{399_JM9130013}	ATCAATATGC	TATTCaGCT	TTTGAGCAtG	ATGCGCGTGA	TTATTtGTTA
msa141507.2{399_1169NT}	ATCAATATGC	TATTCaGCT	TTTGAGCAtG	ATGCGCGTGA	TTATTtGTTA
msa141507.2{399_090}	ATCAATATGC	TATTCaGCT	TTTGAGCAtG	ATGCGCGTGA	TTATTtGTTA
msa141507.2{399_18RS21}	ATCAATATGC	TATTCaGCT	TTTGAGCAtG	ATGCGCGTGA	TTATTtGTTA
msa141507.2{399_2603}	ATCAATATGC	TATTCaGCT	TTTGAGCAtG	ATGCGCGTGA	TTATTtGTTA
msa141507.2{399_COH1}	ATCAATATGC	TATTCaGCT	TTTGAGCAtG	ATGCGCGTGA	TTATTtGTTA
msa141507.2{399_M732}	ATCAATATGC	TATTCaGCT	TTTGAGCAtG	ATGCGCGTGA	TTATTtGTTA
msa141507.2{399_M781}	ATCAATATGC	TATTCaGCT	TTTGAGCAtG	ATGCGCGTGA	TTATTtGTTA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa141507.2{399_A909}	AAACCCCTATG	AgTTTGATAG	GcTAAAGCAA	GcTATGGATA	GAGTAAAAGG
msa141507.2{399_CJB110}	AAACCCCTATG	AgTTTGATAG	GcTAAAGCAA	GcTATGGATA	GAGTAAAAGG
msa141507.2{399_H36B}	AAACCCCTATG	AgTTTGATAG	GcTAAAGCAA	GcTATGGATA	GAGTAAAAGG
msa141507.2{399_JM9130013}	AAACCCCTATG	AgTTTGATAG	GcTAAAGCAA	GcTATGGATA	GAGTAAAAGG
msa141507.2{399_1169NT}	AAACCCCTATG	AgTTTGATAG	GcTAAAGCAA	GcTATGGATA	GAGTAAAAGG
msa141507.2{399_090}	AAACCCCTATG	AgTTTGATAG	GcTAAAGCAA	GcTATGGATA	GAGTAAAAGG
msa141507.2{399_18RS21}	AAACCCCTATG	AgTTTGATAG	GcTAAAGCAA	GcTATGGATA	GAGTAAAAGG
msa141507.2{399_2603}	AAACCCCTATG	AgTTTGATAG	GcTAAAGCAA	GcTATGGATA	GAGTAAAAGG
msa141507.2{399_COH1}	AAACCCCTATG	AgTTTGATAG	GcTAAAGCAA	GcTATGGATA	GAGTAAAAGG
msa141507.2{399_M732}	AAACCCCTATG	AgTTTGATAG	GcTAAAGCAA	GcTATGGATA	GAGTAAAAGG
msa141507.2{399_M781}	AAACCCCTATG	AgTTTGATAG	GcTAAAGCAA	GcTATGGATA	GAGTAAAAGG
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa141507.2{399_A909}	AGCGCTAAGT	ACATCTACAA	TTATAGAGAG	CGTAaCTTCC	GGcCCTCTCT
msa141507.2{399_CJB110}	AGCGCTAAGT	ACATCTACAA	TTATAGAGAG	CGTAaCTTCC	GGcCCTCTCT
msa141507.2{399_H36B}	AGCGCTAAGT	ACATCTACAA	TTATAGAGAG	CGTAaCTTCC	GGcCCTCTCT
msa141507.2{399_JM9130013}	AGCGCTAAGT	ACATCTACAA	TTATAGAGAG	CGTAaCTTCC	GGcCCTCTCT
msa141507.2{399_1169NT}	AGCGCTAAGT	ACATCTACAA	TTATAGAGAG	CGTAaCTTCC	GGcCCTCTCT
msa141507.2{399_090}	AGCGCTAAGT	ACATCTACAA	TTATAGAGAG	CGTAaCTTCC	GGcCCTCTCT
msa141507.2{399_18RS21}	AGCGCTAAGT	ACATCTACAA	TTATAGAGAG	CGTAaCTTCC	GGcCCTCTCT
msa141507.2{399_2603}	AGCGCTAAGT	ACATCTACAA	TTATAGAGAG	CGTAaCTTCC	GGcCCTCTCT
msa141507.2{399_COH1}	AGCGCTAAGT	ACATCTACAA	TTATAGAGAG	CGTAaCTTCC	GGcCCTCTCT
msa141507.2{399_M732}	AGCGCTAAGT	ACATCTACAA	TTATAGAGAG	CGTAaCTTCC	GGcCCTCTCT
msa141507.2{399_M781}	AGCGCTAAGT	ACATCTACAA	TTATAGAGAG	CGTAaCTTCC	GGcCCTCTCT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa141507.2{399_A909}	TCAAGCAACA	GTATCCATTG	ACAGTAGAAG	ATcGAATCTA	TCTGGTGTGCG
msa141507.2{399_CJB110}	TCAAGCAACA	GTATCCATTG	ACAGTAGAAG	ATcGAATCTA	TCTGGTGTGCG
msa141507.2{399_H36B}	TCAAGCAACA	GTATCCATTG	ACAGTAGAAG	ATcGAATCTA	TCTGGTGTGCG
msa141507.2{399_JM9130013}	TCAAGCAACA	GTATCCATTG	ACAGTAGAAG	ATcGAATCTA	TCTGGTGTGCG
msa141507.2{399_1169NT}	TCAAGCAACA	GTATCCATTG	ACAGTAGAAG	ATcGAATCTA	TCTGGTGTGCG
msa141507.2{399_090}	TCAAGCAACA	GTATCCATTG	ACAGTAGAAG	ATcGAATCTA	TCTGGTGTGCG
msa141507.2{399_18RS21}	TCAAGCAACA	GTATCCATTG	ACAGTAGAAG	ATcGAATCTA	TCTGGTGTGCG
msa141507.2{399_2603}	TCAAGCAACA	GTATCCATTG	ACAGTAGAAG	ATcGAATCTA	TCTGGTGTGCG
msa141507.2{399_COH1}	TCAAGCAACA	GTATCCATTG	ACAGTAGAAG	ATcGAATCTA	TCTGGTGTGCG
msa141507.2{399_M732}	TCAAGCAACA	GTATCCATTG	ACAGTAGAAG	ATcGAATCTA	TCTGGTGTGCG
msa141507.2{399_M781}	TCAAGCAACA	GTATCCATTG	ACAGTAGAAG	ATcGAATCTA	TCTGGTGTGCG
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa141507.2{399_A909}	GCGGATGATA	TCCTTTTGAT	TGAAGCTATG	CAAGGAAAAC	TGATTATACA
msa141507.2{399_CJB110}	GCGGATGATA	TCCTTTTGAT	TGAAGCTATG	CAAGGAAAAC	TGATTATACA
msa141507.2{399_H36B}	GCGGATGATA	TCCTTTTGAT	TGAAGCTATG	CAAGGAAAAC	TGATTATACA
msa141507.2{399_JM9130013}	GCGGATGATA	TCCTTTTGAT	TGAAGCTATG	CAAGGAAAAC	TGATTATACA

Table 78: Comparative Sequences relating to SAG1016

msa141507.2{399_1169NT}	GCGGATGATA	TCCTTTTGAT	TGAAGCTATG	CAAGGAAAAC	TGATTATACA
msa141507.2{399_090}	GCGGATGATA	TCCTTTTGAT	TGAAGCTATG	CAAGGAAAAC	TGATTATACA
msa141507.2{399_18RS21}	GCGGATGATA	TCCTTTTGAT	TGAAGCTATG	CAAGGAAAAC	TGATTATACA
msa141507.2{399_2603}	GCGGATGATA	TCCTTTTGAT	TGAAGCTATG	CAAGGAAAAC	TGATTATACA
msa141507.2{399_COH1}	GCGGATGATA	TCCTTTTGAT	TGAAGCTATG	CAAGGAAAAC	TGATTATACA
msa141507.2{399_M732}	GCGGATGATA	TCCTTTTGAT	TGAAGCTATG	CAAGGAAAAC	TGATTATACA
msa141507.2{399_M781}	GCGGATGATA	TCCTTTTGAT	TGAAGCTATG	CAAGGAAAAC	TGATTATACA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
501					
msa141507.2{399_A909}	AACACCTGAT	AAAAATTATG	AAATTGATGG	CTCTCTACAA	CAATGGCAAG
msa141507.2{399_CJB110}	AACACCTGAT	AAAAATTATG	AAATTGATGG	CTCTCTACAA	CAATGGCAAG
msa141507.2{399_H36B}	AACACCTGAT	AAAAATTATG	AAATTGATGG	CTCTCTACAA	CAATGGCAAG
msa141507.2{399_JM9130013}	AACACCTGAT	AAAAATTATG	AAATTGATGG	CTCTCTACAA	CAATGGCAAG
msa141507.2{399_1169NT}	AACACCTGAT	AAAAATTATG	AAATTGATGG	CTCTCTACAA	CAATGGCAAG
msa141507.2{399_090}	AACACCTGAT	AAAAATTATG	AAATTGATGG	CTCTCTACAA	CAATGGCAAG
msa141507.2{399_18RS21}	AACACCTGAT	AAAAATTATG	AAATTGATGG	CTCTCTACAA	CAATGGCAAG
msa141507.2{399_2603}	AACACCTGAT	AAAAATTATG	AAATTGATGG	CTCTCTACAA	CAATGGCAAG
msa141507.2{399_COH1}	AACACCTGAT	AAAAATTATG	AAATTGATGG	CTCTCTACAA	CAATGGCAAG
msa141507.2{399_M732}	AACACCTGAT	AAAAATTATG	AAATTGATGG	CTCTCTACAA	CAATGGCAAG
msa141507.2{399_M781}	AACACCTGAT	AAAAATTATG	AAATTGATGG	CTCTCTACAA	CAATGGCAAG
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
551					
msa141507.2{399_A909}	ATAAACTACC	ATCATCTCAA	TTTGTACGGG	TgCacCGCTC	TTACATTGTG
msa141507.2{399_CJB110}	ATAAACTACC	ATCATCTCAA	TTTGTACGGG	TgCacCGCTC	TTACATTGTG
msa141507.2{399_H36B}	ATAAACTACC	ATCATCTCAA	TTTGTACGGG	TgCacCGCTC	TTACATTGTG
msa141507.2{399_JM9130013}	ATAAACTACC	ATCATCTCAA	TTTGTACGGG	TgCacCGCTC	TTACATTGTG
msa141507.2{399_1169NT}	ATAAACTACC	ATCATCTCAA	TTTGTACGGG	TgCacCGCTC	TTACATTGTG
msa141507.2{399_090}	ATAAACTACC	ATCATCTCAA	TTTGTACGGG	TaCatCGCTC	TTACATTGTG
msa141507.2{399_18RS21}	ATAAACTACC	ATCATCTCAA	TTTGTACGGG	TaCatCGCTC	TTACATTGTG
msa141507.2{399_2603}	ATAAACTACC	ATCATCTCAA	TTTGTACGGG	TaCatCGCTC	TTACATTGTG
msa141507.2{399_COH1}	ATAAACTACC	ATCATCTCAA	TTTGTACGGG	TaCatCGCTC	TTACATTGTG
msa141507.2{399_M732}	ATAAACTACC	ATCATCTCAA	TTTGTACGGG	TaCatCGCTC	TTACATTGTG
msa141507.2{399_M781}	ATAAACTACC	ATCATCTCAA	TTTGTACGGG	TaCatCGCTC	TTACATTGTG
Consensus	*****	*****	*****	*-...*****	*****
601					
msa141507.2{399_A909}	AATATTAATG	CTATTAAAAAC	GATTGAACCT	TGGTTTAAAC	AAACACTTCA
msa141507.2{399_CJB110}	AATATTAATG	CTATTAAAAAC	GATTGAACCT	TGGTTTAAAC	AAACACTTCA
msa141507.2{399_H36B}	AATATTAATG	CTATTAAAAAC	GATTGAACCT	TGGTTTAAAC	AAACACTTCA
msa141507.2{399_JM9130013}	AATATTAATG	CTATTAAAAAC	GATTGAACCT	TGGTTTAAAC	AAACACTTCA
msa141507.2{399_1169NT}	AATATTAATG	CTATTAAAAAC	GATTGAACCT	TGGTTTAAAC	AAACACTTCA
msa141507.2{399_090}	AATATTAATG	CTATTAAAAAC	GATTGAACCT	TGGTTTAAAC	AAACACTTCA
msa141507.2{399_18RS21}	AATATTAATG	CTATTAAAAAC	GATTGAACCT	TGGTTTAAAC	AAACACTTCA
msa141507.2{399_2603}	AATATTAATG	CTATTAAAAAC	GATTGAACCT	TGGTTTAAAC	AAACACTTCA
msa141507.2{399_COH1}	AATATTAATG	CTATTAAAAAC	GATTGAACCT	TGGTTTAAAC	AAACACTTCA
msa141507.2{399_M732}	AATATTAATG	CTATTAAAAAC	GATTGAACCT	TGGTTTAAAC	AAACACTTCA
msa141507.2{399_M781}	AATATTAATG	CTATTAAAAAC	GATTGAACCT	TGGTTTAAAC	AAACACTTCA
Consensus	**-*****	*****	*****	*****	*****
651					
msa141507.2{399_A909}	GTTACACCTT	TGTAATAAAA	TAACAGTTCC	TGTTAGCAGA	GCAAATGTAA
msa141507.2{399_CJB110}	GTTACACCTT	TGTAATAAAA	TAACAGTTCC	TGTTAGCAGA	GCAAATGTAA
msa141507.2{399_H36B}	GTTACACCTT	TGTAATAAAA	TAACAGTTCC	TGTTAGCAGA	GCAAATGTAA
msa141507.2{399_JM9130013}	GTTACACCTT	TGTAATAAAA	TAACAGTTCC	TGTTAGCAGA	GCAAATGTAA
msa141507.2{399_1169NT}	GTTACACCTT	TGTAATAAAA	TAACAGTTCC	TGTTAGCAGA	GCAAATGTAA
msa141507.2{399_090}	GTTACACCTT	TGTAATAAAA	TAACAGTTCC	TGTTAGCAGA	GCAAATGTAA
msa141507.2{399_18RS21}	GTTACACCTT	TGTAATAAAA	TAACAGTTCC	TGTTAGCAGA	GCAAATGTAA
msa141507.2{399_2603}	GTTACACCTT	TGTAATAAAA	TAACAGTTCC	TGTTAGCAGA	GCAAATGTAA
msa141507.2{399_COH1}	GTTACACCTT	TGTAATAAAA	TAACAGTTCC	TGTTAGCAGA	GCAAATGTAA
msa141507.2{399_M732}	GTTACACCTT	TGTAATAAAA	TAACAGTTCC	TGTTAGCAGA	GCAAATGTAA
msa141507.2{399_M781}	GTTACACCTT	TGTAATAAAA	TAACAGTTCC	TGTTAGCAGA	GCAAATGTAA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
701					
msa141507.2{399_A909}	AACCCCTAAA	ACAAATGTTA	GGcatatcta	cc	
msa141507.2{399_CJB110}	AACCCCTAAA	ACAAATGTTA	GG-----	--	
msa141507.2{399_H36B}	AACCCCTAAA	ACAAATGTTA	GGcatatcta	cc	
msa141507.2{399_JM9130013}	AACCCCTAAA	ACAAATGTTA	GGcatatcta	cc	
msa141507.2{399_1169NT}	AACCCCTAAA	ACAAATGTTA	GGcatatcta	cc	
msa141507.2{399_090}	AACCCCTAAA	ACAAATGTTA	GGcatatcta	cc	
msa141507.2{399_18RS21}	AACCCCTAAA	ACAAATGTTA	GGcatatcta	cc	
msa141507.2{399_2603}	AACCCCTAAA	ACAAATGTTA	GGcatatcta	cc	
msa141507.2{399_COH1}	AACCCCTAAA	ACAAATGTTA	GGcatatcta	cc	
msa141507.2{399_M732}	AACCCCTAAA	ACAAATGTTA	GGcatatcta	cc	
msa141507.2{399_M781}	AACCCCTAAA	ACAAATGTTA	GGcatatcta	cc	
Consensus	*****	*****	**-----	--	
732					

SEQ ID NO. 7812

STRAIN 2603 frame: 1

KVLVVDDBPVARNELIYLLNKYDSNLVIAEADMATALAILLRETFDVALLDIHLRDDSG  
LQLAEYINKMKPFLIFATAYDQYIAIQAFEDHARDYLLKPYDFDLKQAMDRVKGALST

Table 78: Comparative Sequences relating to SAG1016

STIIESVTSGLPKQYPLTVEDRIYLVSAADDILLIEMQGKLI IQTPDKNYEIDGSLQQ  
WQDKLPSSQFVRVHRSYIVNINAIKTI EPWFNQTLQLHLCNKITVPVSRANVKPLKQMLG  
IST

## SEQ ID NO. 7813

STRAIN 090 frame: 1

KVLVVDDPEPVARNELIYLLNKYDSNLVIAEAHDMATALAILLRETFDVALLDIHLRDDSG  
LQLAEYINKMPKPPLLIFATAYDQYAIQAFEDHARDYLLKPYEFDRLKQAMDRVKGALST  
STIIESVTSGLPKQYPLTVEDRIYLVSAADDILLIEMQGKLI IQTPDKNYEIDGSLQQ  
WQDKLPSSQFVRVHRSYIVNINAIKTI EPWFNQTLQLHLCNKITVPVSRANVKPLKQMLG  
IST

## SEQ ID NO. 7814

STRAIN A909 frame: 1

KVLVVDDPEPVARNELIYLLNKYDSNLVIAEAHDMATALAILLRETFDVALLDIHLRDDSG  
LQLAEYINKMPKPPLLIFATAYDQYAIQAFEDHARDYLLKPYEFDRLKQAMDRVKGALST  
STIIESVTSGLPKQYPLTVEDRIYLVSAADDILLIEMQGKLI IQTPDKNYEIDGSLQQ  
WQDKLPSSQFVRVHRSYIVNINAIKTI EPWFNQTLQLHLCNKITVPVSRANVKPLKQMLG  
IST

## SEQ ID NO. 7815

STRAIN H36B frame: 1

KVLVVDDPEPVARNELIYLLNKYDSNLVIAEAHDMATALAILLRETFDVALLDIHLRDDSG  
LQLAEYINKMPKPPLLIFATAYDQYAIQAFEDHARDYLLKPYEFDRLKQAMDRVKGALST  
STIIESVTSGLPKQYPLTVEDRIYLVSAADDILLIEMQGKLI IQTPDKNYEIDGSLQQ  
WQDKLPSSQFVRVHRSYIVNINAIKTI EPWFNQTLQLHLCNKITVPVSRANVKPLKQMLG  
IST

## SEQ ID NO. 7816

STRAIN 18RS21 frame: 1

KVLVVDDPEPVARNELIYLLNKYDSNLVIAEAHDMATALAILLRETFDVALLDIHLRDDSG  
LQLAEYINKMPKPPLLIFATAYDQYAIQAFEDHARDYLLKPYEFDRLKQAMDRVKGALST  
STIIESVTSGLPKQYPLTVEDRIYLVSAADDILLIEMQGKLI IQTPDKNYEIDGSLQQ  
WQDKLPSSQFVRVHRSYIVNINAIKTI EPWFNQTLQLHLCNKITVPVSRANVKPLKQMLG  
IST

## SEQ ID NO. 7817

STRAIN M732 frame: 1

KVLVVDDPEPVARNELIYLLNKYDSNLVIAEAHDMATALAILLRETFDVALLDIHLRDDSG  
LQLAEYINKMPKPPLLIFATAYDQYAIQAFEDHARDYLLKPYEFDRLKQAMDRVKGALST  
STIIESVTSGLPKQYPLTVEDRIYLVSAADDILLIEMQGKLI IQTPDKNYEIDGSLQQ  
WQDKLPSSQFVRVHRSYIVNINAIKTI EPWFNQTLQLHLCNKITVPVSRANVKPLKQMLG  
IST

## SEQ ID NO. 7818

STRAIN COH1 frame: 1

KVLVVDDPEPVARNELIYLLNKYDSNLVIAEAHDMATALAILLRETFDVALLDIHLRDDSG  
LQLAEYINKMPKPPLLIFATAYDQYAIQAFEDHARDYLLKPYEFDRLKQAMDRVKGALST  
STIIESVTSGLPKQYPLTVEDRIYLVSAADDILLIEMQGKLI IQTPDKNYEIDGSLQQ  
WQDKLPSSQFVRVHRSYIVNINAIKTI EPWFNQTLQLHLCNKITVPVSRANVKPLKQMLG  
IST

## SEQ ID NO. 7819

STRAIN M781 frame: 1

KVLVVDDPEPVARNELIYLLNKYDSNLVIAEAHDMATALAILLRETFDVALLDIHLRDDSG  
LQLAEYINKMPKPPLLIFATAYDQYAIQAFEDHARDYLLKPYEFDRLKQAMDRVKGALST  
STIIESVTSGLPKQYPLTVEDRIYLVSAADDILLIEMQGKLI IQTPDKNYEIDGSLQQ  
WQDKLPSSQFVRVHRSYIVNINAIKTI EPWFNQTLQLHLCNKITVPVSRANVKPLKQMLG  
IST

## SEQ ID NO. 7820

STRAIN CJB110 frame: 1

LNKYDSNLVIAEAHDMATALAILLRETFDVALLDIHLRDDSG LQLAEYINKMPKPPLLIF  
ATAYDQYAIQAFEDHARDYLLKPYEFDRLKQAMDRVKGALSTSTIIESVTSGLPKQYPL  
TVEDRIYLVSAADDILLIEMQGKLI IQTPDKNYEIDGSLQQWQDKLPSSQFVRVHRSYI  
VNINAIKTI EPWFNQTLQLHLCNKITVPVSRANVKPLKQML

## SEQ ID NO. 7821

STRAIN 1169NT frame: 1

KVLVVDDPEPVARNELIYLLNKYDSNLVIAEAHDIATATAILLRETFDVALLDIHLRDDSG  
LQLAEYINKMPKPPLLIFATAYDQYAIQAFEDHARDYLLKPYEFDRLKQAMDRVKGALST  
STIIESVTSGLPKQYPLTVEDRIYLVSAADDILLIEMQGKLI IQTPDKNYEIDGSLQQ  
WQDKLPSSQFVRVHRSYIVNINAIKTI EPWFNQTLQLHLCNKITVPVSRANVKPLKQMLG  
IST

## SEQ ID NO. 7822

STRAIN JM9130013 frame: 1

KVLVVDDPEPVARNELIYLLNKYDSNLVIAEAHDMATALAILLRETFDVALLDIHLRDDSG  
LQLAEYINKMPKPPLLIFATAYDQYAIQAFEDHARDYLLKPYEFDRLKQAMDRVKGALST  
STIIESVTSGLPKQYPLTVEDRIYLVSAADDILLIEMQGKLI IQTPDKNYEIDGSLQQ  
WQDKLPSSQFVRVHRSYIVNINAIKTI EPWFNQTLQLHLCNKITVPVSRANVKPLKQMLG  
IST

Table 78: Comparative Sequences relating to SAG1016

PRETTY of: /biotmp/msa141801.2(\*) April 10, 2003 06:38 ..

	1				50
msa141801.2{399_COH1}	kvlvvddepv	arneliyLLN	KYDSNLVIAE	AHDmATALAI	LLRETFDVAL
msa141801.2{399_M732}	kvlvvddepv	arneliyLLN	KYDSNLVIAE	AHDmATALAI	LLRETFDVAL
msa141801.2{399_M781}	kvlvvddepv	arneliyLLN	KYDSNLVIAE	AHDmATALAI	LLRETFDVAL
msa141801.2{399_090}	kvlvvddepv	arneliyLLN	KYDSNLVIAE	AHDmATALAI	LLRETFDVAL
msa141801.2{399_18RS21}	kvlvvddepv	arneliyLLN	KYDSNLVIAE	AHDmATALAI	LLRETFDVAL
msa141801.2{399_2603}	kvlvvddepv	arneliyLLN	KYDSNLVIAE	AHDmATALAI	LLRETFDVAL
msa141801.2{399_A909}	kvlvvddepv	arneliyLLN	KYDSNLVIAE	AHDmATALAI	LLRETFDVAL
msa141801.2{399_H36B}	kvlvvddepv	arneliyLLN	KYDSNLVIAE	AHDmATALAI	LLRETFDVAL
msa141801.2{399_JM9130013}	kvlvvddepv	arneliyLLN	KYDSNLVIAE	AHDmATALAI	LLRETFDVAL
msa141801.2{399_1169NT}	kvlvvddepv	arneliyLLN	KYDSNLVIAE	AHDmATALAI	LLRETFDVAL
msa141801.2{399_CJB110}	-----LN	-----LN	KYDSNLVIAE	AHDmATALAI	LLRETFDVAL
Consensus	-----**	-----**	*****	*****	*****
	51				100
msa141801.2{399_COH1}	LDIHLRDDSG	LQLAEYINKM	PKPPLLIFAT	AYDQYAIQAF	EqDARDYLLK
msa141801.2{399_M732}	LDIHLRDDSG	LQLAEYINKM	PKPPLLIFAT	AYDQYAIQAF	EqDARDYLLK
msa141801.2{399_M781}	LDIHLRDDSG	LQLAEYINKM	PKPPLLIFAT	AYDQYAIQAF	EqDARDYLLK
msa141801.2{399_090}	LDIHLRDDSG	LQLAEYINKM	PKPPLLIFAT	AYDQYAIQAF	EhDARDYLLK
msa141801.2{399_18RS21}	LDIHLRDDSG	LQLAEYINKM	PKPPLLIFAT	AYDQYAIQAF	EhDARDYLLK
msa141801.2{399_2603}	LDIHLRDDSG	LQLAEYINKM	PKPPLLIFAT	AYDQYAIQAF	EhDARDYLLK
msa141801.2{399_A909}	LDIHLRDDSG	LQLAEYINKM	PKPPLLIFAT	AYDQYAIQAF	EhDARDYLLK
msa141801.2{399_H36B}	LDIHLRDDSG	LQLAEYINKM	PKPPLLIFAT	AYDQYAIQAF	EhDARDYLLK
msa141801.2{399_JM9130013}	LDIHLRDDSG	LQLAEYINKM	PKPPLLIFAT	AYDQYAIQAF	EhDARDYLLK
msa141801.2{399_1169NT}	LDIHLRDDSG	LQLAEYINKM	PKPPLLIFAT	AYDQYAIQAF	EhDARDYLLK
msa141801.2{399_CJB110}	LDIHLRDDSG	LQLAEYINKM	PKPPLLIFAT	AYDQYAIQAF	EhDARDYLLK
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
	101				150
msa141801.2{399_COH1}	PyEFDRLKQa	MDRVKGALST	STIIESVaSG	PLFKQYPLT	VEDrIYLVSA
msa141801.2{399_M732}	PyEFDRLKQa	MDRVKGALST	STIIESVaSG	PLFKQYPLT	VEDrIYLVSA
msa141801.2{399_M781}	PyEFDRLKQa	MDRVKGALST	STIIESVaSG	PLFKQYPLT	VEDrIYLVSA
msa141801.2{399_090}	PydFDRLKQa	MDRVKGALST	STIIESvtSG	PLFKQYPLT	VEDrIYLVSA
msa141801.2{399_18RS21}	PydFDRLKQa	MDRVKGALST	STIIESvtSG	PLFKQYPLT	VEDrIYLVSA
msa141801.2{399_2603}	PydFDRLKQa	MDRVKGALST	STIIESvtSG	PLFKQYPLT	VEDrIYLVSA
msa141801.2{399_A909}	PyEFDRLKQa	MDRVKGALST	STIIESvtSG	PLFKQYPLT	VEDrIYLVSA
msa141801.2{399_H36B}	PyEFDRLKQa	MDRVKGALST	STIIESvtSG	PLFKQYPLT	VEDrIYLVSA
msa141801.2{399_JM9130013}	PyEFDRLKQa	MDRVKGALST	STIIESvtSG	PLFKQYPLT	VEDrIYLVSA
msa141801.2{399_1169NT}	PyEFDRLKQa	MDRVKGALST	STIIESvtSG	PLFKQYPLT	VEDrIYLVSA
msa141801.2{399_CJB110}	PyEFDRLKQx	MDRVKGALST	STIIESvtSG	PLFKQYPLT	VEDxIYLVSA
Consensus	**-----	*****	*****	*****	*****
	151				200
msa141801.2{399_COH1}	DDILLIEAMQ	GKLIITQTPDK	NYEIDGSLQQ	WQDKLPSSQF	VRVHRSYIVN
msa141801.2{399_M732}	DDILLIEAMQ	GKLIITQTPDK	NYEIDGSLQQ	WQDKLPSSQF	VRVHRSYIVN
msa141801.2{399_M781}	DDILLIEAMQ	GKLIITQTPDK	NYEIDGSLQQ	WQDKLPSSQF	VRVHRSYIVN
msa141801.2{399_090}	DDILLIEAMQ	GKLIITQTPDK	NYEIDGSLQQ	WQDKLPSSQF	VRVHRSYIVN
msa141801.2{399_18RS21}	DDILLIEAMQ	GKLIITQTPDK	NYEIDGSLQQ	WQDKLPSSQF	VRVHRSYIVN
msa141801.2{399_2603}	DDILLIEAMQ	GKLIITQTPDK	NYEIDGSLQQ	WQDKLPSSQF	VRVHRSYIVN
msa141801.2{399_A909}	DDILLIEAMQ	GKLIITQTPDK	NYEIDGSLQQ	WQDKLPSSQF	VRVHRSYIVN
msa141801.2{399_H36B}	DDILLIEAMQ	GKLIITQTPDK	NYEIDGSLQQ	WQDKLPSSQF	VRVHRSYIVN
msa141801.2{399_JM9130013}	DDILLIEAMQ	GKLIITQTPDK	NYEIDGSLQQ	WQDKLPSSQF	VRVHRSYIVN
msa141801.2{399_1169NT}	DDILLIEAMQ	GKLIITQTPDK	NYEIDGSLQQ	WQDKLPSSQF	VRVHRSYIVN
msa141801.2{399_CJB110}	DDILLIEAMQ	GKLIITQTPDK	NYEIDGSLQQ	WQDKLPSSQF	VRVHRSYIVN
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
	201				243
msa141801.2{399_COH1}	INAIKTIEPW	FNQTLQLHLC	NKITVPVSRA	NVKPLKQMLg	ist
msa141801.2{399_M732}	INAIKTIEPW	FNQTLQLHLC	NKITVPVSRA	NVKPLKQMLg	ist
msa141801.2{399_M781}	INAIKTIEPW	FNQTLQLHLC	NKITVPVSRA	NVKPLKQMLg	ist
msa141801.2{399_090}	INAIKTIEPW	FNQTLQLHLC	NKITVPVSRA	NVKPLKQMLg	ist
msa141801.2{399_18RS21}	INAIKTIEPW	FNQTLQLHLC	NKITVPVSRA	NVKPLKQMLg	ist
msa141801.2{399_2603}	INAIKTIEPW	FNQTLQLHLC	NKITVPVSRA	NVKPLKQMLg	ist
msa141801.2{399_A909}	INAIKTIEPW	FNQTLQLHLC	NKITVPVSRA	NVKPLKQMLg	ist
msa141801.2{399_H36B}	INAIKTIEPW	FNQTLQLHLC	NKITVPVSRA	NVKPLKQMLg	ist
msa141801.2{399_JM9130013}	INAIKTIEPW	FNQTLQLHLC	NKITVPVSRA	NVKPLKQMLg	ist
msa141801.2{399_1169NT}	INAIKTIEPW	FNQTLQLHLC	NKITVPVSRA	NVKPLKQMLg	ist
msa141801.2{399_CJB110}	INAIKTIEPW	FNQTLQLHLC	NKITVPVSRA	NVKPLKQML-	---
Consensus	*****	*****	*****	*****	---

Table 79: Comparative Sequences relating to SAG2150

## SEQ ID NO. 7901

## STRAIN 2603

ATGGGAATTGAATTTAAAAATGTAAGTTATACCTATCAAGCCGGCACTCCTTTTGAAGGG  
 CGTGCCCTTTTGGACGTCAATCTGAAAAATGAAGATGCTTCTATACCGCGTTCATTGGG  
 CACACAGGTTCTGGAAAAATCAACTATTATGCAACTTTTGAATGGTTTACATATTCTTACA  
 AAAGGTGAGGTAATTGTGATGATTTTCTATTAAAGCAGGGGACAAGAACAAGAAATC  
 AAATTTATAAGGCCAAAAAGTTGGTTTAGTTTTCATTTCCAGAAAGTCAGCTTTTGA  
 GAGACAGTTTAAAGGATGTTGCTTTGGACCAAAAAATTTGGTATTTCTCAGATTGAA  
 GCTGAAAGGCTGGCTGAAGAAAAATTAAGGTTAGTTGGTATCAGTGAGGATTTATTCGAT  
 AAAAATCCATTTGAACTTTCTGGAGGGCAGATGAGGCGGGTTGCTATAGCTGGTATTTA  
 GCGATGGAACCCAAAGTACTAGTACTGGATGAGCCACAGCTGGACTTGATCCTAAGGGA  
 AGAAAAGAATTAAAGACTCTTTTAAAAATCTTCATAAAAAAGGAATGACTATCGTCTTA  
 GTGACTCACTTAATGGACGATGTAGCGGATTATGCTGACTATGTGTATGTTTGAAGCA  
 GGAAGTAACCTTATCAGGACAAACCAAAACAGATTTTCAAGAAGTAGAAGCTTTTAGAA  
 AGTAAACAATTAGGAGTTCCCAAAATCACCAGTTTGCTCAAAGACTATCTCATAAGGGA  
 TTAAATTTACCTAGTTTACCAATTACTATTAAACGAATTTGTGGAGGCTATTAAGCATGGA

## SEQ ID NO. 7902

## STRAIN 090

GGAAATGAATTTAAAAATGTAAGTTATACCTATCAAGCC  
 GGCACTCCTTTTGAAGGGCGTGCCCTTTTGAAGTCAATCTGAAAAATGA  
 AGATGCTTCTATACCGCGTTCATTGGGCACACAGGTTCTGGAATAATCAA  
 CTATTATGCAACTTTTGAATGGTTTACATATTCTTACAAAAGGTGAGGTA  
 ATTGTGATGATTTTCTATTAAAGCAGGGGACAAGAACAAGAAATCAA  
 ATTTATAAGGCCAAAAAGTTGGTTTAGTTTTCATTTCCAGAAAGTCAGC  
 TTTTGAAGAGACAGTTTAAAGGATGTTGCTTTTGGACCAAAAAATTTT  
 GGTATTTCTCAGATTGAAGCTGAAAGGCTGGCTGAAGAAAAATTAAGGTT  
 AGTTGGTATCAGTGAGGATTTATTGATAAAAAATCCATTTGAACCTTTCTG  
 GAGGGCAGATGAGGCGGGTTGCTATAGCTGGTATTTAGCGATGGAACCC  
 AAAGTACTAGTACTGGATGAGCCACAGCTGGACTTGATCCTAAGGGGAAG  
 AAAAGAATTAATGACTCTTTTAAAAATCTTCATAAAAAAGGAATGACTA  
 TCGTCTTAGTGACTCACTTAATGGACGATGTAGCGGATTATGTGACTAT  
 GTGTATGTTTGAAGCAGGGAAGTAACCTTATCAGGACAAACCAAAACA  
 GATTTTCAAGAAGTAGAAGCTTTTAGAAAGTAAACAATTAGGAGTTCCCA  
 AAATCACCAGTTTGCTCAAAGACTATCTCATAAGGGATTAAATTTACCT  
 AGTTTACCAATTACTATTAAACGAATTTGTGGAGGCTATTAAGCATGGA

## SEQ ID NO. 7903

## STRAIN A909

GGAAATGAATTTAAAAATGTAAGTTATACCTATCAA  
 GCCGGCACTCCTTTTGAAGGGCGTGCCCTTTTGAAGTCAATCTGAAAAAT  
 TGAAGATGCTTCTATACCGCGTTCATTGGGCACACAGGTTCTGGAATAAT  
 CACTATTATGCAACTTTTGAATGGTTTACATATTCTTACAAAAGGTGAG  
 GTAATTGTGATGATTTTCTATTAAAGCAGGGGACAAGAACAAGAAAT  
 CAAATTTATAAGGCCAAAAAGTTGGTTTAGTTTTCATTTCCAGAAAGTC  
 AGCTTTTGAAGAGACAGTTTAAAGATGTTGCTTTTGGACCAAAAAAT  
 TTTGGTATTTCTCAGATTGAAGCTGAAAGGCTGGCTGAAGAAAAATTAAG  
 GTTAGTTGGTATCAGTGAGGATTTATTGATAAAAAATCCATTTGAACCTTT  
 CTGGAGGCAGATGAGGCGGGTTGCTATAGCTGGTATTTTAGCGATGGAA  
 CCCAAAGTACTAGTACTAGATGAGCCACAGCTGGACTTGATCCTAAGGG  
 AAGAAAAGAAATTAATGACTCTTTTAAAAATCTTCATAAAAAAGGAATGA  
 CTATCGTCTTAGTGACTCACTTAATGGACGATGTAGCGGATTATGTGAC  
 TATGTGTATGTTTGAAGCAGGGAAGTAACCTTATCAGGACAAACCAAA  
 CGAGATTTTCAAGAAGTAGAAGCTTTTAGAAAGTAAACAATTAGGAGTTC  
 CCAAAATCACCAGTTTGCTCAAAGGCTATCTCATAAGGGATTAAATTTA  
 CCTAGTTTACCAATTACTATTAAACGAATTTGTGGAGGCTATTAAGCATGG  
 A

## SEQ ID NO. 7904

## STRAIN H36B

GGAAATGAATTTAAAAATGTAAGTTATAC  
 CTATCAAGCCGGCACTCCTTTTGAAGGGCGTGCCCTTTTGAAGTCAATC  
 TGAATAATGAAGATGCTTCTATACCGCGTTCATTGGGCACACAGGTTCT  
 GGAAAAATCAACTATTATGCAACTTTTGAATGGTTTACATATTCTTACAAA  
 AGGTGAGGTAATTGTGATGATTTTCTATTAAAGCAGGGGACAAGAACA  
 AAGAATCAATTTATAAGGCCAAAAAGTTGGTTTAGTTTTCATTTCCA  
 GAAAGTCAGCTTTTGAAGAGACAGTTTAAAGATGTTGCTTTTGGACC  
 ACAAATTTTGGTATTTCTCAGATTGAAGCTGAAAGGCTGGCTGAAGAAA  
 AATTAAAGTTAGTTGGTATCAGTGAGGATTTATTGATAAAAAATCCATTT  
 GAACCTTTCTGGAGGGCAGATGAGGCGGGTTGCTATAGCTGGTATTTAGC  
 GATGGAACCCAAAGTACTAGTACTAGATGAGCCACAGCTGGACTTGATC  
 CTAAGGGAAGAAAGAAATTAATGACTCTTTTAAAAATCTTCATAAAAAA  
 GGAATGACTATCGTCTTAGTGACTCACTTAATGGACGATGTAGCGGATTA  
 TGCTGACTATGTGTATGTTTGAAGCAGGGAAGTAACCTTATCAGGAC  
 AACCAGAGCAGATTTTCAAGAAGTAGAAGCTTTTAGAAAGTAAACAATTA  
 GGAGTTCCCAAAATCACCAGTTTGCTCAAAGGCTATCTCATAAGGGATT  
 AAATTTACCTAGTTTACCAATTACTATTAAACGAATTTGTGGAGGCTATTA  
 AGCATGGA

## SEQ ID NO. 7905

## STRAIN 18RS21

GGAAATGAATTTAAAAATGTAAGTTATAC  
 CTATCAAGCCGGCACTCCTTTTGAAGGGCGTGCCCTTTTGAAGTCAATC

Table 79: Comparative Sequences relating to SAG2150

TGAAAAATTGAAGATGCTTCTATACCGCGTTTCATTGGGCACACAGGTTCT  
 GGAAAAATCAACTATTATGCAACTTTTGAATGGTTTACATATTCTACAAA  
 AGGTGAGGTAATTGTGATGATTTTCTATTAAAGCAGGGGACAGAACA  
 AAGAAATCAAATTTATAAGGCAAAAAGTTGGTTAGTTTTCATTTTCCA  
 GAAAGTCAGCTTTTGAAGAGACAGTTTAAAGGATGTTGCTTTTGGACC  
 ACAAATTTTGGTATTTCTCAGATTGAAGCTGAAAGGCTGGCTGAAGAAA  
 AATTAAGGTTAGTTGGTATCAGTGAGGATTATTTCGATAAAAATCCATTT  
 GAACCTTTCTGGAGGGCAGATGAGGCGGGTTGCTATAGCTGGTATTTAGC  
 GATGGAAACCCAAAGTACTAGTACTGGATGAGCCACAGCTGGACTTGATC  
 CTAAGGGAAGAAAAGAATTAAATGACTCTTTTAAAAATCTTCATAAAAA  
 GGAATGACTATCGTCTTAGTGACTCACTTAATGGACGATGTAGCGGATTA  
 TGCTGACTATGTGTATGTTTGAAGCAGGGAAAGTAACCTTATCAGGAC  
 AACCAAAACAGATTTTCAAGAAGTAGAACTTTTAGAAAGTAAACAATTA  
 GGAGTTCCCAAAATCACCAGTTTGCTCAAAGACTATCTCATAAGGGATT  
 AAATTTACCTAGTTTACCAATTACTATTAAAGAAATTTGTGGAGGCTATTA  
 AGCATGGA

SEQ ID NO. 7906

STRAIN M732

GGAATTGAATTTAAAAATGTAAGTTATAC  
 CTATCAAGCCGGCACTCCTTTTGAAGGGCGTGCCCTTTTTCAGCTCAATC  
 TGAAAAATTGAAGATGTTTCTATACCGCGTTTCATTGGGCACACAGGTTCT  
 GGAAAAATCAACTATTATGCAACTTTTGAATGGTTTACATATTCTACAAA  
 AGGTGAGGTAATTGTGATGATTTTCTATTAAAGCAGGGGACAGAACA  
 AAGAAATCAAATTTATAAGGCAAAAAGTTGGTTAGTTTTCATTTTCCA  
 GAAAGTCAGCTTTTGAAGAGACAGTTTAAAGGATGTTGCTTTTGGACC  
 ACAAATTTTGGTATTTCTCAGATTGAAGCTGAAAGGCTGGCTGAAGAAA  
 AATTAAGGTTAGTTGGTATCAGTGAGGATTATTTCGATAAAAATCCATTT  
 GAACCTTTCTGGAGGGCAGATGAGGCGGGTTGCTATAGCTGGTATTTAGC  
 GATGGAAACCCAAAGTACTAGTACTGGATGAGCCACAGCTGGACTTGATC  
 CTAAGGGAAGAAAAGAATTAAATGACTCTTTTAAAAATCTTCATAAAAA  
 GGAATGACTATCGTCTTAGTGACTCACTTAATGGACGATGTAGCGGATTA  
 TGCTGACTATGTGTATGTTTGAAGCAGGGAAAGTAACCTTATCAGGAC  
 AACCAAAACAGATTTTCAAGAAGTAGAACTTTTAGAAAGTAAACAATTA  
 GGAGTTCCCAAAATCACCAGTTTGCTCAAAGACTATCTCATAAGGGATT  
 AAATTTACCTAGTTTACCAATTACTATTAAAGAAATTTGTGGAGGCTATTA  
 AGCATGGA

SEQ ID NO. 7907

STRAIN COH1

GGAATTGAATTTAAAAATGTAAGTTATACCTATCAAGCC  
 GGCACCTCCTTTTGAAGGGCGTGCCCTTTTTCAGCTCAATCTGAAAAATTGA  
 AGATGTTTCTATACCGCGTTTCATTGGGCACACAGGTTCTGGAAAAATCAA  
 CTATTATGCAACTTTTGAATGGTTTACATATTCTACAAAAGGTGAGGTA  
 ATTGTGCGATGATTTTCTATTAAAGCAGGGGACAGAACAAGAAATCAA  
 ATTTATAAGGCAAAAAGTTGGTTAGTTTTCATTTTCCAGAAAGTCAGC  
 TTTTGAAGAGACAGTTTAAAGGATGTTGCTTTTGGACCACAAAATTTT  
 GGTATTTCTCAGATTGAAGCTGAAAGGCTGGCTGAAGAAAAATTAAGGTT  
 AGTTGGTATCAGTGAGGATTATTTCGATAAAAATCCATTTGAACCTTTCTG  
 GAGGGCAGATGAGGCGGGTTGCTATAGCTGGTATTTTAGCGATGGAACCC  
 AAAGTACTAGTACTGGATGAGCCACAGCTGGACTTGATCTAAGGGAAG  
 AAAAGAAATTAATGACTCTTTTAAAAATCTTCATAAAAAAGGAATGACTA  
 TCGTCTTAGTGACTCACTTAATGGACGATGTAGCGGATTATGCTGACTAT  
 GTGTATGTTTGAAGCAGGGAAAGTAACCTTATCAGGACAAACAAAACA  
 GATTTTCAAGAAGTAGAACTTTTAGAAAGTAAACAATTAGGAGTTCCCA  
 AAATCACCAGTTTGCTCAAAGACTATCTCATAAGGGATTAAATTTACCT  
 AGTTTACCAATTACTATTAAAGAAATTTGTGGAGGCTATTAAGCATGGA

SEQ ID NO. 7908

STRAIN M781

GGAATTGAATTTAAAAATGTAAGTTATAC  
 CTATCAAGCCGGCACTCCTTTTGAAGGGCGTGCCCTTTTTCAGCTCAATC  
 TGAAAAATTGAAGATGTTTCTATACCGCGTTTCATTGGGCACACAGGTTCT  
 GGAAAAATCAACTATTATGCAACTTTTGAATGGTTTACATATTCTACAAA  
 AGGTGAGGTAATTGTGATGATTTTCTATTAAAGCAGGGGACAGAACA  
 AAGAAATCAAATTTATAAGGCAAAAAGTTGGTTAGTTTTCATTTTCCA  
 GAAAGTCAGCTTTTGAAGAGACAGTTTAAAGGATGTTGCTTTTGGACC  
 ACAAATTTTGGTATTTCTCAGATTGAAGCTGAAAGGCTGGCTGAAGAAA  
 AATTAAGGTTAGTTGGTATCAGTGAGGATTATTTCGATAAAAATCCATTT  
 GAACCTTTCTGGAGGGCAGATGAGGCGGGTTGCTATAGCTGGTATTTAGC  
 GATGGAAACCCAAAGTACTAGTACTGGATGAGCCACAGCTGGACTTGATC  
 CTAAGGGAAGAAAAGAATTAAATGACTCTTTTAAAAATCTTCATAAAAA  
 GGAATGACTATCGTCTTAGTGACTCACTTAATGGACGATGTAGCGGATTA  
 TGCTGACTATGTGTATGTTTGAAGCAGGGAAAGTAACCTTATCAGGAC  
 AACCAAAACAGATTTTCAAGAAGTAGAACTTTTAGAAAGTAAACAATTA  
 GGAGTTCCCAAAATCACCAGTTTGCTCAAAGACTATCTCATAAGGGATT  
 AAATTTACCTAGTTTACCAATTACTATTAAAGAAATTTGTGGAGGCTATTA  
 AGCATGGA

SEQ ID NO. 7909

STRAIN CJB110

GGAATTGAATTTAAAAATGTAAGTTATAC  
 CTATCAAGCCGGCACTCCTTTTGAAGGGCGTGCCCTTTTTCAGCTCAATC

Table 79: Comparative Sequences relating to SAG2150

TGAAAATTGAAGATGCTTCTATACCGCGTTTCATTGGGCACACAGGTTC  
 GGAAAATCAACTATTATGCAACTTTTGAATGGTTTACATATTCTACAAA  
 AGGTGAGGTAATTGTGATGATTTTTCTATTAAAGCAGGGGACAAAGACA  
 AAGAAATCAAAATTTATAAGGCAGAAAGTTGGTTTAGTTTTCTAATTTCCA  
 GAAAGTCAGCTTTTGAAGAGACAGTTTAAAGGATGTTGCTTTTGGACC  
 ACAAATTTTGGTATTTCTCAGATTGAAGCTGAAAGGCTGGCTGAAGAAA  
 AATTAGGTTAGTTGGTATCAGTGAGGATTTATTCGATAAAAATCCATTT  
 GAACCTTCTGGAGGGCAGATGAGGCGGGTTGCTATAGCTGGTATTTTAGC  
 GATGGAACCCAAAGTACTAGTACTGGATGAGCCACAGCTGGACTTGATC  
 CTAAGGGAAGAAAAGAAATTAATGACTCTTTTAAAAATCTTCATAAAAA  
 GGAATGACTATCGTCTTAGTGACTCATTAAATGGACGATGTAGCGGATTA  
 TGCTGACTATGTGTATGTTTGAAGCAGGGAAAGTAACCTTATCAGGAC  
 AACCAAAACAGATTTTCAAGAAGTAGAAGTTTGAAGAGTAAACAAATTA  
 GGAGTTCACAAATCACCAAGTTTGCTCAAAGACTATCTCATAAGGGATT  
 AAATTTACCTAGTTTACCAATTACTATTAAACGAATTTGTGGAGGCTATTA  
 AGCATGGA

SEQ ID NO. 7910

STRAIN 1169NT

GGAATTGAATTTAAAAATGTAA

GTTATACCTATCAAGCCGGCACTCCTTTTGAAGGGCGTGCCCTTTTGGAC  
 GTCAATCTGAAAATTGAAGATGCTTCTATACCGCGTTTCATTGGGCACAC  
 AGGTCTTGGAAAATCAACTATTATGCAACTTTTGAATGGTTTACATATTC  
 CTACAAAAGGTGAGGTAATTGTGATGATTTTTCTATTAAAGCAGGGGAC  
 AAGAAACAAAGAAATCAAAATTTATAAGGCAGAAAGTTGGTTTAGTTTTCA  
 ATTTCCAGAAAGTCAGCTTTTGAAGAGACAGTTTAAAGGATGTTGCTTT  
 TTGGACCACAAAATTTTGGTATTTCTCAGATTGAAGCTGAAAGGCTGGCT  
 GAAGAAAATTAAGGTTAGTTGGTATCAGTGAGGATTTATTCGATAAAAA  
 TCCATTTGAACTTTCTGGAGGGCAGATGAGGCGGGTTGCTATAGCTGGTA  
 TTTTAGCGATGGAACCCAAAGTACTAGTACTGGATGAGCCACAGCTGGA  
 CTTGATCCTTAAGGGAAGAAAAGAAATTAATGACTCTTTTAAAAATCTTCA  
 TAAAAAGGAATGACTATCGTCTTAGTGACTCACTTAATGGACGATGTAG  
 CGGATTATGCTGACTATGTGTATGTTTGAAGCAGGGAAAGTAACCTTA  
 TCAGGACAAACCAAAACAGATTTTCAAGAAGTAGAAGCTTTAGAAAGTAA  
 ACAATTAGGAGTTCCCAAAATCACCAAGTTTGCTCAAAGACTATCTCATA  
 AGGATTAAATTTACCTAGTTTACCAATTACTATTAAACGAATTTGTGGAG  
 GCTATTAAAGCATGGA

SEQ ID NO. 7911

STRAIN JM9130013

GGAATTGAATTTAAAAATGTAA

ATACCTATCAAGCCGGCACTCCTTTTGAAGGGCGTGCCCTTTTGGACGTT  
 AATCTGAAAATTGAAGATGCTTCTATACCGCATTCATTGGGCACACAGG  
 TTCTGGAATAATCAACTATTATGCAACTTTTGAATGGTTTACATATTCCTA  
 CAAAAGGTGAGGTAATTGTGATGATTTTTCTATTAAAGCAGGGGACAAAG  
 AACAAAGAAATCAAAATTTATAAGGCAGAAAGTTGGTTTAGTTTTCAATTT  
 TCCAGAAAGTCAGCTTTTGAAGAGACAGTTTAAAGGATGTTGCTTTTGG  
 GACCACAAAATTTTGGTATTTCTCAGATTGAAGCTGAAAGGCTGGCTGAA  
 GAAAATTAAGGTTAGTTGGTATTAGTGAGGATTTATTCGATAAAAATCC  
 ATTTGAACTTTCTGGAGGGCAGATGAGGCGGGTTGCTATAGCTGGTATTT  
 TAGCGATGGAACCCAAAGTACTAGTACTGGATGAGCCACAGCTGGACTT  
 GATCCTTAAGGGAAGAAAAGAAATTAATGACTCTTTTAAAAATCTTCATAA  
 AAAAGGAATGACTATCGTCTTAGTGACTCACTTAATGGACGATGTAGCGG  
 ATTATGCTGACTATGTGTATGTTTGAAGCAGGGAAAGTAACCTTATCA  
 GGCAACCAAAACAGATTTTCAAGAAGTAGAAGCTTTAGAAAGTAAACA  
 ATTAGGAGTTCCCAAAATCACCAAGTTTGCTCAAAGACTATCTCATAAGG  
 GATTAAATTTACCTAGTTTACCAATTACTATTAAACGAATTTGTGGAGGCT  
 ATTAAGCATGGA

PRETTY of: /biotmp/msa238454.2{\*} May 14, 2003 06:55 ..

	1		50
msa238454.2{401_A909}	---GGAATTG	AATTTAAAAA	TGTAAGTTAT ACCTATCAAG CCGGCACTCC
msa238454.2{401_H36B}	---GGAATTG	AATTTAAAAA	TGTAAGTTAT ACCTATCAAG CCGGCACTCC
msa238454.2{401_090}	---GGAATTG	AATTTAAAAA	TGTAAGTTAT ACCTATCAAG CCGGCACTCC
msa238454.2{401_1169NT}	---GGAATTG	AATTTAAAAA	TGTAAGTTAT ACCTATCAAG CCGGCACTCC
msa238454.2{401_18R21}	---GGAATTG	AATTTAAAAA	TGTAAGTTAT ACCTATCAAG CCGGCACTCC
msa238454.2{401_2603}	atgGGAATTG	AATTTAAAAA	TGTAAGTTAT ACCTATCAAG CCGGCACTCC
msa238454.2{401_CJB110}	---GGAATTG	AATTTAAAAA	TGTAAGTTAT ACCTATCAAG CCGGCACTCC
msa238454.2{401_COH1}	---GGAATTG	AATTTAAAAA	TGTAAGTTAT ACCTATCAAG CCGGCACTCC
msa238454.2{401_M732}	---GGAATTG	AATTTAAAAA	TGTAAGTTAT ACCTATCAAG CCGGCACTCC
msa238454.2{401_M781}	---GGAATTG	AATTTAAAAA	TGTAAGTTAT ACCTATCAAG CCGGCACTCC
msa238454.2{401_JM9130013}	---GGAATTG	AATTTAAAAA	TGTAAGTTAT ACCTATCAAG CCGGCACTCC
Consensus	*****	*****	*****

  

	51		100
msa238454.2{401_A909}	TTTTGAAGGG	CGTGCCCTTT	TTGACGTCAA TCTGAAAATT GAAGATGcTT
msa238454.2{401_H36B}	TTTTGAAGGG	CGTGCCCTTT	TTGACGTCAA TCTGAAAATT GAAGATGcTT
msa238454.2{401_090}	TTTTGAAGGG	CGTGCCCTTT	TTGACGTCAA TCTGAAAATT GAAGATGcTT
msa238454.2{401_1169NT}	TTTTGAAGGG	CGTGCCCTTT	TTGACGTCAA TCTGAAAATT GAAGATGcTT
msa238454.2{401_18R21}	TTTTGAAGGG	CGTGCCCTTT	TTGACGTCAA TCTGAAAATT GAAGATGcTT
msa238454.2{401_2603}	TTTTGAAGGG	CGTGCCCTTT	TTGACGTCAA TCTGAAAATT GAAGATGcTT
msa238454.2{401_CJB110}	TTTTGAAGGG	CGTGCCCTTT	TTGACGTCAA TCTGAAAATT GAAGATGcTT



Table 79: Comparative Sequences relating to SAG2150

msa238454.2{401_COH1}	TTTTGAAGGG	CGTGCCCTTT	TTGACGTcAA	TCTGAAAATT	GAAGATGcTT	
msa238454.2{401_M732}	TTTTGAAGGG	CGTGCCCTTT	TTGACGTcAA	TCTGAAAATT	GAAGATGcTT	
msa238454.2{401_M781}	TTTTGAAGGG	CGTGCCCTTT	TTGACGTcAA	TCTGAAAATT	GAAGATGcTT	
msa238454.2{401_JM9130013}	TTTTGAAGGG	CGTGCCCTTT	TTGACGTcAA	TCTGAAAATT	GAAGATGcTT	
Consensus	*****	*****	*****_**	*****	*****_**	
msa238454.2{401_A909}	101	CCTATACCGC	gTTCATTGGG	CACACAGGTT	CTGGAAAATC	AACTATTATG
msa238454.2{401_H36B}	CCTATACCGC	gTTCATTGGG	CACACAGGTT	CTGGAAAATC	AACTATTATG	
msa238454.2{401_090}	CCTATACCGC	gTTCATTGGG	CACACAGGTT	CTGGAAAATC	AACTATTATG	
msa238454.2{401_1169NT}	CCTATACCGC	gTTCATTGGG	CACACAGGTT	CTGGAAAATC	AACTATTATG	
msa238454.2{401_18RS21}	CCTATACCGC	gTTCATTGGG	CACACAGGTT	CTGGAAAATC	AACTATTATG	
msa238454.2{401_2603}	CCTATACCGC	gTTCATTGGG	CACACAGGTT	CTGGAAAATC	AACTATTATG	
msa238454.2{401_CJB110}	CCTATACCGC	gTTCATTGGG	CACACAGGTT	CTGGAAAATC	AACTATTATG	
msa238454.2{401_COH1}	CCTATACCGC	gTTCATTGGG	CACACAGGTT	CTGGAAAATC	AACTATTATG	
msa238454.2{401_M732}	CCTATACCGC	gTTCATTGGG	CACACAGGTT	CTGGAAAATC	AACTATTATG	
msa238454.2{401_M781}	CCTATACCGC	gTTCATTGGG	CACACAGGTT	CTGGAAAATC	AACTATTATG	
msa238454.2{401_JM9130013}	CCTATACCGC	gTTCATTGGG	CACACAGGTT	CTGGAAAATC	AACTATTATG	
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****	
msa238454.2{401_A909}	151	CAACTTTTGA	ATGGTTTACA	TATTCCTACA	AAAGGTGAGG	TAATTGTCGA
msa238454.2{401_H36B}	CAACTTTTGA	ATGGTTTACA	TATTCCTACA	AAAGGTGAGG	TAATTGTCGA	
msa238454.2{401_090}	CAACTTTTGA	ATGGTTTACA	TATTCCTACA	AAAGGTGAGG	TAATTGTCGA	
msa238454.2{401_1169NT}	CAACTTTTGA	ATGGTTTACA	TATTCCTACA	AAAGGTGAGG	TAATTGTCGA	
msa238454.2{401_18RS21}	CAACTTTTGA	ATGGTTTACA	TATTCCTACA	AAAGGTGAGG	TAATTGTCGA	
msa238454.2{401_2603}	CAACTTTTGA	ATGGTTTACA	TATTCCTACA	AAAGGTGAGG	TAATTGTCGA	
msa238454.2{401_CJB110}	CAACTTTTGA	ATGGTTTACA	TATTCCTACA	AAAGGTGAGG	TAATTGTCGA	
msa238454.2{401_COH1}	CAACTTTTGA	ATGGTTTACA	TATTCCTACA	AAAGGTGAGG	TAATTGTCGA	
msa238454.2{401_M732}	CAACTTTTGA	ATGGTTTACA	TATTCCTACA	AAAGGTGAGG	TAATTGTCGA	
msa238454.2{401_M781}	CAACTTTTGA	ATGGTTTACA	TATTCCTACA	AAAGGTGAGG	TAATTGTCGA	
msa238454.2{401_JM9130013}	CAACTTTTGA	ATGGTTTACA	TATTCCTACA	AAAGGTGAGG	TAATTGTCGA	
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****	
msa238454.2{401_A909}	201	TGATTTTTCT	ATTAAAGCAG	GGGACAAGAA	CAAAGAAATC	AAATTTATAA
msa238454.2{401_H36B}	TGATTTTTCT	ATTAAAGCAG	GGGACAAGAA	CAAAGAAATC	AAATTTATAA	
msa238454.2{401_090}	TGATTTTTCT	ATTAAAGCAG	GGGACAAGAA	CAAAGAAATC	AAATTTATAA	
msa238454.2{401_1169NT}	TGATTTTTCT	ATTAAAGCAG	GGGACAAGAA	CAAAGAAATC	AAATTTATAA	
msa238454.2{401_18RS21}	TGATTTTTCT	ATTAAAGCAG	GGGACAAGAA	CAAAGAAATC	AAATTTATAA	
msa238454.2{401_2603}	TGATTTTTCT	ATTAAAGCAG	GGGACAAGAA	CAAAGAAATC	AAATTTATAA	
msa238454.2{401_CJB110}	TGATTTTTCT	ATTAAAGCAG	GGGACAAGAA	CAAAGAAATC	AAATTTATAA	
msa238454.2{401_COH1}	TGATTTTTCT	ATTAAAGCAG	GGGACAAGAA	CAAAGAAATC	AAATTTATAA	
msa238454.2{401_M732}	TGATTTTTCT	ATTAAAGCAG	GGGACAAGAA	CAAAGAAATC	AAATTTATAA	
msa238454.2{401_M781}	TGATTTTTCT	ATTAAAGCAG	GGGACAAGAA	CAAAGAAATC	AAATTTATAA	
msa238454.2{401_JM9130013}	TGATTTTTCT	ATTAAAGCAG	GGGACAAGAA	CAAAGAAATC	AAATTTATAA	
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****	
msa238454.2{401_A909}	251	GGCAAAAAGT	TGGTTTAGTT	TTTCAATTTC	CAGAAAGTCA	GCTTTTGGAA
msa238454.2{401_H36B}	GGCAAAAAGT	TGGTTTAGTT	TTTCAATTTC	CAGAAAGTCA	GCTTTTGGAA	
msa238454.2{401_090}	GGCAAAAAGT	TGGTTTAGTT	TTTCAATTTC	CAGAAAGTCA	GCTTTTGGAA	
msa238454.2{401_1169NT}	GGCAAAAAGT	TGGTTTAGTT	TTTCAATTTC	CAGAAAGTCA	GCTTTTGGAA	
msa238454.2{401_18RS21}	GGCAAAAAGT	TGGTTTAGTT	TTTCAATTTC	CAGAAAGTCA	GCTTTTGGAA	
msa238454.2{401_2603}	GGCAAAAAGT	TGGTTTAGTT	TTTCAATTTC	CAGAAAGTCA	GCTTTTGGAA	
msa238454.2{401_CJB110}	GGCAAAAAGT	TGGTTTAGTT	TTTCAATTTC	CAGAAAGTCA	GCTTTTGGAA	
msa238454.2{401_COH1}	GGCAAAAAGT	TGGTTTAGTT	TTTCAATTTC	CAGAAAGTCA	GCTTTTGGAA	
msa238454.2{401_M732}	GGCAAAAAGT	TGGTTTAGTT	TTTCAATTTC	CAGAAAGTCA	GCTTTTGGAA	
msa238454.2{401_M781}	GGCAAAAAGT	TGGTTTAGTT	TTTCAATTTC	CAGAAAGTCA	GCTTTTGGAA	
msa238454.2{401_JM9130013}	GGCAAAAAGT	TGGTTTAGTT	TTTCAATTTC	CAGAAAGTCA	GCTTTTGGAA	
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****	
msa238454.2{401_A909}	301	GAGACAGTTT	TAAAgGATGT	TGCTTTTGGG	CCACAAAATT	TTGGTATTTC
msa238454.2{401_H36B}	GAGACAGTTT	TAAAgGATGT	TGCTTTTGGG	CCACAAAATT	TTGGTATTTC	
msa238454.2{401_090}	GAGACAGTTT	TAAAgGATGT	TGCTTTTGGG	CCACAAAATT	TTGGTATTTC	
msa238454.2{401_1169NT}	GAGACAGTTT	TAAAgGATGT	TGCTTTTGGG	CCACAAAATT	TTGGTATTTC	
msa238454.2{401_18RS21}	GAGACAGTTT	TAAAgGATGT	TGCTTTTGGG	CCACAAAATT	TTGGTATTTC	
msa238454.2{401_2603}	GAGACAGTTT	TAAAgGATGT	TGCTTTTGGG	CCACAAAATT	TTGGTATTTC	
msa238454.2{401_CJB110}	GAGACAGTTT	TAAAgGATGT	TGCTTTTGGG	CCACAAAATT	TTGGTATTTC	
msa238454.2{401_COH1}	GAGACAGTTT	TAAAgGATGT	TGCTTTTGGG	CCACAAAATT	TTGGTATTTC	
msa238454.2{401_M732}	GAGACAGTTT	TAAAgGATGT	TGCTTTTGGG	CCACAAAATT	TTGGTATTTC	
msa238454.2{401_M781}	GAGACAGTTT	TAAAgGATGT	TGCTTTTGGG	CCACAAAATT	TTGGTATTTC	
msa238454.2{401_JM9130013}	GAGACAGTTT	TAAAgGATGT	TGCTTTTGGG	CCACAAAATT	TTGGTATTTC	
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****	
msa238454.2{401_A909}	351	TCAGATTGAA	GCTGAAAGGC	TGGCTGAAGA	AAAATTAAGG	TTAGTTGGTA
msa238454.2{401_H36B}	TCAGATTGAA	GCTGAAAGGC	TGGCTGAAGA	AAAATTAAGG	TTAGTTGGTA	
msa238454.2{401_090}	TCAGATTGAA	GCTGAAAGGC	TGGCTGAAGA	AAAATTAAGG	TTAGTTGGTA	
msa238454.2{401_1169NT}	TCAGATTGAA	GCTGAAAGGC	TGGCTGAAGA	AAAATTAAGG	TTAGTTGGTA	
msa238454.2{401_18RS21}	TCAGATTGAA	GCTGAAAGGC	TGGCTGAAGA	AAAATTAAGG	TTAGTTGGTA	
msa238454.2{401_2603}	TCAGATTGAA	GCTGAAAGGC	TGGCTGAAGA	AAAATTAAGG	TTAGTTGGTA	
msa238454.2{401_1169NT}	TCAGATTGAA	GCTGAAAGGC	TGGCTGAAGA	AAAATTAAGG	TTAGTTGGTA	
msa238454.2{401_18RS21}	TCAGATTGAA	GCTGAAAGGC	TGGCTGAAGA	AAAATTAAGG	TTAGTTGGTA	
msa238454.2{401_2603}	TCAGATTGAA	GCTGAAAGGC	TGGCTGAAGA	AAAATTAAGG	TTAGTTGGTA	
msa238454.2{401_1169NT}	TCAGATTGAA	GCTGAAAGGC	TGGCTGAAGA	AAAATTAAGG	TTAGTTGGTA	
msa238454.2{401_18RS21}	TCAGATTGAA	GCTGAAAGGC	TGGCTGAAGA	AAAATTAAGG	TTAGTTGGTA	
msa238454.2{401_2603}	TCAGATTGAA	GCTGAAAGGC	TGGCTGAAGA	AAAATTAAGG	TTAGTTGGTA	

Table 79: Comparative Sequences relating to SAG2150

msa238454.2{401_CJB110}	TCAGATTGAA	GCTGAAAGGC	TGGCTGAAGA	AAAATTAAGG	TTAGTTGGTA
msa238454.2{401_COH1}	TCAGATTGAA	GCTGAAAGGC	TGGCTGAAGA	AAAATTAAGG	TTAGTTGGTA
msa238454.2{401_M732}	TCAGATTGAA	GCTGAAAGGC	TGGCTGAAGA	AAAATTAAGG	TTAGTTGGTA
msa238454.2{401_M781}	TCAGATTGAA	GCTGAAAGGC	TGGCTGAAGA	AAAATTAAGG	TTAGTTGGTA
msa238454.2{401_JM9130013}	TCAGATTGAA	GCTGAAAGGC	TGGCTGAAGA	AAAATTAAGG	TTAGTTGGTA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
401					450
msa238454.2{401_A909}	TcAGTGAGGA	TTTATTCGAT	AAAAATCCAT	TTGAACITTC	TGGAGGGCAG
msa238454.2{401_H36B}	TcAGTGAGGA	TTTATTCGAT	AAAAATCCAT	TTGAACITTC	TGGAGGGCAG
msa238454.2{401_090}	TcAGTGAGGA	TTTATTCGAT	AAAAATCCAT	TTGAACITTC	TGGAGGGCAG
msa238454.2{401_1169NT}	TcAGTGAGGA	TTTATTCGAT	AAAAATCCAT	TTGAACITTC	TGGAGGGCAG
msa238454.2{401_18RS21}	TcAGTGAGGA	TTTATTCGAT	AAAAATCCAT	TTGAACITTC	TGGAGGGCAG
msa238454.2{401_2603}	TcAGTGAGGA	TTTATTCGAT	AAAAATCCAT	TTGAACITTC	TGGAGGGCAG
msa238454.2{401_CJB110}	TcAGTGAGGA	TTTATTCGAT	AAAAATCCAT	TTGAACITTC	TGGAGGGCAG
msa238454.2{401_COH1}	TcAGTGAGGA	TTTATTCGAT	AAAAATCCAT	TTGAACITTC	TGGAGGGCAG
msa238454.2{401_M732}	TcAGTGAGGA	TTTATTCGAT	AAAAATCCAT	TTGAACITTC	TGGAGGGCAG
msa238454.2{401_M781}	TcAGTGAGGA	TTTATTCGAT	AAAAATCCAT	TTGAACITTC	TGGAGGGCAG
msa238454.2{401_JM9130013}	TcAGTGAGGA	TTTATTCGAT	AAAAATCCAT	TTGAACITTC	TGGAGGGCAG
Consensus	..*****	*****	*****	*****	*****
451					500
msa238454.2{401_A909}	ATGAGGCGGG	TIGCTATAGC	TGGTATTTTA	GCGATGGAAC	CCAAAGTACT
msa238454.2{401_H36B}	ATGAGGCGGG	TIGCTATAGC	TGGTATTTTA	GCGATGGAAC	CCAAAGTACT
msa238454.2{401_090}	ATGAGGCGGG	TIGCTATAGC	TGGTATTTTA	GCGATGGAAC	CCAAAGTACT
msa238454.2{401_1169NT}	ATGAGGCGGG	TIGCTATAGC	TGGTATTTTA	GCGATGGAAC	CCAAAGTACT
msa238454.2{401_18RS21}	ATGAGGCGGG	TIGCTATAGC	TGGTATTTTA	GCGATGGAAC	CCAAAGTACT
msa238454.2{401_2603}	ATGAGGCGGG	TIGCTATAGC	TGGTATTTTA	GCGATGGAAC	CCAAAGTACT
msa238454.2{401_CJB110}	ATGAGGCGGG	TIGCTATAGC	TGGTATTTTA	GCGATGGAAC	CCAAAGTACT
msa238454.2{401_COH1}	ATGAGGCGGG	TIGCTATAGC	TGGTATTTTA	GCGATGGAAC	CCAAAGTACT
msa238454.2{401_M732}	ATGAGGCGGG	TIGCTATAGC	TGGTATTTTA	GCGATGGAAC	CCAAAGTACT
msa238454.2{401_M781}	ATGAGGCGGG	TIGCTATAGC	TGGTATTTTA	GCGATGGAAC	CCAAAGTACT
msa238454.2{401_JM9130013}	ATGAGGCGGG	TIGCTATAGC	TGGTATTTTA	GCGATGGAAC	CCAAAGTACT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
501					550
msa238454.2{401_A909}	AGTACTaGAT	GAGCCAACAG	CTGGACTTGA	TCCTAAGGGA	AGAAAAGAAT
msa238454.2{401_H36B}	AGTACTaGAT	GAGCCAACAG	CTGGACTTGA	TCCTAAGGGA	AGAAAAGAAT
msa238454.2{401_090}	AGTACTgGAT	GAGCCAACAG	CTGGACTTGA	TCCTAAGGGA	AGAAAAGAAT
msa238454.2{401_1169NT}	AGTACTgGAT	GAGCCAACAG	CTGGACTTGA	TCCTAAGGGA	AGAAAAGAAT
msa238454.2{401_18RS21}	AGTACTgGAT	GAGCCAACAG	CTGGACTTGA	TCCTAAGGGA	AGAAAAGAAT
msa238454.2{401_2603}	AGTACTgGAT	GAGCCAACAG	CTGGACTTGA	TCCTAAGGGA	AGAAAAGAAT
msa238454.2{401_CJB110}	AGTACTgGAT	GAGCCAACAG	CTGGACTTGA	TCCTAAGGGA	AGAAAAGAAT
msa238454.2{401_COH1}	AGTACTgGAT	GAGCCAACAG	CTGGACTTGA	TCCTAAGGGA	AGAAAAGAAT
msa238454.2{401_M732}	AGTACTgGAT	GAGCCAACAG	CTGGACTTGA	TCCTAAGGGA	AGAAAAGAAT
msa238454.2{401_M781}	AGTACTgGAT	GAGCCAACAG	CTGGACTTGA	TCCTAAGGGA	AGAAAAGAAT
msa238454.2{401_JM9130013}	AGTACTgGAT	GAGCCAACAG	CTGGACTTGA	TCCTAAGGGA	AGAAAAGAAT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
551					600
msa238454.2{401_A909}	TAATGACTCT	TTTTAAAAAT	CTTCATAAAA	AAGGAATGAC	TATCGTCTTA
msa238454.2{401_H36B}	TAATGACTCT	TTTTAAAAAT	CTTCATAAAA	AAGGAATGAC	TATCGTCTTA
msa238454.2{401_090}	TAATGACTCT	TTTTAAAAAT	CTTCATAAAA	AAGGAATGAC	TATCGTCTTA
msa238454.2{401_1169NT}	TAATGACTCT	TTTTAAAAAT	CTTCATAAAA	AAGGAATGAC	TATCGTCTTA
msa238454.2{401_18RS21}	TAATGACTCT	TTTTAAAAAT	CTTCATAAAA	AAGGAATGAC	TATCGTCTTA
msa238454.2{401_2603}	TAATGACTCT	TTTTAAAAAT	CTTCATAAAA	AAGGAATGAC	TATCGTCTTA
msa238454.2{401_CJB110}	TAATGACTCT	TTTTAAAAAT	CTTCATAAAA	AAGGAATGAC	TATCGTCTTA
msa238454.2{401_COH1}	TAATGACTCT	TTTTAAAAAT	CTTCATAAAA	AAGGAATGAC	TATCGTCTTA
msa238454.2{401_M732}	TAATGACTCT	TTTTAAAAAT	CTTCATAAAA	AAGGAATGAC	TATCGTCTTA
msa238454.2{401_M781}	TAATGACTCT	TTTTAAAAAT	CTTCATAAAA	AAGGAATGAC	TATCGTCTTA
msa238454.2{401_JM9130013}	TAATGACTCT	TTTTAAAAAT	CTTCATAAAA	AAGGAATGAC	TATCGTCTTA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
601					650
msa238454.2{401_A909}	GTGACTCACT	TAATGGACGA	TGTAGCGGAT	TATGCTGACT	ATGTGTATGT
msa238454.2{401_H36B}	GTGACTCACT	TAATGGACGA	TGTAGCGGAT	TATGCTGACT	ATGTGTATGT
msa238454.2{401_090}	GTGACTCACT	TAATGGACGA	TGTAGCGGAT	TATGCTGACT	ATGTGTATGT
msa238454.2{401_1169NT}	GTGACTCACT	TAATGGACGA	TGTAGCGGAT	TATGCTGACT	ATGTGTATGT
msa238454.2{401_18RS21}	GTGACTCACT	TAATGGACGA	TGTAGCGGAT	TATGCTGACT	ATGTGTATGT
msa238454.2{401_2603}	GTGACTCACT	TAATGGACGA	TGTAGCGGAT	TATGCTGACT	ATGTGTATGT
msa238454.2{401_CJB110}	GTGACTCACT	TAATGGACGA	TGTAGCGGAT	TATGCTGACT	ATGTGTATGT
msa238454.2{401_COH1}	GTGACTCACT	TAATGGACGA	TGTAGCGGAT	TATGCTGACT	ATGTGTATGT
msa238454.2{401_M732}	GTGACTCACT	TAATGGACGA	TGTAGCGGAT	TATGCTGACT	ATGTGTATGT
msa238454.2{401_M781}	GTGACTCACT	TAATGGACGA	TGTAGCGGAT	TATGCTGACT	ATGTGTATGT
msa238454.2{401_JM9130013}	GTGACTCACT	TAATGGACGA	TGTAGCGGAT	TATGCTGACT	ATGTGTATGT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
651					700
msa238454.2{401_A909}	TTTAGAAGCA	GGGAAAGTAA	CCTTATCAGG	ACAACCAAag	CAGATTTTTTC
msa238454.2{401_H36B}	TTTAGAAGCA	GGGAAAGTAA	CCTTATCAGG	ACAACCAAag	CAGATTTTTTC
msa238454.2{401_090}	TTTAGAAGCA	GGGAAAGTAA	CCTTATCAGG	ACAACCAAaa	CAGATTTTTTC
msa238454.2{401_1169NT}	TTTAGAAGCA	GGGAAAGTAA	CCTTATCAGG	ACAACCAAaa	CAGATTTTTTC
msa238454.2{401_18RS21}	TTTAGAAGCA	GGGAAAGTAA	CCTTATCAGG	ACAACCAAaa	CAGATTTTTTC

Table 79: Comparative Sequences relating to SAG2150

msa238454.2{401_2603}	TTTAGAAGCA	GGGAAAGTAA	CCTTATCAGG	ACAACCAAAa	CAGATTTTTC
msa238454.2{401_CJB110}	TTTAGAAGCA	GGGAAAGTAA	CCTTATCAGG	ACAACCAAAa	CAGATTTTTC
msa238454.2{401_COH1}	TTTAGAAGCA	GGGAAAGTAA	CCTTATCAGG	ACAACCAAAa	CAGATTTTTC
msa238454.2{401_M732}	TTTAGAAGCA	GGGAAAGTAA	CCTTATCAGG	ACAACCAAAa	CAGATTTTTC
msa238454.2{401_M781}	TTTAGAAGCA	GGGAAAGTAA	CCTTATCAGG	ACAACCAAAa	CAGATTTTTC
msa238454.2{401_JM9130013}	TTTAGAAGCA	GGGAAAGTAA	CCTTATCAGG	ACAACCAAAa	CAGATTTTTC
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa238454.2{401_A909}	AAGAAGTAGA	ACTTTTAGAA	AGTAAACAAT	TAGGAGTTCC	CAAAATCACC
msa238454.2{401_H36B}	AAGAAGTAGA	ACTTTTAGAA	AGTAAACAAT	TAGGAGTTCC	CAAAATCACC
msa238454.2{401_090}	AAGAAGTAGA	ACTTTTAGAA	AGTAAACAAT	TAGGAGTTCC	CAAAATCACC
msa238454.2{401_1169NT}	AAGAAGTAGA	ACTTTTAGAA	AGTAAACAAT	TAGGAGTTCC	CAAAATCACC
msa238454.2{401_18RS21}	AAGAAGTAGA	ACTTTTAGAA	AGTAAACAAT	TAGGAGTTCC	CAAAATCACC
msa238454.2{401_2603}	AAGAAGTAGA	ACTTTTAGAA	AGTAAACAAT	TAGGAGTTCC	CAAAATCACC
msa238454.2{401_CJB110}	AAGAAGTAGA	ACTTTTAGAA	AGTAAACAAT	TAGGAGTTCC	CAAAATCACC
msa238454.2{401_COH1}	AAGAAGTAGA	ACTTTTAGAA	AGTAAACAAT	TAGGAGTTCC	CAAAATCACC
msa238454.2{401_M732}	AAGAAGTAGA	ACTTTTAGAA	AGTAAACAAT	TAGGAGTTCC	CAAAATCACC
msa238454.2{401_M781}	AAGAAGTAGA	ACTTTTAGAA	AGTAAACAAT	TAGGAGTTCC	CAAAATCACC
msa238454.2{401_JM9130013}	AAGAAGTAGA	ACTTTTAGAA	AGTAAACAAT	TAGGAGTTCC	CAAAATCACC
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa238454.2{401_A909}	AAGTTTGCTC	AAAGGCTATC	TCATAAGGGA	TTAAATTTAC	CTAGTTTACC
msa238454.2{401_H36B}	AAGTTTGCTC	AAAGGCTATC	TCATAAGGGA	TTAAATTTAC	CTAGTTTACC
msa238454.2{401_090}	AAGTTTGCTC	AAAGGCTATC	TCATAAGGGA	TTAAATTTAC	CTAGTTTACC
msa238454.2{401_1169NT}	AAGTTTGCTC	AAAGGCTATC	TCATAAGGGA	TTAAATTTAC	CTAGTTTACC
msa238454.2{401_18RS21}	AAGTTTGCTC	AAAGGCTATC	TCATAAGGGA	TTAAATTTAC	CTAGTTTACC
msa238454.2{401_2603}	AAGTTTGCTC	AAAGGCTATC	TCATAAGGGA	TTAAATTTAC	CTAGTTTACC
msa238454.2{401_CJB110}	AAGTTTGCTC	AAAGGCTATC	TCATAAGGGA	TTAAATTTAC	CTAGTTTACC
msa238454.2{401_COH1}	AAGTTTGCTC	AAAGGCTATC	TCATAAGGGA	TTAAATTTAC	CTAGTTTACC
msa238454.2{401_M732}	AAGTTTGCTC	AAAGGCTATC	TCATAAGGGA	TTAAATTTAC	CTAGTTTACC
msa238454.2{401_M781}	AAGTTTGCTC	AAAGGCTATC	TCATAAGGGA	TTAAATTTAC	CTAGTTTACC
msa238454.2{401_JM9130013}	AAGTTTGCTC	AAAGGCTATC	TCATAAGGGA	TTAAATTTAC	CTAGTTTACC
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa238454.2{401_A909}	AATTACTATT	AACGAATTTG	TGGAGGCTAT	TAAGCATGGA	
msa238454.2{401_H36B}	AATTACTATT	AACGAATTTG	TGGAGGCTAT	TAAGCATGGA	
msa238454.2{401_090}	AATTACTATT	AACGAATTTG	TGGAGGCTAT	TAAGCATGGA	
msa238454.2{401_1169NT}	AATTACTATT	AACGAATTTG	TGGAGGCTAT	TAAGCATGGA	
msa238454.2{401_18RS21}	AATTACTATT	AACGAATTTG	TGGAGGCTAT	TAAGCATGGA	
msa238454.2{401_2603}	AATTACTATT	AACGAATTTG	TGGAGGCTAT	TAAGCATGGA	
msa238454.2{401_CJB110}	AATTACTATT	AACGAATTTG	TGGAGGCTAT	TAAGCATGGA	
msa238454.2{401_COH1}	AATTACTATT	AACGAATTTG	TGGAGGCTAT	TAAGCATGGA	
msa238454.2{401_M732}	AATTACTATT	AACGAATTTG	TGGAGGCTAT	TAAGCATGGA	
msa238454.2{401_M781}	AATTACTATT	AACGAATTTG	TGGAGGCTAT	TAAGCATGGA	
msa238454.2{401_JM9130013}	AATTACTATT	AACGAATTTG	TGGAGGCTAT	TAAGCATGGA	
Consensus	*****	*****	*****	*****	

## SEQ ID NO. 7912

STRAIN 2603 frame: 1

MGIEFKNVSYTYOAGTFPEGRALFDVNLKIEDASYTAFIGHTGSGKSTIMQLLNGLHIPTK  
 GEVIVDDFSIKAGDKNKBIKFIRQKVGLVFQFPESQLFEETVLKDVAFGPQNFISQIEA  
 ERLAEKRLVIGISEDLDKNPFELSGGQMRRAIAGILAMEPKVVLDEPTAGLDPKGR  
 KELMTLFPKLNHKKGMTIIVLVTHLMDVDVADYADYVYVLEAGKVTLSGQPKQIFQEVLELLES  
 KQLGVPKITKFAQRLSHKGLNLPSPITINEFVEAIKKG

## SEQ ID NO. 7913

STRAIN 090 frame: 1

GIEFKNVSYTYOAGTFPEGRALFDVNLKIEDASYTAFIGHTGSGKSTIMQLLNGLHIPTK  
 GEVIVDDFSIKAGDKNKBIKFIRQKVGLVFQFPESQLFEETVLKDVAFGPQNFISQIEA  
 ERLAEKRLVIGISEDLDKNPFELSGGQMRRAIAGILAMEPKVVLDEPTAGLDPKGR  
 KELMTLFPKLNHKKGMTIIVLVTHLMDVDVADYADYVYVLEAGKVTLSGQPKQIFQEVLELLES  
 KQLGVPKITKFAQRLSHKGLNLPSPITINEFVEAIKKG

## SEQ ID NO. 7914

STRAIN 090 frame: 1

GIEFKNVSYTYOAGTFPEGRALFDVNLKIEDASYTAFIGHTGSGKSTIMQLLNGLHIPTK  
 GEVIVDDFSIKAGDKNKBIKFIRQKVGLVFQFPESQLFEETVLKDVAFGPQNFISQIEA  
 ERLAEKRLVIGISEDLDKNPFELSGGQMRRAIAGILAMEPKVVLDEPTAGLDPKGR  
 KELMTLFPKLNHKKGMTIIVLVTHLMDVDVADYADYVYVLEAGKVTLSGQPKQIFQEVLELLES  
 KQLGVPKITKFAQRLSHKGLNLPSPITINEFVEAIKKG

## SEQ ID NO. 7915

STRAIN H36B frame: 1

GIEFKNVSYTYOAGTFPEGRALFDVNLKIEDASYTAFIGHTGSGKSTIMQLLNGLHIPTK  
 GEVIVDDFSIKAGDKNKBIKFIRQKVGLVFQFPESQLFEETVLKDVAFGPQNFISQIEA  
 ERLAEKRLVIGISEDLDKNPFELSGGQMRRAIAGILAMEPKVVLDEPTAGLDPKGR  
 KELMTLFPKLNHKKGMTIIVLVTHLMDVDVADYADYVYVLEAGKVTLSGQPKQIFQEVLELLES  
 KQLGVPKITKFAQRLSHKGLNLPSPITINEFVEAIKKG

## SEQ ID NO. 7916

Table 79: Comparative Sequences relating to SAG2150

STRAIN 18RS21 frame: 1  
 GIEFKNVSYTYQAGTTFEGRALFDVNLKI EDASYTAFI HTGSGKSTIMQLLNGLHIPTK  
 GEVIVDDFSIKAGDKNKEIKFIRQKVGLVFPFESQLFEETVLKDVAFGPQNFQISQIEA  
 ERLAEKRLRLVGISSEDLFDKNPFELSGGQMRRAIAGILAMEPKVLVLDEPTAGLDPKGR  
 KELMTLTKNLHKKGMTIVLVTHLMDDVADYADYVYVLEAGKVTLSGQPKQIFQEVELLES  
 KQLGVPKITKFAQRLSHKGLNLPSPITINEFVEAIKHG

SEQ ID NO. 7917

STRAIN M732 frame: 1  
 GIEFKNVSYTYQAGTTFEGRALFDVNLKIEDVSYTAFI HTGSGKSTIMQLLNGLHIPTK  
 GEVIVDDFSIKAGDKNKEIKFIRQKVGLVFPFESQLFEETVLKDVAFGPQNFQISQIEA  
 ERLAEKRLRLVGISSEDLFDKNPFELSGGQMRRAIAGILAMEPKVLVLDEPTAGLDPKGR  
 KELMTLTKNLHKKGMTIVLVTHLMDDVADYADYVYVLEAGKVTLSGQPKQIFQEVELLES  
 KQLGVPKITKFAQRLSHKGLNLPSPITINEFVEAIKHG

SEQ ID NO. 7918

STRAIN COH1 frame: 1  
 GIEFKNVSYTYQAGTTFEGRALFDVNLKIEDVSYTAFI HTGSGKSTIMQLLNGLHIPTK  
 GEVIVDDFSIKAGDKNKEIKFIRQKVGLVFPFESQLFEETVLKDVAFGPQNFQISQIEA  
 ERLAEKRLRLVGISSEDLFDKNPFELSGGQMRRAIAGILAMEPKVLVLDEPTAGLDPKGR  
 KELMTLTKNLHKKGMTIVLVTHLMDDVADYADYVYVLEAGKVTLSGQPKQIFQEVELLES  
 KQLGVPKITKFAQRLSHKGLNLPSPITINEFVEAIKHG

SEQ ID NO. 7919

STRAIN M781 frame: 1  
 GIEFKNVSYTYQAGTTFEGRALFDVNLKIEDVSYTAFI HTGSGKSTIMQLLNGLHIPTK  
 GEVIVDDFSIKAGDKNKEIKFIRQKVGLVFPFESQLFEETVLKDVAFGPQNFQISQIEA  
 ERLAEKRLRLVGISSEDLFDKNPFELSGGQMRRAIAGILAMEPKVLVLDEPTAGLDPKGR  
 KELMTLTKNLHKKGMTIVLVTHLMDDVADYADYVYVLEAGKVTLSGQPKQIFQEVELLES  
 KQLGVPKITKFAQRLSHKGLNLPSPITINEFVEAIKHG

SEQ ID NO. 7920

STRAIN CJB110 frame: 1  
 GIEFKNVSYTYQAGTTFEGRALFDVNLKIEDASYTAFI HTGSGKSTIMQLLNGLHIPTK  
 GEVIVDDFSIKAGDKNKEIKFIRQKVGLVFPFESQLFEETVLKDVAFGPQNFQISQIEA  
 ERLAEKRLRLVGISSEDLFDKNPFELSGGQMRRAIAGILAMEPKVLVLDEPTAGLDPKGR  
 KELMTLTKNLHKKGMTIVLVTHLMDDVADYADYVYVLEAGKVTLSGQPKQIFQEVELLES  
 KQLGVPKITKFAQRLSHKGLNLPSPITINEFVEAIKHG

SEQ ID NO. 7921

STRAIN 1169NT frame: 1  
 GIEFKNVSYTYQAGTTFEGRALFDVNLKIEDASYTAFI HTGSGKSTIMQLLNGLHIPTK  
 GEVIVDDFSIKAGDKNKEIKFIRQKVGLVFPFESQLFEETVLKDVAFGPQNFQISQIEA  
 ERLAEKRLRLVGISSEDLFDKNPFELSGGQMRRAIAGILAMEPKVLVLDEPTAGLDPKGR  
 KELMTLTKNLHKKGMTIVLVTHLMDDVADYADYVYVLEAGKVTLSGQPKQIFQEVELLES  
 KQLGVPKITKFAQRLSHKGLNLPSPITINEFVEAIKHG

SEQ ID NO. 7922

STRAIN JM9130013 frame: 1  
 GIEFKNVSYTYQAGTTFEGRALFDVNLKIEDASYTAFI HTGSGKSTIMQLLNGLHIPTK  
 GEVIVDDFSIKAGDKNKEIKFIRQKVGLVFPFESQLFEETVLKDVAFGPQNFQISQIEA  
 ERLAEKRLRLVGISSEDLFDKNPFELSGGQMRRAIAGILAMEPKVLVLDEPTAGLDPKGR  
 KELMTLTKNLHKKGMTIVLVTHLMDDVADYADYVYVLEAGKVTLSGQPKQIFQEVELLES  
 KQLGVPKITKFAQRLSHKGLNLPSPITINEFVEAIKHG

PRETTY of: /biotmp/msa238553.2{\*} May 14, 2003 06:55 ..

```

1
msa238553.2{401_090} -GIEFKNVSY TYQAGTTFEG RALFDVNLKI EDASYTAFI HTGSGKSTIM
msa238553.2{401_1169NT} -GIEFKNVSY TYQAGTTFEG RALFDVNLKI EDASYTAFI HTGSGKSTIM
msa238553.2{401_18RS21} -GIEFKNVSY TYQAGTTFEG RALFDVNLKI EDASYTAFI HTGSGKSTIM
msa238553.2{401_2603} mGIEFKNVSY TYQAGTTFEG RALFDVNLKI EDASYTAFI HTGSGKSTIM
msa238553.2{401_CJB110} -GIEFKNVSY TYQAGTTFEG RALFDVNLKI EDASYTAFI HTGSGKSTIM
msa238553.2{401_H36B} -GIEFKNVSY TYQAGTTFEG RALFDVNLKI EDASYTAFI HTGSGKSTIM
msa238553.2{401_JM9130013} -GIEFKNVSY TYQAGTTFEG RALFDVNLKI EDASYTAFI HTGSGKSTIM
msa238553.2{401_COH1} -GIEFKNVSY TYQAGTTFEG RALFDVNLKI EDVSYTAFI HTGSGKSTIM
msa238553.2{401_M732} -GIEFKNVSY TYQAGTTFEG RALFDVNLKI EDVSYTAFI HTGSGKSTIM
msa238553.2{401_M781} -GIEFKNVSY TYQAGTTFEG RALFDVNLKI EDVSYTAFI HTGSGKSTIM
Consensus *****
51
msa238553.2{401_090} QLLNGLHIPT KGEIVDDFS IKAGDKNKEI KFIROKVGLV FQFPESQLFE
msa238553.2{401_1169NT} QLLNGLHIPT KGEIVDDFS IKAGDKNKEI KFIROKVGLV FQFPESQLFE
msa238553.2{401_18RS21} QLLNGLHIPT KGEIVDDFS IKAGDKNKEI KFIROKVGLV FQFPESQLFE
msa238553.2{401_2603} QLLNGLHIPT KGEIVDDFS IKAGDKNKEI KFIROKVGLV FQFPESQLFE
msa238553.2{401_CJB110} QLLNGLHIPT KGEIVDDFS IKAGDKNKEI KFIROKVGLV FQFPESQLFE
msa238553.2{401_H36B} QLLNGLHIPT KGEIVDDFS IKAGDKNKEI KFIROKVGLV FQFPESQLFE
msa238553.2{401_JM9130013} QLLNGLHIPT KGEIVDDFS IKAGDKNKEI KFIROKVGLV FQFPESQLFE
msa238553.2{401_COH1} QLLNGLHIPT KGEIVDDFS IKAGDKNKEI KFIROKVGLV FQFPESQLFE
msa238553.2{401_M732} QLLNGLHIPT KGEIVDDFS IKAGDKNKEI KFIROKVGLV FQFPESQLFE
msa238553.2{401_M781} QLLNGLHIPT KGEIVDDFS IKAGDKNKEI KFIROKVGLV FQFPESQLFE
100

```

Table 79: Comparative Sequences relating to SAG2150

Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
	101				150
msa238553.2{401_090}	ETVLKDVAFG	PQNFGISQIE	AERLAEEKLR	LVGISEDLF	KNPFELSGGQ
msa238553.2{401_1169NT}	ETVLKDVAFG	PQNFGISQIE	AERLAEEKLR	LVGISEDLF	KNPFELSGGQ
msa238553.2{401_18RS21}	ETVLKDVAFG	PQNFGISQIE	AERLAEEKLR	LVGISEDLF	KNPFELSGGQ
msa238553.2{401_2603}	ETVLKDVAFG	PQNFGISQIE	AERLAEEKLR	LVGISEDLF	KNPFELSGGQ
msa238553.2{401_CJB110}	ETVLKDVAFG	PQNFGISQIE	AERLAEEKLR	LVGISEDLF	KNPFELSGGQ
msa238553.2{401_H36B}	ETVLKDVAFG	PQNFGISQIE	AERLAEEKLR	LVGISEDLF	KNPFELSGGQ
msa238553.2{401_JM9130013}	ETVLKDVAFG	PQNFGISQIE	AERLAEEKLR	LVGISEDLF	KNPFELSGGQ
msa238553.2{401_COH1}	ETVLKDVAFG	PQNFGISQIE	AERLAEEKLR	LVGISEDLF	KNPFELSGGQ
msa238553.2{401_M732}	ETVLKDVAFG	PQNFGISQIE	AERLAEEKLR	LVGISEDLF	KNPFELSGGQ
msa238553.2{401_M781}	ETVLKDVAFG	PQNFGISQIE	AERLAEEKLR	LVGISEDLF	KNPFELSGGQ
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
	151				200
msa238553.2{401_090}	MRRVAIAGIL	AMEPKVLVLD	EPTAGLDPKG	RKELMTLFPK	LHKKGMTIVL
msa238553.2{401_1169NT}	MRRVAIAGIL	AMEPKVLVLD	EPTAGLDPKG	RKELMTLFPK	LHKKGMTIVL
msa238553.2{401_18RS21}	MRRVAIAGIL	AMEPKVLVLD	EPTAGLDPKG	RKELMTLFPK	LHKKGMTIVL
msa238553.2{401_2603}	MRRVAIAGIL	AMEPKVLVLD	EPTAGLDPKG	RKELMTLFPK	LHKKGMTIVL
msa238553.2{401_CJB110}	MRRVAIAGIL	AMEPKVLVLD	EPTAGLDPKG	RKELMTLFPK	LHKKGMTIVL
msa238553.2{401_H36B}	MRRVAIAGIL	AMEPKVLVLD	EPTAGLDPKG	RKELMTLFPK	LHKKGMTIVL
msa238553.2{401_JM9130013}	MRRVAIAGIL	AMEPKVLVLD	EPTAGLDPKG	RKELMTLFPK	LHKKGMTIVL
msa238553.2{401_COH1}	MRRVAIAGIL	AMEPKVLVLD	EPTAGLDPKG	RKELMTLFPK	LHKKGMTIVL
msa238553.2{401_M732}	MRRVAIAGIL	AMEPKVLVLD	EPTAGLDPKG	RKELMTLFPK	LHKKGMTIVL
msa238553.2{401_M781}	MRRVAIAGIL	AMEPKVLVLD	EPTAGLDPKG	RKELMTLFPK	LHKKGMTIVL
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
	201				250
msa238553.2{401_090}	VTHLMDDVAD	YADYVYVLEA	GKVTLSGQPK	QIFQEVLEL	SKQLGVPKIT
msa238553.2{401_1169NT}	VTHLMDDVAD	YADYVYVLEA	GKVTLSGQPK	QIFQEVLEL	SKQLGVPKIT
msa238553.2{401_18RS21}	VTHLMDDVAD	YADYVYVLEA	GKVTLSGQPK	QIFQEVLEL	SKQLGVPKIT
msa238553.2{401_2603}	VTHLMDDVAD	YADYVYVLEA	GKVTLSGQPK	QIFQEVLEL	SKQLGVPKIT
msa238553.2{401_CJB110}	VTHLMDDVAD	YADYVYVLEA	GKVTLSGQPK	QIFQEVLEL	SKQLGVPKIT
msa238553.2{401_H36B}	VTHLMDDVAD	YADYVYVLEA	GKVTLSGQPK	QIFQEVLEL	SKQLGVPKIT
msa238553.2{401_JM9130013}	VTHLMDDVAD	YADYVYVLEA	GKVTLSGQPK	QIFQEVLEL	SKQLGVPKIT
msa238553.2{401_COH1}	VTHLMDDVAD	YADYVYVLEA	GKVTLSGQPK	QIFQEVLEL	SKQLGVPKIT
msa238553.2{401_M732}	VTHLMDDVAD	YADYVYVLEA	GKVTLSGQPK	QIFQEVLEL	SKQLGVPKIT
msa238553.2{401_M781}	VTHLMDDVAD	YADYVYVLEA	GKVTLSGQPK	QIFQEVLEL	SKQLGVPKIT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
	251				280
msa238553.2{401_090}	KFAQRLSHKG	LNLPSLPITI	NEFVEAIKHG		
msa238553.2{401_1169NT}	KFAQRLSHKG	LNLPSLPITI	NEFVEAIKHG		
msa238553.2{401_18RS21}	KFAQRLSHKG	LNLPSLPITI	NEFVEAIKHG		
msa238553.2{401_2603}	KFAQRLSHKG	LNLPSLPITI	NEFVEAIKHG		
msa238553.2{401_CJB110}	KFAQRLSHKG	LNLPSLPITI	NEFVEAIKHG		
msa238553.2{401_H36B}	KFAQRLSHKG	LNLPSLPITI	NEFVEAIKHG		
msa238553.2{401_JM9130013}	KFAQRLSHKG	LNLPSLPITI	NEFVEAIKHG		
msa238553.2{401_COH1}	KFAQRLSHKG	LNLPSLPITI	NEFVEAIKHG		
msa238553.2{401_M732}	KFAQRLSHKG	LNLPSLPITI	NEFVEAIKHG		
msa238553.2{401_M781}	KFAQRLSHKG	LNLPSLPITI	NEFVEAIKHG		
Consensus	*****	*****	*****		

Table 80: Comparative Sequences relating to SAG1266

## SEQ ID NO. 8001

## STRAIN 2603

GTGAACCACTTACTTAACCTCAGTAAAGAAAATATAGCTAAAATAGATTTTGACTTTCTT  
 AATGAGGCACCTTAATGCAAAATATTCGTTTGAAAGAATTAGTAGATGAACATAAAATTTCA  
 AAAGAAGTGGACAGTAAAGGTTGGTCCAAAAAGACTCTCGAACGATAAAAATCTTGTTAC  
 GATGGCCTTATCAATAAACATATAGTTTCCCTAGATCGTGCAGATTATAACATTATCCAA  
 GTCAATCCATTGCTAAATGTACATGTACTACTGTTTTTAATACCAGAAAGGAGAAATCTT  
 AAAAATTATAGAAATATACAACTACAGTGATTATGAAATGGAGTTAATCAATGAGGATAGG  
 CAACAATTTTCAAAATATGAAACAGTTGATTAGACCAATTGATACCTTGTGATATTTTT  
 AATATTGATGACTACATTTCATCATATTTAACAATA

## SEQ ID NO. 8002

## STRAIN H36B

AACCACTTACTTAACCTCAGTAAAGAAAATATAGCT  
 AAAATAGATTITGACTTTCTTAATGAGGCACCTTAATGCAAAATATTCGTTT  
 GAAAGAATTAGTAGATGAACATAAAATTTCAAAGAAGCTGGACAGTAAAG  
 GTTGGTCCAAAAAGACTCTCGAACGATAAAAATCTTGACGATGGCCTT  
 ATCAATAACATATAGTTTCCCTAGATCGTGCAGATTATAACATTATCCA  
 AGTCATTCCATTTGCTAATGTACATGTACTACTGTTTTTAATACCAGAAA  
 GGGAGAATTCTAAAAATTATAGAAATATACAACTACAGTGATTATGAAATG  
 GAGTTAATCAATGAGGATAGGCAACAATTTTCAAAATATGAAACAGTTGA  
 TTTAGACCAATTGATACCTTGTGATATTTTTAATATTGATGACTACATTT  
 CATCATATTTAACAATA

## SEQ ID NO. 8003

## STRAIN 18RS21

AACCACTTACTTAACCTCAGTAAAGAAAATATAG  
 CTAAAATAGATTTTGACTTTCTTAATGAGGCACCTTAATGCAAAATATTCGTT  
 TTGAAAGAATTAGTAGATGAACATAAAATTTCAAAGAAGCTGGACAGTAA  
 AGGTTGGTCCAAAAAGACTCTCGAACGATAAAAATCTTGACGATGGCC  
 TTATCAATAACATATAGTTTCCCTAGATCGTGCAGATTATAACATTATC  
 CAAGTCATTCCATTTGCTAATGTACATGTACTACTGTTTTTAATACCAGA  
 AAGGAGAATTCTAAAAATTATAGAAATATACAACTACAGTGATTATGAAA  
 TGAGTTAATCAATGAGGATAGGCAACAATTTTCAAAATATGAAACAGTT  
 GATTAGACCAATTGATACCTTGTGATATTTTTAATATTGATGACTACAT  
 TTCATCATATTTAACAATA

PRETTY of: /biotmp/msa49308.2{\*} February 19, 2003 07:45 ..

msa49308.2{408_18RS21}	1	---	AACCACT	TACTTAACCT	CAGTAAAGAA	AATATAGCTA	AAATAGATT	50
msa49308.2{408_2603}			gtgAACCACT	TACTTAACCT	CAGTAAAGAA	AATATAGCTA	AAATAGATT	
msa49308.2{408_H36B}			---	AACCACT	TACTTAACCT	CAGTAAAGAA	AATATAGCTA	AAATAGATT
Consensus			*****	*****	*****	*****	*****	
msa49308.2{408_18RS21}	51		TGACTTTCTT	AATGAGGCAC	TTAATGCAAA	TATTCGTTTG	AAAGAATTAG	100
msa49308.2{408_2603}			TGACTTTCTT	AATGAGGCAC	TTAATGCAAA	TATTCGTTTG	AAAGAATTAG	
msa49308.2{408_H36B}			TGACTTTCTT	AATGAGGCAC	TTAATGCAAA	TATTCGTTTG	AAAGAATTAG	
Consensus			*****	*****	*****	*****	*****	
msa49308.2{408_18RS21}	101		TAGATGAAC	AAAAATTCA	AAAGAAGTGG	ACAGTAAAGG	TTGGTCCAAA	150
msa49308.2{408_2603}			TAGATGAAC	AAAAATTCA	AAAGAAGTGG	ACAGTAAAGG	TTGGTCCAAA	
msa49308.2{408_H36B}			TAGATGAAC	AAAAATTCA	AAAGAAGTGG	ACAGTAAAGG	TTGGTCCAAA	
Consensus			*****	*****	*****	*****	*****	
msa49308.2{408_18RS21}	151		AAAGACTCTC	GAACGATAAA	AATCTTGATC	GATGGCCTTA	TCAATAAACA	200
msa49308.2{408_2603}			AAAGACTCTC	GAACGATAAA	AATCTTGATC	GATGGCCTTA	TCAATAAACA	
msa49308.2{408_H36B}			AAAGACTCTC	GAACGATAAA	AATCTTGATC	GATGGCCTTA	TCAATAAACA	
Consensus			*****	*****	*****	*****	*****	
msa49308.2{408_18RS21}	201		TATAGTTTCC	CTAGATCGTG	CAGATTATAA	CATTATCCAA	GTCATTCCAT	250
msa49308.2{408_2603}			TATAGTTTCC	CTAGATCGTG	CAGATTATAA	CATTATCCAA	GTCATTCCAT	
msa49308.2{408_H36B}			TATAGTTTCC	CTAGATCGTG	CAGATTATAA	CATTATCCAA	GTCATTCCAT	
Consensus			*****	*****	*****	*****	*****	
msa49308.2{408_18RS21}	251		TTGCTAATGT	ACATGTACTA	CTGTTTTTAA	TACCAGAAAG	GGAGAATTCT	300
msa49308.2{408_2603}			TTGCTAATGT	ACATGTACTA	CTGTTTTTAA	TACCAGAAAG	GGAGAATTCT	
msa49308.2{408_H36B}			TTGCTAATGT	ACATGTACTA	CTGTTTTTAA	TACCAGAAAG	GGAGAATTCT	
Consensus			*****	*****	*****	*****	*****	
msa49308.2{408_18RS21}	301		AAAAATTATA	GAATATACAA	CTACAGTGAT	TATGAAATGG	AGTTAATCAA	350
msa49308.2{408_2603}			AAAAATTATA	GAATATACAA	CTACAGTGAT	TATGAAATGG	AGTTAATCAA	
msa49308.2{408_H36B}			AAAAATTATA	GAATATACAA	CTACAGTGAT	TATGAAATGG	AGTTAATCAA	
Consensus			*****	*****	*****	*****	*****	

Table 80: Comparative Sequences relating to SAG1266

```

msa49308.2{408_18RS21} 351                                     400
msa49308.2{408_2603}   TGAGGATAGG CAACAATTTT CAAAATATGA AACAGTTGAT TTAGACCAAT
msa49308.2{408_H36B}   TGAGGATAGG CAACAATTTT CAAAATATGA AACAGTTGAT TTAGACCAAT
Consensus               *****
msa49308.2{408_18RS21} 401                                     450
msa49308.2{408_2603}   TGATACTTGT TGATATTTT AATATTGATG ACTACATTTC ATCATATTTA
msa49308.2{408_H36B}   TGATACTTGT TGATATTTT AATATTGATG ACTACATTTC ATCATATTTA
Consensus               *****
msa49308.2{408_18RS21} 451
msa49308.2{408_2603}   ACAATA
msa49308.2{408_H36B}   ACAATA
Consensus               *****

```

SEQ ID NO. 8004

STRAIN 2603 frame: 1

VNHLNLSKENIAKIDFDLNEALNANIRLKELVDELKISKELDSKGWSKKDSRTIKILY  
 DGLINKHIVSLDRADYNIQVIPFANVHVLFLIPERENSKNYRIYNYSYEMELINEDR  
 QFSKYETVDLDQLILVDIFNIDDIYSSYLT

SEQ ID NO. 8005

STRAIN H36B frame: 1

NHLLNLSKENIAKIDFDLNEALNANIRLKELVDELKISKELDSKGWSKKDSRTIKILYD  
 GLINKHIVSLDRADYNIQVIPFANVHVLFLIPERENSKNYRIYNYSYEMELINEDRQ  
 QFSKYETVDLDQLILVDIFNIDDIYSSYLT

SEQ ID NO. 8006

STRAIN 18RS21 frame: 1

NHLLNLSKENIAKIDFDLNEALNANIRLKELVDELKISKELDSKGWSKKDSRTIKILYD  
 GLINKHIVSLDRADYNIQVIPFANVHVLFLIPERENSKNYRIYNYSYEMELINEDRQ  
 QFSKYETVDLDQLILVDIFNIDDIYSSYLT

PRETTY of: /biotmp/msa49418.2{\*} February 19, 2003 07:47 ..

```

msa49418.2{408_18RS21} 1                                     50
msa49418.2{408_2603}   -NHLLNLSKE NIAKIDFDL NEALNANIRL KELVDELKIS KELDSKGWSK
msa49418.2{408_H36B}   -NHLLNLSKE NIAKIDFDL NEALNANIRL KELVDELKIS KELDSKGWSK
Consensus               *****
msa49418.2{408_18RS21} 51                                     100
msa49418.2{408_2603}   KDSRTIKILY DGLINKHIVS LDRADYNIQ VIPFANVHVL LFLIPERENS
msa49418.2{408_H36B}   KDSRTIKILY DGLINKHIVS LDRADYNIQ VIPFANVHVL LFLIPERENS
Consensus               *****
msa49418.2{408_18RS21} 101                                    150
msa49418.2{408_2603}   KNYRIYNYS YEMELINEDR QFSKYETVD LDQLILVDIF NIDDIYSSYL
msa49418.2{408_H36B}   KNYRIYNYS YEMELINEDR QFSKYETVD LDQLILVDIF NIDDIYSSYL
Consensus               *****
msa49418.2{408_18RS21} 151
msa49418.2{408_2603}   TI
msa49418.2{408_H36B}   TI
Consensus               **

```

Table 81: Comparative Sequences relating to SAG0011

SEQ ID NO. 8101

STRAIN 090

AGCAAGCCTAATGTTGTTTCAGTTAAA  
 TAATCAATATATTAACGATGAGAATCTAAAAAACGTTACGAAGCTGAGG  
 AGTTACGCCGAAAAAATCGTTTAATGGGTTGGGTTCTTATTTTGTCTATG  
 CTTTATTTATTTTACCCACTTATAATTTAGTTAAGAGTTACAGAAGCTTT  
 ACAAGAAGCTCGTCAAGAAGTTGTAAAATTAACGAAGACTATCAGACAT  
 TAACATAAGAACTGAGAACCAGAAGTTGCTAGCAAAACAACATAAAAAAT  
 CCAGATTACGTTCAAAAAATATGCTCGAGCTAAGTATTATTTCTCTAAGAC  
 CGCGGAAATGATTACCCATTACCAGACCTTTTACCAAAA

SEQ ID NO. 8102

STRAIN A909

AGCAAGCCTAATGTTGTTTCAGTTAAATAATCAATA  
 TATTAACGATGAGAATCTAAAAAACGTTACGAAGCTGAGGAGTTACGCCGAAAAAATCG  
 TTTAATGGGTTGGGTTCTTATTTTGTCTATGCTtttTATTTATTTTACCCACTTATAATTT  
 AGTTAAGAGTTACAGAAGCTTTACAGAAGCTCGTCAAGAAGTTGTAAAATTAACGAAGA  
 CTATCAGACATTAACTAATAGAAGCTGAGAACCAGAAGTTACTAGCAAAACAACATAAAAAAT  
 TCCAGATTACGTTCAAAAAATATGCTCGAGCTAAGTATTATTTCTCTAAGACCGGCGAAAT  
 GATTTACCCATTACCAGACCT

SEQ ID NO. 8103

STRAIN H36B

AGCAAGCCTAATGTTGTTTCAGTTAAA  
 TAATCAATATATTAACGATGAGAATCTAAAAAACGTTACGAAGCTGAGG  
 AGTTACGCCGAAAAAATCGTTTAATGGGTTGGGTTCTTATTTTGTCTATG  
 CTTTATTTATTTTACCCACTTATAATTTAGTTAAGAGTTACAGAAGCTTT  
 ACAAGAAGCTCGTCAAGAAGTTGTAAAATTAACGAAGACTATCAGACAT  
 TAACATAAGAACTGAGAACCAGAAGTTACTAGCAAAACAACATAAAAAAT  
 CCAGATTACGTTCAAAAAATATGCTCGAGCTAAGTATTATTTCTCTAAGAC  
 CGCGGAAATGATTACCCATTACCAGACCTTTTACCAAAA

SEQ ID NO. 8104

STRAIN 18RS21

AGCAAGCCTAATGTTGTTTCAGTTAAATAATCAATATATTAACGATGAGAATCTAAAAA  
 CGTTACGAAGCTGAGGAGTTACGCCGAAAAAATCGTTTAATGGGTTGGGTTCTTATTTT  
 GTCTATGCTTTTATTTATTTTACCCACTTATAATTTAGTTAAGAGTTACAGAAGCTTTACAA  
 GAACGTCGTCAAGAAGTTGTAAAATTAACGAAGACTATCAGACATTAACTAATAGAAGT  
 GAGAACCAGAAGTTGCTAGCAAAACAACATAAAAAATCCAGATTACGTTCAAAAAATATGCT  
 CGAGCTAAGTATTATTTCTCTAAGACCGGCGAAATGATTACCCATTACCAGACCTTTTA  
 CCAAAA

SEQ ID NO. 8105

STRAIN M732

AGCAAGCCTAATGTTGTTTCAGTTAAA  
 TAATCAATATATTAACGATGAGAATCTAAAAAACGTTACGAAGCTGAGG  
 AGTTACGCCGAAAAAATCGTTTAATGGGTTGGGTTCTTATTTTGTCTATG  
 CTTTATTTATTTTACCCACTTATAATTTAGTTAAGAGTTACAGAAGCTTT  
 ACAAGAAGCTCGTCAAGAAGTTGTAAAATTAACGAAGACTATCAGACAT  
 TAACATAAGAACTGAGAACCAGAAGTTACTAGCAAAACAACATAAAAAAT  
 CCAGATTACGTTCAAAAAATATGCTCGAGCGAAGTATTATTTCTCTAAGAC  
 CGCGGAAATGATTACCCATTACCAGACCTTTTACCAAAA

SEQ ID NO. 8106

STRAIN COH1

AGCAAGCCTAATGTTGTTTCAGTTAAATAATC  
 AATATATTAACGATGAGAATCTAAAAAACGTTACGAAGCTGAGGAGTTA  
 CGCCGAAAAAATCGTTTAATGGGTTGGGTTCTTATTTTGTCTATGCTttt  
 ATTTATTTTACCCACTTATAATTTAGTTAAGAGTTACAGAAGCTTTACAAG  
 AACGTCGTCAAGAAGTTGTAAAATTAACGAAGACTATCAGACATTAACT  
 AATAGAAGCTGAGAACCAGAAGTTACTAGCAAAACAACATAAAAAATCCAGA  
 TTACGTTCAAAAAATATGCTCGAGCGAAGTATTATTTCTCTAAGACCGGCG  
 AAATGATTTACCCATTACCAGACCTTTTACCAAAA

SEQ ID NO. 8107

STRAIN M781

AGCAAGCCTAATGTTGTTTCAGTT  
 AAATAATCAATATATTAACGATGAGAATCTAAAAAACGTTACGAAGCTG  
 AGGAGTTACGCCGAAAAAATCGTTTAATGGGTTGGGTTCTTATTTTGTCT  
 ATGCTTTTATTTTATTTTACCCACTTATAATTTAGTTAAGAGTTACAGAAG  
 TTTACAGAAGCTCGTCAAGAAGTTGTAAAATTAACGAAGACTATCAGACAT  
 CATTAACTAATAGAAGCTGAGAACCAGAAGTTACTAGCAAAACAACATAAAA  
 AATCCAGATTACGTTCAAAAAATATGCTCGAGCGAAGTATTATTTCTCTAA  
 GACCGCGAAATGATTTACCCATTACCAGACCTTTTACCAAAA

SEQ ID NO. 8108

STRAIN CJB110

AGCAAGCCTAATGTTGTTTCAGTTAAATAATC  
 AATATATTAACGATGAGAATCTAAAAAACGTTACGAAGCTGAGGAGTTA  
 CGCCGAAAAAATCGTTTAATGGGTTGGGTTCTTATTTTGTCTATGCTttt  
 ATTTATTTTACCCACTTATAATTTAGTTAAGAGTTACAGAAGCTTTACAAG



Table 81: Comparative Sequences relating to SAG0011

AACGTCGTCAAGAAGTTGTAAAATTAAACGAAAGACTATCAGACATTAACT  
AATAGAACTGAGAACCAAGAAGTTGCTAGCAAAACAACAAAAATCCAGA  
TTACGTTCAAAAATATGCTCGAGCTAAGTATTATTCTCTAAGACCGGCG  
AAATGATTTACCCATTACCAGACCTTTTACCAAAA

SEQ ID NO. 8109

STRAIN 1169NT

AGCAAGCCTAATGTTGTTCAGTTAAA

TAATCAATATATTAACGATGAGAATCTAAAAAACGTTACGAAGCTGAGG  
AGTTACGCCGAAAAAATCGTTTAAATGGGTGGGTTCTTATTTTGTCTATG  
CTTTTATTTATTTTACCCACTTATAATTTAGTTAAGAGTTACAGAACCTT  
ACAAGAAGCTGCTCAAGAAGTTGTAAAATTAAACGAAAGACTATCAGACAT  
TAATAATAGAACTGAGAACCAAGAAGTTACTAGCAAAACAACAAAAAT  
CCAGATTACGTTCAAAAATATGCTCGAGCTAAGTATTATTCTCTAAGAC  
CGCGAAATGATTTACCCATTACCAGACCTTTTACCAAAA

SEQ ID NO. 8110

STRAIN JM9130013

AGCAAGCCTAATGTTGTTCAGTTAAA

TAATCAATATATTAACGATGAGAATCTAAAAAACGTTACGAAGCTGAGG  
AGTTACGCCGAAAAAATCGTTTAAATGGGTGGGTTCTTATTTTGTCTATG  
CTTTTATTTATTTTACCCACTTATAATTTAGTTAAGAGTTACAGAACCTT  
ACAAGAAGCTGCTCAAGAAGTTGTAAAATTAAACGAAAGACTATCAGACAT  
TAATAATAGAACTGAGAACCAAGAAGTTACTAGCAAAACAACAAAAAT  
CCAGATTACGTTCAAAAATATGCTCGAGCTAAGTATTATTCTCTAAGAC  
TGGCGAAATGATTTACCCATTACCAGACCTTTTACCAAAA

SEQ ID NO. 8111

STRAIN 2603

agcaagcctaagtgtgttcagtttaataatcaatatattaacgatgagaa  
tctaaaaaacgttacgaagctgaggagttacgccgaaaaaatcgtttaa  
tgggttgggttcttatttttgcagctgttttatttttaccacttat  
aaattagtttaagagttacagaactttacaagaagctcgtaagaagttgt  
aaaattaacgaaagactatcagacattaactaatagaactgagaaccaga  
agttgctagcaaaacaactaaaaatccagattacgttcaaaaatagct  
cgagctaagtattatttcttaagaccggcgaaatgatttaccattacc  
agaccttttaccaaaa

PRETTY of: /biotmp/msa25643.2{\*} . April 29, 2002 05:59 ..

	1		50
msa25643.2{418_COH1}	AGCAAGCCTA	ATGTTGTTCA	GTTAAATAAT CAATATATTA ACGATGAGAA
msa25643.2{418_M732}	AGCAAGCCTA	ATGTTGTTCA	GTTAAATAAT CAATATATTA ACGATGAGAA
msa25643.2{418_M781}	AGCAAGCCTA	ATGTTGTTCA	GTTAAATAAT CAATATATTA ACGATGAGAA
msa25643.2{418_JM9130013}	AGCAAGCCTA	ATGTTGTTCA	GTTAAATAAT CAATATATTA ACGATGAGAA
msa25643.2{418_090}	AGCAAGCCTA	ATGTTGTTCA	GTTAAATAAT CAATATATTA ACGATGAGAA
msa25643.2{418_18R521}	AGCAAGCCTA	ATGTTGTTCA	GTTAAATAAT CAATATATTA ACGATGAGAA
msa25643.2{418_2603}	AGCAAGCCTA	ATGTTGTTCA	GTTAAATAAT CAATATATTA ACGATGAGAA
msa25643.2{418_CJB110}	AGCAAGCCTA	ATGTTGTTCA	GTTAAATAAT CAATATATTA ACGATGAGAA
msa25643.2{418_1169NT}	AGCAAGCCTA	ATGTTGTTCA	GTTAAATAAT CAATATATTA ACGATGAGAA
msa25643.2{418_A909}	AGCAAGCCTA	ATGTTGTTCA	GTTAAATAAT CAATATATTA ACGATGAGAA
msa25643.2{418_H36B}	AGCAAGCCTA	ATGTTGTTCA	GTTAAATAAT CAATATATTA ACGATGAGAA
Consensus	*****	*****	*****

	51		100
msa25643.2{418_COH1}	TCTAAAAAAA	CGTTACGAAG	CTGAGGAGTT ACGCCGAAAA AATCGTTTAA
msa25643.2{418_M732}	TCTAAAAAAA	CGTTACGAAG	CTGAGGAGTT ACGCCGAAAA AATCGTTTAA
msa25643.2{418_M781}	TCTAAAAAAA	CGTTACGAAG	CTGAGGAGTT ACGCCGAAAA AATCGTTTAA
msa25643.2{418_JM9130013}	TCTAAAAAAA	CGTTACGAAG	CTGAGGAGTT ACGCCGAAAA AATCGTTTAA
msa25643.2{418_090}	TCTAAAAAAA	CGTTACGAAG	CTGAGGAGTT ACGCCGAAAA AATCGTTTAA
msa25643.2{418_18R521}	TCTAAAAAAA	CGTTACGAAG	CTGAGGAGTT ACGCCGAAAA AATCGTTTAA
msa25643.2{418_2603}	TCTAAAAAAA	CGTTACGAAG	CTGAGGAGTT ACGCCGAAAA AATCGTTTAA
msa25643.2{418_CJB110}	TCTAAAAAAA	CGTTACGAAG	CTGAGGAGTT ACGCCGAAAA AATCGTTTAA
msa25643.2{418_1169NT}	TCTAAAAAAA	CGTTACGAAG	CTGAGGAGTT ACGCCGAAAA AATCGTTTAA
msa25643.2{418_A909}	TCTAAAAAAA	CGTTACGAAG	CTGAGGAGTT ACGCCGAAAA AATCGTTTAA
msa25643.2{418_H36B}	TCTAAAAAAA	CGTTACGAAG	CTGAGGAGTT ACGCCGAAAA AATCGTTTAA
Consensus	*****	*****	*****

	101		150
msa25643.2{418_COH1}	TGGGTTGGGT	TCTTATTTT	GTCATGCTTT TATTTATTTT ACCCACTTAT
msa25643.2{418_M732}	TGGGTTGGGT	TCTTATTTT	GTCATGCTTT TATTTATTTT ACCCACTTAT
msa25643.2{418_M781}	TGGGTTGGGT	TCTTATTTT	GTCATGCTTT TATTTATTTT ACCCACTTAT
msa25643.2{418_JM9130013}	TGGGTTGGGT	TCTTATTTT	GTCATGCTTT TATTTATTTT ACCCACTTAT
msa25643.2{418_090}	TGGGTTGGGT	TCTTATTTT	GTCATGCTTT TATTTATTTT ACCCACTTAT
msa25643.2{418_18R521}	TGGGTTGGGT	TCTTATTTT	GTCATGCTTT TATTTATTTT ACCCACTTAT
msa25643.2{418_2603}	TGGGTTGGGT	TCTTATTTT	GTCATGCTTT TATTTATTTT ACCCACTTAT
msa25643.2{418_CJB110}	TGGGTTGGGT	TCTTATTTT	GTCATGCTTT TATTTATTTT ACCCACTTAT
msa25643.2{418_1169NT}	TGGGTTGGGT	TCTTATTTT	GTCATGCTTT TATTTATTTT ACCCACTTAT
msa25643.2{418_A909}	TGGGTTGGGT	TCTTATTTT	GTCATGCTTT TATTTATTTT ACCCACTTAT
msa25643.2{418_H36B}	TGGGTTGGGT	TCTTATTTT	GTCATGCTTT TATTTATTTT ACCCACTTAT
Consensus	*****	*****	*****

Table 81: Comparative Sequences relating to SAG0011

msa25643.2{418_COH1}	msa25643.2{418_M732}	msa25643.2{418_M781}	msa25643.2{418_JM9130013}	msa25643.2{418_090}	msa25643.2{418_18RS21}	msa25643.2{418_2603}	msa25643.2{418_CJB110}	msa25643.2{418_1169NT}	msa25643.2{418_A909}	msa25643.2{418_H36B}	Consensus	151	AATTTAGTTA	AGAGTTACAG	AACTTTACAA	GAACGTCGTC	AAGAAGTTGT	200
msa25643.2{418_COH1}	msa25643.2{418_M732}	msa25643.2{418_M781}	msa25643.2{418_JM9130013}	msa25643.2{418_090}	msa25643.2{418_18RS21}	msa25643.2{418_2603}	msa25643.2{418_CJB110}	msa25643.2{418_1169NT}	msa25643.2{418_A909}	msa25643.2{418_H36B}	Consensus	201	AAAATTAACG	AAAGACTATC	AGACATTAAC	TAATAGAAGT	GAGAACCAGA	250
msa25643.2{418_COH1}	msa25643.2{418_M732}	msa25643.2{418_M781}	msa25643.2{418_JM9130013}	msa25643.2{418_090}	msa25643.2{418_18RS21}	msa25643.2{418_2603}	msa25643.2{418_CJB110}	msa25643.2{418_1169NT}	msa25643.2{418_A909}	msa25643.2{418_H36B}	Consensus	251	AGTTaCTAGC	AAAACAAC	AAAAATCCAG	ATTACGTTCA	AAAATATGCT	300
msa25643.2{418_COH1}	msa25643.2{418_M732}	msa25643.2{418_M781}	msa25643.2{418_JM9130013}	msa25643.2{418_090}	msa25643.2{418_18RS21}	msa25643.2{418_2603}	msa25643.2{418_CJB110}	msa25643.2{418_1169NT}	msa25643.2{418_A909}	msa25643.2{418_H36B}	Consensus	301	CGAGCgAAGT	ATTATTTCTC	TAAGACcGGC	GAAATGATTT	ACCCATTACC	350
msa25643.2{418_COH1}	msa25643.2{418_M732}	msa25643.2{418_M781}	msa25643.2{418_JM9130013}	msa25643.2{418_090}	msa25643.2{418_18RS21}	msa25643.2{418_2603}	msa25643.2{418_CJB110}	msa25643.2{418_1169NT}	msa25643.2{418_A909}	msa25643.2{418_H36B}	Consensus	351	AGACCTttta	ccaaaa				366

SEQ ID NO. 8112

STRAIN 090

SKPNVVQLNNQYINDENLKKRYEAEELRRKNRLMGWVLI FVMLLPILPTYNL  
VKSXYRTLQERRQEVVVLTKDYQTLNRTENQKLLAKQLKNPDYVQKYARAKYFSSKTGEM  
IYPLPDLLPK

SEQ ID NO. 8113

STRAIN A909

SKPNVVQLNNQYINDENLKKRYEAEELRRKNRLMGWVLI FVMLLPILPTYNL  
VKSXYRTLQERRQEVVVLTKDYQTLNRTENQKLLAKQLKNPDYVQKYARAKYFSSKTGEM

Table 81: Comparative Sequences relating to SAG0011

IYPLPD

SEQ ID NO. 8114

STRAIN H36B

SKPNVVQLNNQYINDENLKKRYEAEELRRKNRLMGWVLI FVMLLFILPTYNL  
 VKSYRTLQERRQEVVVKLT KDYQTLTNRTENQKLLAKQLKNPDYVQKYARAKYYFSKTGEM  
 IYPLDLLPK

SEQ ID NO. 8115

STRAIN 18RS21

SKPNVVQLNNQYINDENLKKRYEAEELRRKNRLMGWVLI FVMLLFILPTYNLVKSYRTLQ  
 ERRQEVVVKLT KDYQTLTNRTENQKLLAKQLKNPDYVQKYARAKYYFSKTGEM IYPLDLL  
 PK

SEQ ID NO. 8116

STRAIN M732

SKPNVVQLNNQYINDENLKKRYEAEELRRKNRLMGWVLI FVMLLFILPTYNL  
 VKSYRTLQERRQEVVVKLT KDYQTLTNRTENQKLLAKQLKNPDYVQKYARAKYYFSKTGEM  
 IYPLDLLPK

SEQ ID NO. 8117

STRAIN COH1

SKPNVVQLNNQYINDENLKKRYEAEELRRKNRLMGWVLI FVMLLFILPTYNLVK  
 SYRTLQERRQEVVVKLT KDYQTLTNRTENQKLLAKQLKNPDYVQKYARAKYYFSKTGEM IY  
 PLDLLPK

SEQ ID NO. 8118

STRAIN M781

SKPNVVQLNNQYINDENLKKRYEAEELRRKNRLMGWVLI FVMLLFILPTYN  
 LVKSYRTLQERRQEVVVKLT KDYQTLTNRTENQKLLAKQLKNPDYVQKYARAKYYFSKTGE  
 MIYPLDLLPK

SEQ ID NO. 8119

STRAIN CJB110

SKPNVVQLNNQYINDENLKKRYEAEELRRKNRLMGWVLI FVMLLFILPTYNLVK  
 SYRTLQERRQEVVVKLT KDYQTLTNRTENQKLLAKQLKNPDYVQKYARAKYYFSKTGEM IY  
 PLDLLPK

SEQ ID NO. 8120

STRAIN 1169NT

SKPNVVQLNNQYINDENLKKRYEAEELRRKNRLMGWVLI FVMLLFILPTYNL  
 VKSYRTLQERRQEVVVKLT KDYQTLTNRTENQKLLAKQLKNPDYVQKYARAKYYFSKTGEM  
 IYPLDLLPK

SEQ ID NO. 8121

STRAIN JM9130013

SKPNVVQLNNQYINDENLKKRYEAEELRRKNRLMGWVLI FVMLLFILPTYNL  
 VKSYRTLQERRQEVVVKLT KDYQTLTNRTENQKLLAKQLKNPDYVQKYARAKYYFSKTGEM  
 IYPLDLLPK

SEQ ID NO. 8122

STRAIN 2603

SKPNVVQLNNQYINDENLKKRYEAEELRRKNRLMGWVLI FVMLLFILPTYNLVKSYRTLQ  
 ERRQEVVVKLT KDYQTLTNRTENQKLLAKQLKNPDYVQKYARAKYYFSKTGEM IYPLDLL  
 PK

MSA Alignment Results: Pretty output

PRETTY of: /biotmp/msa20122.2{\*} April 29, 2002 06:08 ..

	1		50
msa20122.2{418_090}	SKPNVVQLNN	QYINDENLKK RYAEELRRK NRLMGWVLI FVMLLFILPTY	
msa20122.2{418_A909}	SKPNVVQLNN	QYINDENLKK RYAEELRRK NRLMGWVLI FVMLLFILPTY	
msa20122.2{418_1169NT}	SKPNVVQLNN	QYINDENLKK RYAEELRRK NRLMGWVLI FVMLLFILPTY	
msa20122.2{418_18RS21}	SKPNVVQLNN	QYINDENLKK RYAEELRRK NRLMGWVLI FVMLLFILPTY	
msa20122.2{418_2603}	SKPNVVQLNN	QYINDENLKK RYAEELRRK NRLMGWVLI FVMLLFILPTY	
msa20122.2{418_CJB110}	SKPNVVQLNN	QYINDENLKK RYAEELRRK NRLMGWVLI FVMLLFILPTY	
msa20122.2{418_COH1}	SKPNVVQLNN	QYINDENLKK RYAEELRRK NRLMGWVLI FVMLLFILPTY	
msa20122.2{418_H36B}	SKPNVVQLNN	QYINDENLKK RYAEELRRK NRLMGWVLI FVMLLFILPTY	
msa20122.2{418_JM9130013}	SKPNVVQLNN	QYINDENLKK RYAEELRRK NRLMGWVLI FVMLLFILPTY	
msa20122.2{418_M732}	SKPNVVQLNN	QYINDENLKK RYAEELRRK NRLMGWVLI FVMLLFILPTY	
msa20122.2{418_M781}	SKPNVVQLNN	QYINDENLKK RYAEELRRK NRLMGWVLI FVMLLFILPTY	
Consensus	*****	*****	*****
	51		100
msa20122.2{418_090}	NLVKSRYRTLQ	ERRQEVVVKLT KDYQTLTNRT ENQKLLAKQL KNPDYVQKYA	
msa20122.2{418_A909}	NLVKSRYRTLQ	ERRQEVVVKLT KDYQTLTNRT ENQKLLAKQL KNPDYVQKYA	

Table 81: Comparative Sequences relating to SAG0011

msa20122.2{418_1169NT}	NLVKSRYRTLQ	ERRQEVVKLT	KDYQTLTNRT	ENQKLLAKQL	KNPDYVQKYA
msa20122.2{418_18RS21}	NLVKSRYRTLQ	ERRQEVVKLT	KDYQTLTNRT	ENQKLLAKQL	KNPDYVQKYA
msa20122.2{418_2603}	NLVKSRYRTLQ	ERRQEVVKLT	KDYQTLTNRT	ENQKLLAKQL	KNPDYVQKYA
msa20122.2{418_CJB110}	NLVKSRYRTLQ	ERRQEVVKLT	KDYQTLTNRT	ENQKLLAKQL	KNPDYVQKYA
msa20122.2{418_COH1}	NLVKSRYRTLQ	ERRQEVVKLT	KDYQTLTNRT	ENQKLLAKQL	KNPDYVQKYA
msa20122.2{418_H36B}	NLVKSRYRTLQ	ERRQEVVKLT	KDYQTLTNRT	ENQKLLAKQL	KNPDYVQKYA
msa20122.2{418_JM9130013}	NLVKSRYRTLQ	ERRQEVVKLT	KDYQTLTNRT	ENQKLLAKQL	KNPDYVQKYA
msa20122.2{418_M732}	NLVKSRYRTLQ	ERRQEVVKLT	KDYQTLTNRT	ENQKLLAKQL	KNPDYVQKYA
msa20122.2{418_M781}	NLVKSRYRTLQ	ERRQEVVKLT	KDYQTLTNRT	ENQKLLAKQL	KNPDYVQKYA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
	101		122		
msa20122.2{418_090}	RAKYFFSKTG	EMIYPLPD11	pk		
msa20122.2{418_A909}	RAKYFFSKTG	EMIYPLPD--	--		
msa20122.2{418_1169NT}	RAKYFFSKTG	EMIYPLPD11	pk		
msa20122.2{418_18RS21}	RAKYFFSKTG	EMIYPLPD11	pk		
msa20122.2{418_2603}	RAKYFFSKTG	EMIYPLPD11	pk		
msa20122.2{418_CJB110}	RAKYFFSKTG	EMIYPLPD11	pk		
msa20122.2{418_COH1}	RAKYFFSKTG	EMIYPLPD11	pk		
msa20122.2{418_H36B}	RAKYFFSKTG	EMIYPLPD11	pk		
msa20122.2{418_JM9130013}	RAKYFFSKTG	EMIYPLPD11	pk		
msa20122.2{418_M732}	RAKYFFSKTG	EMIYPLPD11	pk		
msa20122.2{418_M781}	RAKYFFSKTG	EMIYPLPD11	pk		
Consensus	*****	*****	--		

Table 82: Comparative Sequences relating to SAG0165

## SEQ ID NO. 8201

## STRAIN 2603

ATGAAAAATTATTGTTAAAAATGAAGGATAAGAAGGTTAAAGCATTTCACCTTTTAGAA  
 TGTTTGGTAGCATTGGTTACAATCAGGAGCTTTACTAGTTTATCAAGGACTGACAAAA  
 TTGTTGGCTCAACAGATAGTAGTGTCTTCTCCAGTCAGTCTGAATGGGTGTTATTA  
 ACTCAGCACTAAATGCAGAAATTTGAAGGCGCTCATCTGGAATATTTAAGACAGAACAAA  
 CTTTATTACGTAAGCAAGATAAGATTGTAACCTTTGGCAAATCTAATAAAGATGATTC  
 CGTAAGACAGGTTATGATGGTTCGAGGTTATCAACCAATGGTTTATGGGTTAGACAATTGT  
 CAAATGAGTCAGACCAAAGTATGGTAAACTTGTTTTATTTTAAAGGACGGGTTAAAA  
 AGGACATTTTACTATGATTTTAAAGAAGAACTTAA

## SEQ ID NO. 8202

## STRAIN 090

AATTTCGAAGGCGCTCACTTGGAAATATTTAAGACAGAACAACTTTATTTA  
 CGTAAGCAAGATAAGATTGTAACCTTTGGCAAATCTAATAAAGATGATTT  
 CCGTAAGACAGGTTATGATGGTTCGAGGTTATCAACCAATGGTTTATGGGT  
 TAGACAATTGTCAAATGAGTCAAACCAAAGTATGGTAAACTTGTTTT  
 TATTTTAAAGGACGGGTTAAAAAGGACATTTTACTATGATTTTAAAGAAGAA  
 AACT

## SEQ ID NO. 8203

## STRAIN A909

CAGAAATTTGAAGGCGCTCATCTGGAATATTTAAGACAGAACAACTTTAT  
 TTACGTAAGCAAGATAAGATTGTAACCTTTGGCAAATCTAATAAAGATGA  
 TTTCCGTAAGACAGGTTATGATGGTTCGAGGTTATCAACCAATGGTTTATG  
 GGTAGACAATTGTCAAATGAGTCAGACCAAAGTATGGTAAACTTGT  
 TTTTATTTTAAAGGACGGGTTAAAAAGGACATTTTACTATGATTTTAAAGA  
 AGAACT

## SEQ ID NO. 8204

## STRAIN H36B

ATGCAGAAATTTGAAGGCGCTCATCTGGAATATTTAAGACAGAACAACTTT  
 TATTTACGTAAGCAAGATAAGATTGTAACCTTTGGCAAATCTAATAAAGA  
 TGATTTCCGTAAGACAGGTTATGATGGTTCGAGGTTATCAACCAATGGTTT  
 ATGGGTTAGACAATTGTCAAATGAGTCAGACCAAAGTATGGTAAACTT  
 GTTTTATTTTAAAGGACGGGTTAAAAAGGACATTTTACTATGATTTTAA  
 AGAAGAACT

## SEQ ID NO. 8205

## STRAIN 18RS21

AGAATTTGAAGGCGCTCATCTGGAATATTTAAGACAGAACAACTTTATT  
 TACGTAAGCAAGATAAGATTGTAACCTTTGGCAAATCTAATAAAGATGAT  
 TTCCGTAAGACAGGTTATGATGGTTCGAGGTTATCAACCAATGGTTTATG  
 GTTAGACAATTGTCAAATGAGTCAGACCAAAGTATGGTAAACTTGT  
 TTTTATTTTAAAGGACGGGTTAAAAAGGACATTTTACTATGATTTTAAAGA  
 GAACT

## SEQ ID NO. 8206

## STRAIN M732

CAGAAATTCGAAGGCGCTCACTTGGAAATATTTAAGACAGAACAACTTTAT  
 TTACGTAAGCAAGATAAGATTGTAACCTTTGGCAAATCTAATAAAGATGA  
 TTTCCGTAAGACAGGTTATAATGGTTCGAGGTTATCAACCAATGGTTTATG  
 GGTAGACAATTGTCAAATGAGTCAGACCAAAGTATGGTAAACTTGT  
 TTTTATTTTAAAGGACGGGTTAAAAAGGACATTTTACTATGATTTTAAAGA  
 AGAACT

## SEQ ID NO. 8207

## STRAIN COH1

GAATTCGAAGGCGCTCACTTGGAAATATTTAAGACAGAACAACTTTATT  
 ACGTAAGCAAGATAAGATTGTAACCTTTGGCAAATCTAATAAAGATGAT  
 TCCGTAAGACAGGTTATAATGGTTCGAGGTTATCAACCAATGGTTTATGGG  
 TTAGACAATTGTCAAATGAGTCAGACCAAAGTATGGTAAACTTGT  
 TTATTTTAAAGGACGGGTTAAAAAGGACATTTTACTATGATTTTAAAGAAG  
 AACT

## SEQ ID NO. 8208

## STRAIN M781

AGAATTCGAAGGCGCTCACTTGGAAATATTTAAGACAGAACAACTTTATT  
 TACGTAAGCAAGATAAGATTGTAACCTTTGGCAAATCTAATAAAGATGAT  
 TTCCGTAAGACAGGTTATAATGGTTCGAGGTTATCAACCAATGGTTTATGG  
 GTTAGACAATTGTCAAATGAGTCAGACCAAAGTATGGTAAACTTGT  
 TTTTATTTTAAAGGACGGGTTAAAAAGGACATTTTACTATGATTTTAAAGA  
 GAACT

## SEQ ID NO. 8209

## STRAIN CJB110

GAATTCGAAGGCGCTCACTTGGAAATATTTAAGACAGAACAACTTTATT  
 ACGTAAGCAAGATAAGATTGTAACCTTTGGCAAATCTAATAAAGATGAT  
 TCCGTAAGACAGGTTATGATGGTTCGAGGTTATCAACCAATGGTTTATGGG  
 TTAGACAATTGTCAAATGAGTCAGACCAAAGTATGGTAAACTTGT  
 TTTTATTTTAAAGGACGGGTTAAAAAGGACATTTTACTATGATTTTAAAGAAG  
 AACT

Table 82: Comparative Sequences relating to SAG0165

SEQ ID NO. 8210

STRAIN 1169NT

TCGAAGGCGCTCACTTGGGAATATTTAAGACAGAACAACTTTATTACGT  
 AAGCAAGATAAGATTGTAACCTTTGGCAAATCTAATAAAGATGATTTTCG  
 TAAGACAGGTTATGATGGTCGAGGTTATCAACCAATGGTTATGGGTTAG  
 ACAATTGTCAAATGAGTCAAAACCAAAAGTATGGTAAAACCTGTTTTTTAT  
 TTTAAGGACGGGTTAAAAAGGACATTTTACTATGATTTTAAAGAAGAAC  
 T

SEQ ID NO. 8211

STRAIN JM9130013

TGCAGAAATTTGAAGGCGCTCATCTGGAATATTTAAGACAGAACAACTTT  
 ATTTACGTAAGCAAGATAAGATTGTAACCTTTGGCAAATCTAATAAAGAT  
 GATTTCCGTAAGACAGGTTATGATGGTCGAGGTTATCAACCAATGGTTA  
 TGGGTTAGACAATTTGCAAATGAGTCAGACCAAAAGTATGGTAAAACCTG  
 TTTTTATTTTAAGGACGGGTTAAAAAGGACATTTTACTATGATTTTAA  
 GAAGAACT

PRETTY of: /biotmp/msal28189.2{\*} February 7, 2003 08:19 ..

	1				50
msal28189.2{6_18RS21}	-----	-----	-----	-----	-----
msal28189.2{6_2603}	atgaaaaaatt	tattgtttaa	atgtaaggat	aagaaggtta	aagcatttac
msal28189.2{6_A909}	-----	-----	-----	-----	-----
msal28189.2{6_H36B}	-----	-----	-----	-----	-----
msal28189.2{6_JM9130013}	-----	-----	-----	-----	-----
msal28189.2{6_COH1}	-----	-----	-----	-----	-----
msal28189.2{6_M732}	-----	-----	-----	-----	-----
msal28189.2{6_M781}	-----	-----	-----	-----	-----
msal28189.2{6_090}	-----	-----	-----	-----	-----
msal28189.2{6_CJB110}	-----	-----	-----	-----	-----
msal28189.2{6_1169NT}	-----	-----	-----	-----	-----
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****

  

	51				100
msal28189.2{6_18RS21}	-----	-----	-----	-----	-----
msal28189.2{6_2603}	acttttagaa	tggttggttag	cattgggttac	aatcacagga	gctttactag
msal28189.2{6_A909}	-----	-----	-----	-----	-----
msal28189.2{6_H36B}	-----	-----	-----	-----	-----
msal28189.2{6_JM9130013}	-----	-----	-----	-----	-----
msal28189.2{6_COH1}	-----	-----	-----	-----	-----
msal28189.2{6_M732}	-----	-----	-----	-----	-----
msal28189.2{6_M781}	-----	-----	-----	-----	-----
msal28189.2{6_090}	-----	-----	-----	-----	-----
msal28189.2{6_CJB110}	-----	-----	-----	-----	-----
msal28189.2{6_1169NT}	-----	-----	-----	-----	-----
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****

  

	101				150
msal28189.2{6_18RS21}	-----	-----	-----	-----	-----
msal28189.2{6_2603}	tttatcaagg	actgacaaaa	ttgttggtctc	aacagatagt	agtgatgtct
msal28189.2{6_A909}	-----	-----	-----	-----	-----
msal28189.2{6_H36B}	-----	-----	-----	-----	-----
msal28189.2{6_JM9130013}	-----	-----	-----	-----	-----
msal28189.2{6_COH1}	-----	-----	-----	-----	-----
msal28189.2{6_M732}	-----	-----	-----	-----	-----
msal28189.2{6_M781}	-----	-----	-----	-----	-----
msal28189.2{6_090}	-----	-----	-----	-----	-----
msal28189.2{6_CJB110}	-----	-----	-----	-----	-----
msal28189.2{6_1169NT}	-----	-----	-----	-----	-----
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****

  

	151				200
msal28189.2{6_18RS21}	-----	-----	-----	-----	-----aga
msal28189.2{6_2603}	tcttccagtc	agtcctgaatg	gggtgttatta	actcagcaac	taaATGCaga
msal28189.2{6_A909}	-----	-----	-----	-----	-----Caga
msal28189.2{6_H36B}	-----	-----	-----	-----	-----ATGCaga
msal28189.2{6_JM9130013}	-----	-----	-----	-----	-----TGCaga
msal28189.2{6_COH1}	-----	-----	-----	-----	-----ga
msal28189.2{6_M732}	-----	-----	-----	-----	-----Caga
msal28189.2{6_M781}	-----	-----	-----	-----	-----aga
msal28189.2{6_090}	-----	-----	-----	-----	-----a
msal28189.2{6_CJB110}	-----	-----	-----	-----	-----ga
msal28189.2{6_1169NT}	-----	-----	-----	-----	-----
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****

  

	201				250
msal28189.2{6_18RS21}	atTtGAAGGC	GCTCAtcTGG	AATATTTAAG	ACAGAACAAA	CTTTATTTAC
msal28189.2{6_2603}	atTtGAAGGC	GCTCAtcTGG	AATATTTAAG	ACAGAACAAA	CTTTATTTAC
msal28189.2{6_A909}	atTtGAAGGC	GCTCAtcTGG	AATATTTAAG	ACAGAACAAA	CTTTATTTAC
msal28189.2{6_H36B}	atTtGAAGGC	GCTCAtcTGG	AATATTTAAG	ACAGAACAAA	CTTTATTTAC

Table 82: Comparative Sequences relating to SAG0165

msa128189.2{6 JM9130013}	atTtGAAGGC GCTCactTGG AATATTTAAG ACAGAACAAA CTTTATTTAC	
msa128189.2{6 COH1}	atTcGAAGGC GCTCactTGG AATATTTAAG ACAGAACAAA CTTTATTTAC	
msa128189.2{6 M732}	atTcGAAGGC GCTCactTGG AATATTTAAG ACAGAACAAA CTTTATTTAC	
msa128189.2{6 M781}	atTcGAAGGC GCTCactTGG AATATTTAAG ACAGAACAAA CTTTATTTAC	
msa128189.2{6 090}	atTcGAAGGC GCTCactTGG AATATTTAAG ACAGAACAAA CTTTATTTAC	
msa128189.2{6 CJB110}	atTcGAAGGC GCTCactTGG AATATTTAAG ACAGAACAAA CTTTATTTAC	
msa128189.2{6 1169NT}	--TcGAAGGC GCTCactTGG AATATTTAAG ACAGAACAAA CTTTATTTAC	
Consensus	-----*****-----*****-----*****-----*****-----	
msa128189.2{6 18RS21}	251 GTAAGCAAGA TAAGATTGTA ACCTTTGGCA AATCTAATAA AGATGATTTc	300
msa128189.2{6 2603}	GTAAGCAAGA TAAGATTGTA ACCTTTGGCA AATCTAATAA AGATGATTTc	
msa128189.2{6 A909}	GTAAGCAAGA TAAGATTGTA ACCTTTGGCA AATCTAATAA AGATGATTTc	
msa128189.2{6 H36B}	GTAAGCAAGA TAAGATTGTA ACCTTTGGCA AATCTAATAA AGATGATTTc	
msa128189.2{6 JM9130013}	GTAAGCAAGA TAAGATTGTA ACCTTTGGCA AATCTAATAA AGATGATTTc	
msa128189.2{6 COH1}	GTAAGCAAGA TAAGATTGTA ACCTTTGGCA AATCTAATAA AGATGATTTc	
msa128189.2{6 M732}	GTAAGCAAGA TAAGATTGTA ACCTTTGGCA AATCTAATAA AGATGATTTc	
msa128189.2{6 M781}	GTAAGCAAGA TAAGATTGTA ACCTTTGGCA AATCTAATAA AGATGATTTc	
msa128189.2{6 090}	GTAAGCAAGA TAAGATTGTA ACCTTTGGCA AATCTAATAA AGATGATTTc	
msa128189.2{6 CJB110}	GTAAGCAAGA TAAGATTGTA ACCTTTGGCA AATCTAATAA AGATGATTTc	
msa128189.2{6 1169NT}	GTAAGCAAGA TAAGATTGTA ACCTTTGGCA AATCTAATAA AGATGATTTc	
Consensus	*****-----*****-----*****-----*****-----	
msa128189.2{6 18RS21}	301 CGTAAGACAG GTTATgATGG TCGAGGTTAT CAACCAATGG TTTATGGGTT	350
msa128189.2{6 2603}	CGTAAGACAG GTTATgATGG TCGAGGTTAT CAACCAATGG TTTATGGGTT	
msa128189.2{6 A909}	CGTAAGACAG GTTATgATGG TCGAGGTTAT CAACCAATGG TTTATGGGTT	
msa128189.2{6 H36B}	CGTAAGACAG GTTATgATGG TCGAGGTTAT CAACCAATGG TTTATGGGTT	
msa128189.2{6 JM9130013}	CGTAAGACAG GTTATgATGG TCGAGGTTAT CAACCAATGG TTTATGGGTT	
msa128189.2{6 COH1}	CGTAAGACAG GTTATgATGG TCGAGGTTAT CAACCAATGG TTTATGGGTT	
msa128189.2{6 M732}	CGTAAGACAG GTTATgATGG TCGAGGTTAT CAACCAATGG TTTATGGGTT	
msa128189.2{6 M781}	CGTAAGACAG GTTATgATGG TCGAGGTTAT CAACCAATGG TTTATGGGTT	
msa128189.2{6 090}	CGTAAGACAG GTTATgATGG TCGAGGTTAT CAACCAATGG TTTATGGGTT	
msa128189.2{6 CJB110}	CGTAAGACAG GTTATgATGG TCGAGGTTAT CAACCAATGG TTTATGGGTT	
msa128189.2{6 1169NT}	CGTAAGACAG GTTATgATGG TCGAGGTTAT CAACCAATGG TTTATGGGTT	
Consensus	*****-----*****-----*****-----*****-----	
msa128189.2{6 18RS21}	351 AGACAATTGT CAAATGAGTC AgACCAAAAG TATGGTAAAA CTTGTTTTTT	400
msa128189.2{6 2603}	AGACAATTGT CAAATGAGTC AgACCAAAAG TATGGTAAAA CTTGTTTTTT	
msa128189.2{6 A909}	AGACAATTGT CAAATGAGTC AgACCAAAAG TATGGTAAAA CTTGTTTTTT	
msa128189.2{6 H36B}	AGACAATTGT CAAATGAGTC AgACCAAAAG TATGGTAAAA CTTGTTTTTT	
msa128189.2{6 JM9130013}	AGACAATTGT CAAATGAGTC AgACCAAAAG TATGGTAAAA CTTGTTTTTT	
msa128189.2{6 COH1}	AGACAATTGT CAAATGAGTC AgACCAAAAG TATGGTAAAA CTTGTTTTTT	
msa128189.2{6 M732}	AGACAATTGT CAAATGAGTC AgACCAAAAG TATGGTAAAA CTTGTTTTTT	
msa128189.2{6 M781}	AGACAATTGT CAAATGAGTC AgACCAAAAG TATGGTAAAA CTTGTTTTTT	
msa128189.2{6 090}	AGACAATTGT CAAATGAGTC AgACCAAAAG TATGGTAAAA CTTGTTTTTT	
msa128189.2{6 CJB110}	AGACAATTGT CAAATGAGTC AgACCAAAAG TATGGTAAAA CTTGTTTTTT	
msa128189.2{6 1169NT}	AGACAATTGT CAAATGAGTC AgACCAAAAG TATGGTAAAA CTTGTTTTTT	
Consensus	*****-----*****-----*****-----*****-----	
msa128189.2{6 18RS21}	401 ATTTTAAGGA CGGGTTAAAA AGGACATTTT ACTATGATTT TAAAGAAGAA	450
msa128189.2{6 2603}	ATTTTAAGGA CGGGTTAAAA AGGACATTTT ACTATGATTT TAAAGAAGAA	
msa128189.2{6 A909}	ATTTTAAGGA CGGGTTAAAA AGGACATTTT ACTATGATTT TAAAGAAGAA	
msa128189.2{6 H36B}	ATTTTAAGGA CGGGTTAAAA AGGACATTTT ACTATGATTT TAAAGAAGAA	
msa128189.2{6 JM9130013}	ATTTTAAGGA CGGGTTAAAA AGGACATTTT ACTATGATTT TAAAGAAGAA	
msa128189.2{6 COH1}	ATTTTAAGGA CGGGTTAAAA AGGACATTTT ACTATGATTT TAAAGAAGAA	
msa128189.2{6 M732}	ATTTTAAGGA CGGGTTAAAA AGGACATTTT ACTATGATTT TAAAGAAGAA	
msa128189.2{6 M781}	ATTTTAAGGA CGGGTTAAAA AGGACATTTT ACTATGATTT TAAAGAAGAA	
msa128189.2{6 090}	ATTTTAAGGA CGGGTTAAAA AGGACATTTT ACTATGATTT TAAAGAAGAA	
msa128189.2{6 CJB110}	ATTTTAAGGA CGGGTTAAAA AGGACATTTT ACTATGATTT TAAAGAAGAA	
msa128189.2{6 1169NT}	ATTTTAAGGA CGGGTTAAAA AGGACATTTT ACTATGATTT TAAAGAAGAA	
Consensus	*****-----*****-----*****-----*****-----	
msa128189.2{6 18RS21}	451 ACT---	
msa128189.2{6 2603}	ACTtaa	
msa128189.2{6 A909}	ACT---	
msa128189.2{6 H36B}	ACT---	
msa128189.2{6 JM9130013}	ACT---	
msa128189.2{6 COH1}	ACT---	
msa128189.2{6 M732}	ACT---	
msa128189.2{6 M781}	ACT---	
msa128189.2{6 090}	ACT---	
msa128189.2{6 CJB110}	ACT---	
msa128189.2{6 1169NT}	ACT---	
Consensus	*****	

SEQ ID NO. 8212

STRAIN 2603 frame: 1

MKLLLLKCKDKKVKAPTLLECLVALVTITGALLVYQGLTKLLAQIIVMSSSSQSEWVLL

TQQLNABFEQAHLEYLRONKLYLRKQDKIVTFGKSNKDDFRKTGYDGRGYQPMVYGLDNC

Table 82: Comparative Sequences relating to SAG0165

QMSQTKSMVKLVFYFKDGLKRTFYDFKEET.

SEQ ID NO. 8213

STRAIN 090 frame: 3

FEGAHLEYLRQNKLYLRKQDKIVTFGKSNKDDFRKTGYDGRGYQPMVYGLDNCQMSQTKS  
MVKLVFYFKDGLKRTFYDFKEET

SEQ ID NO. 8214

STRAIN A909 frame: 3

EFEGAHLEYLRQNKLYLRKQDKIVTFGKSNKDDFRKTGYDGRGYQPMVYGLDNCQMSQTK  
SMVKLVFYFKDGLKRTFYDFKEET

SEQ ID NO. 8215

STRAIN H36B frame: 3

AEFEGAHLEYLRQNKLYLRKQDKIVTFGKSNKDDFRKTGYDGRGYQPMVYGLDNCQMSQT  
KSMVKLVFYFKDGLKRTFYDFKEET

SEQ ID NO. 8216

STRAIN 18RS21 frame: 2

EFEGAHLEYLRQNKLYLRKQDKIVTFGKSNKDDFRKTGYDGRGYQPMVYGLDNCQMSQTK  
SMVKLVFYFKDGLKRTFYDFKEET

SEQ ID NO. 8217

STRAIN M732 frame: 3

EFEGAHLEYLRQNKLYLRKQDKIVTFGKSNKDDFRKTGYNGRGYQPMVYGLDNCQMSQTK  
SMVKLVFYFKDGLKRTFYDFKEET

SEQ ID NO. 8218

STRAIN COH1 frame: 1

EFEGAHLEYLRQNKLYLRKQDKIVTFGKSNKDDFRKTGYNGRGYQPMVYGLDNCQMSQTK  
SMVKLVFYFKDGLKRTFYDFKEET

SEQ ID NO. 8219

STRAIN M781 frame: 2

EFEGAHLEYLRQNKLYLRKQDKIVTFGKSNKDDFRKTGYNGRGYQPMVYGLDNCQMSQTK  
SMVKLVFYFKDGLKRTFYDFKEET

SEQ ID NO. 8220

STRAIN CJB110 frame: 1

EFEGAHLEYLRQNKLYLRKQDKIVTFGKSNKDDFRKTGYDGRGYQPMVYGLDNCQMSQTK  
SMVKLVFYFKDGLKRTFYDFKEET

SEQ ID NO. 8221

STRAIN 1169NT frame: 3

EGAHLEYLRQNKLYLRKQDKIVTFGKSNKDDFRKTGYDGRGYQPMVYGLDNCQMSQTKSM  
VKLVFYFKDGLKRTFYDFKEET

SEQ ID NO. 8222

STRAIN JM9130013 frame: 2

AEFEGAHLEYLRQNKLYLRKQDKIVTFGKSNKDDFRKTGYDGRGYQPMVYGLDNCQMSQT  
KSMVKLVFYFKDGLKRTFYDFKEET

PRETTY of: /biotmp/msa128319.2{\*} February 7, 2003 08:27 ..

	1					50
msa128319.2{6_090}	-----	-----	-----	-----	-----	-----
msa128319.2{6_1169NT}	-----	-----	-----	-----	-----	-----
msa128319.2{6_18RS21}	-----	-----	-----	-----	-----	-----
msa128319.2{6_2603}	-----	-----	-----	-----	-----	-----
msa128319.2{6_H36B}	-----	-----	-----	-----	-----	-----
msa128319.2{6_JM9130013}	-----	-----	-----	-----	-----	-----
msa128319.2{6_A909}	-----	-----	-----	-----	-----	-----
msa128319.2{6_CJB110}	-----	-----	-----	-----	-----	-----
msa128319.2{6_COH1}	-----	-----	-----	-----	-----	-----
msa128319.2{6_M732}	-----	-----	-----	-----	-----	-----
msa128319.2{6_M781}	-----	-----	-----	-----	-----	-----
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****	*****
	51					100
msa128319.2{6_090}	-----	-----	-----	-----	-----	-----
msa128319.2{6_1169NT}	-----	-----	-----	-----	-----	-----
msa128319.2{6_18RS21}	-----	-----	-----	-----	-----	-----
msa128319.2{6_2603}	-----	-----	-----	-----	-----	-----
msa128319.2{6_H36B}	-----	-----	-----	-----	-----	-----
msa128319.2{6_JM9130013}	-----	-----	-----	-----	-----	-----
msa128319.2{6_A909}	-----	-----	-----	-----	-----	-----
msa128319.2{6_CJB110}	-----	-----	-----	-----	-----	-----
msa128319.2{6_COH1}	-----	-----	-----	-----	-----	-----
msa128319.2{6_M732}	-----	-----	-----	-----	-----	-----
msa128319.2{6_M781}	-----	-----	-----	-----	-----	-----
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****	*****



Table 82: Comparative Sequences relating to SAG0165

	101		150
msa128319.2{6_090}	RKTGYdGRGY	QPMVYGLDNC	QMSQTKSMVK LVFYFKDGLK RTFYDFKEE
msa128319.2{6_1169NT}	RKTGYdGRGY	QPMVYGLDNC	QMSQTKSMVK LVFYFKDGLK RTFYDFKEE
msa128319.2{6_18RS21}	RKTGYdGRGY	QPMVYGLDNC	QMSQTKSMVK LVFYFKDGLK RTFYDFKEE
msa128319.2{6_2603}	RKTGYdGRGY	QPMVYGLDNC	QMSQTKSMVK LVFYFKDGLK RTFYDFKEE
msa128319.2{6_H36B}	RKTGYdGRGY	QPMVYGLDNC	QMSQTKSMVK LVFYFKDGLK RTFYDFKEE
msa128319.2{6_JM9130013}	RKTGYdGRGY	QPMVYGLDNC	QMSQTKSMVK LVFYFKDGLK RTFYDFKEE
msa128319.2{6_A909}	RKTGYdGRGY	QPMVYGLDNC	QMSQTKSMVK LVFYFKDGLK RTFYDFKEE
msa128319.2{6_CJB110}	RKTGYdGRGY	QPMVYGLDNC	QMSQTKSMVK LVFYFKDGLK RTFYDFKEE
msa128319.2{6_COH1}	RKTGYnGRGY	QPMVYGLDNC	QMSQTKSMVK LVFYFKDGLK RTFYDFKEE
msa128319.2{6_M732}	RKTGYnGRGY	QPMVYGLDNC	QMSQTKSMVK LVFYFKDGLK RTFYDFKEE
msa128319.2{6_M781}	RKTGYnGRGY	QPMVYGLDNC	QMSQTKSMVK LVFYFKDGLK RTFYDFKEE
Consensus	*****	*****	*****
	151		
msa128319.2{6_090}	T-		
msa128319.2{6_1169NT}	T-		
msa128319.2{6_18RS21}	T-		
msa128319.2{6_2603}	T-		
msa128319.2{6_H36B}	T-		
msa128319.2{6_JM9130013}	T-		
msa128319.2{6_A909}	T-		
msa128319.2{6_CJB110}	T-		
msa128319.2{6_COH1}	T-		
msa128319.2{6_M732}	T-		
msa128319.2{6_M781}	T-		
Consensus	**		

Table 83: Comparative Sequences relating to SAG0108

SEQ ID NO. 8301

STRAIN 2603

atgaaaaagattcgattatcaaagtttattaaaaatgattgtgttattttgtttttaatt  
 agttagcagctagttttttttttccacgttgcccaagttcgagatgataaatccttt  
 atttcaaatgggtcaacgttaagcctggaaactctttatatgcttatgataaatcctttgat  
 aagctattaaagcaaaaaatagaaatgacaaacaaaatataaagcaagttgcttggtat  
 gtctctgctgttaagaaaaactcataagacagctgttgcgttcgttcggttttgcaatagc  
 aaagagaatataagggcatatgggtggctgtttcataagttaggatataaatgttcttatg  
 cctgacaatattgcacatgggtgaaagtcattgggagctgtaggctatggctggaaacgac  
 cgcgagaacattatcaaatggacagaaatgatagttgataagaatccatcaagccaaatt  
 actttatttgggtgttcaatgggtggagcaacagtcattgagctagtggtgaaaaatta  
 cctagtcaggttgttaatatcattgaagattgcggttattctagtggttgggagtaatta  
 aaatttcaggctaaagagatgtatgggtttaccagccttccactcttatatgaagtttca  
 acaatttctaaaatcagagcaggttttctgtatggacaagcaagtagtgcgaacaattg  
 aaaaagaataattaccagccctctttattcatgggtgataaggataattttgttccaaca  
 agtatgggttatgacaactataaagctacagcaggttaagaaagagctttatattgtaaaa  
 ggggcaaacatgcgaatcttttgaacagagccagaaaaatatagagaacgtatctct  
 agttttttgaaaaaatatgaaaaa

SEQ ID NO. 8302

STRAIN 090

GCTAGTTTTTATTTTTTCCACGTTGCCCAAGTTCCG  
 AGATGATAAATCCCTTTATTTCAAATGGTCAACGTAAGCCTGGAACTCTT  
 TATATGCTTATGATAAATCCCTTTGATAAGCTATTAAAGCAAAAATAGAA  
 ATGACAAACCAAAATATAAAGCAAGTTGCTTGGTATGTTCTGCTGCTAA  
 GAAAACCTCATAAGACAGCTGTTGTGCTCATGGTTTTCGGAATAGCAAG  
 AGAATATGAAGGCATATGGTTGGCTGTTTCATAAGTTAGGATACAATGTT  
 CTTATGCTGACAAATATTCACATGGTGAAGTCATGGGCAGTTGATAGG  
 CTATGGCTGGAAACGACCGGAGAACATTATCAATGGACAGAAATGATAG  
 TTGATAAGAAATCCATCAAGCCAAATTAATTTATTGGTGTTCATGGGT  
 GGAGCAACAGTCATGATGGCTAGTTGGTGAATAATACCTAGTCAGGTTGT  
 TAATATCATTGAAGATTGCGGTTATTCTAGTGTTTGGGATGAATATAAAT  
 TTCAGGCTAAAGAGATGTATGGTTTACCAGCCTTCCACTCTTATATGAA  
 GTTTCACAATTTCTAAAAATCAGAGCAGGTTTTCGTATGGACAAGCAAG  
 TAGTGTGCAACAATGAAAAAGAATAATTTACCAGCCCTCTTATTTCATG  
 GTGATAAGGATAAATTTGTTCCAACAAGTATGGTTTATGACAACATATAAA  
 GCTACAGCAGGTAAAGAAAGAGCTTTATATTGTAAAAGGGGCAAAACATGC  
 GAAATCTTTGAAACAGAGCCAGAAAAATATGAGAAACGTATCTCTAGTT  
 TTTTGAATAAATATGAAAAA

SEQ ID NO. 8303

STRAIN A909

AATCCTTTATTTCAAATGGTCAACGTAAGCCTGGAACTCTTTATATGCT  
 TATGATAAATCCCTTTGATAAGCTATTAAAGCAAAAATAGAAATGACAAA  
 CCAAAATATAAAGCAAGTTGCTTGGTATGTTCTGCTGCTAAGAAAACCTC  
 ATAAGACAGCTGTTGTGCTCATGGTTTTCGGAATAGCAAGAGAAATATG  
 AAGGCATATGGTTGGCTGTTTCATAAGTTAGGATACAATGTTCTTATGCC  
 TGACAACATTGCACATGGTGAAGTCATGGGCAGTTGATAGGCTATGGCT  
 GGAACGACCGCGAGAACATTATCAAATGGACAGAAATGATAGTTGATAAG  
 AATTTCATCAAGCCAAATTAATTTATTTGGTGTTCATGGGTGGAGCAAC  
 AGTCATGATGGCTAGTGGTGAATAATACCTAGTCAGGTTGTTAATATCA  
 TTGAAGATGCGGTTATTCTGGTGTTTGGGATGAATATAAATTTAGGCT  
 AAAGAGATGTATGGTTTACCAGCCTTCCACTCTTATATGAAGTTTCAAC  
 AATTTCATAAATCAGAGCAGGTTTTTTCGTATGGACAAGCAAGTAGTGTG  
 AACAAATGAAAAAGAATAATTTACCAGCCCTCTTATTCATGGTGATAAG  
 GATAATTTTGTTCACAAGTATGGTTTATGACAACTATAAGCTACAGC  
 AGGTAAAGAAAGAGCTTTATATTGTAAAAGGGGCAAAACATGCGAAATCTT  
 TTGAAACAGAGCCAGAAAAATATGAGAAACGTATCTCTAGTTTTTTGAAA  
 AATATGAAAAA

SEQ ID NO. 8304

STRAIN H36B

AGTTTTTATTTTTCCACGTTGCCCAAGTTGAGATGATAAATCCCTTTAT  
 TCAAATGGTCAACGTAAGCCTGGAACTCTTTATATGCTTATGATAAAT  
 CCTTTGATAAGCTATTAAAGCAAAAATAGAAATGACAAACCAAAATATA  
 AAGCAAGTTGCTTGGTATGTTCTGCTGCTAAGAAAACCTCATAAGACAGC  
 TGTGTGCTCATGGTTTTCGGAATAGCAAGAGAAATATGAAGGCATATG  
 GTTGGCTGTTTCATAAGTTAGGATACAATGTTCTTATGCTGACAACTAT  
 GCACATGGTGAAGTCATGGGCAGTTGATAGGCTATGGCTGGAACGACCG  
 CGAGAACATTATCAAATGGACAGAAATGATAGTTGATAAGAATTTCATCA  
 GCCAATTAATTTATTTGGTGTTCATGGGTGGAGCAACAGTCATGATG  
 GCTAGTGGTGAATAATACCTAGTCAGGTTGTTAATATCATTGAAGATTG  
 CGGTATTCTCGGTTTGGGATGAATATAAATTTAGGCTAAGAGATGT  
 ATGGTTTACCAGCCTTCCACTCTTATATGAAGTTTCAACAATTTCTAAA  
 ATCAGAGCAGGTTTTTCGTATGGACAAGCAAGTAGTGTGGAACAATGAA  
 AAAGAAATAATTTACCAGCCCTCTTATTCATGGTGATAAGGATAATTTT  
 TTCCAACAAGTATGGTTTATGACAACTATAAAGCTACAGCAGGTAAGAAA  
 GAGCTTTATATTGTAAAAGGGGCAAAACATGCGAAATCTTTTGAACAGA  
 GCCAGAAAAATATGAGAAACGTATCTCTAGTTTTTTGAAAAAATATGAAA  
 AA

SEQ ID NO. 8305

STRAIN 18RS21

Table 83: Comparative Sequences relating to SAG0108

GCTAGTTTTATTTTTTCCACGTTGCCCAAGTTCGA  
 GATGATAAATCCTTTATTTCAAATGGTCAACGTAAGCCTGGAAACTCTTT  
 ATATGCTTATGATAAATCCTTTGATAAGCTATTAAAGCAAAAAATAGAAA  
 TGACAAACCAAAATATAAAGCAAGTTGCTTGGTATGTTCTGCTGTTAAG  
 AAAACTCATAAGACAGCTGTTGTCGTTTCATGGTTTTCGAATAGCAAAGA  
 GAATATGAAGGCATATGGTTGGCTGTTTCATAAGTTAGGATACAATGTTTC  
 TTATGCCCTGACAATATTGCACATGGTGAAAGTCATGGGCAGTTGATAGGC  
 TATGGCTGGAAACGACCGCGAGAACATTATCAAATGGACAGAAATGATAGT  
 TGATAAGAATCCATCAAGCCAAATTACTTTATTGGTGTTCATAGGGTG  
 GAGCAACAGTCATGATGGCTAGTGGTGAAAAATTACCTAGTCAGGTTGTT  
 AATATCATTTGAAGATTGGCGTTATTCTAGTGTTCGGATGAATTAAATTT  
 TCAGGCTAAAGAGATGTATGGTTTACCAGCCTTCCCACTCTTATATGAAG  
 TTTCAACAATTTCTAAAAATCAGAGCAGGTTTTCGTATGGACAAGCAAGT  
 AGTGTGCAACAATTGAAAAAGAAATAATTACCAGCCCTCTTTATTTCATGG  
 TGATAAGGATAAATTTGTTTCCAACAAGTATGGTTTATGACAACATAAAG  
 CTACAGCAGGTAAGAAAGAGCTTTATATTGTAAAAGGGGCAAAACATGCG  
 AAATCTTTTGAAACAGAGCCAGAAAAATATGAGAAACGTATCTCTAGTTT  
 TTTGAAAAAATATGAAAAA

SEQ ID NO. 8306

STRAIN M732

GCTAGTTTTATTTTTTCCACGTTGCCCAAGTTCGA  
 GATGATAAATCCTTTATTTCAAATGGTCAACGTAAGCCTGGAAACTCTTT  
 ATATGCTTATGATAAATCCTTTGATAAGCTATTAAAGCAAAAAATAGAAA  
 TGACAAACCAAAATATAAAGCAAGTTGCTTGGTATGTTCTGCTGCTAAG  
 AAAACTCATAAGACAGTTGTTGTCGTTTCATGGTTTTCGAATAGCAAAGA  
 GAATATGAAGGCATATGGTTGGCTGTTTCATAAGTTAGGATACAATGTTTC  
 TTATGCCCTGACAACATTGCACATGGTGAAAGTCATGGGCAGTTGATAGGC  
 TATGGCTGGAAACGACCGCGAGAACATTATCAAATGGACAGAAATGATAGT  
 GGATAAGAATCCATCAAGCCAAATTACTTTATTGGTGTTCATAGGGTG  
 GAGCAACAGTCATGATGGCTAGTGGTGAAAAATTACCTAGTCAGGTTGTT  
 AATATCATTTGAAGATTGTGGTTATTCTAGTGTTCGGATGAATTAAATTT  
 TCAGGCTAAAGAGATGTATGGTTTACCAGCCTTCCCACTCTTATATGAAG  
 TTTCAACAATTTCTAAAAATCAGAGCAGGTTTTCGTATGGACAAGCAAGT  
 AGTGTGCAACAATTGAAAAAGAAATAATTACCAGCCCTCTTTATTTCATGG  
 TGATAAGGATAAATTTGTTTCCAACAAGTATGGTTTATGACAACATAAAG  
 CTACAGCAGGTAAGAAAGAGCTTTATATTGTAAAAGGGGCAAAACATGCG  
 AAATCTTTTGAAACAGAGCCAGAAAAATATGAGAAACGTATCTCTAGTTT  
 TTTGAAAAAATATGAAAAA

SEQ ID NO. 8307

STRAIN COH1

GCTAGTTTTATTTTTTCCACGTTGCCCAAGTTC  
 GAGATGATAAATCCTTTATTTCAAATGGTCAACGTAAGCCTGGAAACTCT  
 TTATATGCTTATGATAAATCCTTTGATAAGCTATTAAAGCAAAAAATAGAA  
 AATGACAAACCAAAATATAAAGCAAGTTGCTTGGTATGTTCTGCTGCTA  
 AGAAAACTCATAAGACAGTTGTTGTCGTTTCATGGTTTTCGAATAGCAA  
 GAGAAATGAAGGCATATGGTTGGCTGTTTCATAAGTTAGGATACAATGT  
 TCTTATGCCCTGACAACATTGCACATGGTGAAAGTCATGGGCAGTTGATAG  
 GCTATGGCTGGAAACGACCGCGAGAACATTATCAAATGGACAGAAATGATA  
 GTGGATAAGAATCCATCAAGCCAAATTACTTTATTGGTGTTCATAGGGTG  
 TGGAGCAACAGTCATGATGGCTAGTGGTGAAAAATTACCTAGTCAGGTTG  
 TTAATATCATTTGAAGATTGTGGTTATTCTAGTGTTCGGATGAATTAAAT  
 TTTACGGCTAAAGAGATGTATGGTTTACCAGCCTTCCCACTCTTATATGA  
 AGTTTCAACAATTTCTAAAAATCAGAGCAGGTTTTCGTATGGACAAGCAAG  
 GTAGTGTGCAACAATTGAAAAAGAAATAATTACCAGCCCTCTTTATTTCAT  
 GGTGATAAGGATAAATTTGTTTCCAACAAGTATGGTTTATGACAACATAA  
 AGCTACAGCAGGTAAGAAAGAGCTTTATATTGTAAAAGGGGCAAAACATG  
 CGAAATCTTTTGAAACAGAGCCAGAAAAATATGAGAAACGTATCTCTAGT  
 TTTTGAAAAAATATGAAAAA

SEQ ID NO. 8308

STRAIN M781

GCTAGTTTTATTTTTTCCACGTTGCCCAAGTTCG  
 AGATGATAAATCCTTTATTTCAAATGGTCAACGTAAGCCTGGAAACTCTT  
 TATATGCTTATGATAAATCCTTTGATAAGCTATTAAAGCAAAAAATAGAA  
 ATGACAAACCAAAATATAAAGCAAGTTGCTTGGTATGTTCTGCTGCTAA  
 GAAAACTCATAAGACAGTTGTTGTCGTTTCATGGTTTTCGAATAGCAAAG  
 AGAATATGAAGGCATATGGTTGGCTGTTTCATAAGTTAGGATACAATGTT  
 CTTATGCCCTGACAACATTGCACATGGTGAAAGTCATGGGCAGTTGATAGG  
 CTATGGCTGGAAACGACCGCGAGAACATTATCAAATGGACAGAAATGATAG  
 TGATAAGAATCCATCAAGCCAAATTACTTTATTGGTGTTCATAGGGTG  
 GGAGCAACAGTCATGATGGCTAGTGGTGAAAAATTACCTAGTCAGGTTGT  
 TAATATCATTTGAAGATTGTGGTTATTCTAGTGTTCGGATGAATTAAAT  
 TTTACGGCTAAAGAGATGTATGGTTTACCAGCCTTCCCACTCTTATATGA  
 GTTTCAACAATTTCTAAAAATCAGAGCAGGTTTTCGTATGGACAAGCAAG  
 TAGTGTGCAACAATTGAAAAAGAAATAATTACCAGCCCTCTTTATTTCATG  
 GGTGATAAGGATAAATTTGTTTCCAACAAGTATGGTTTATGACAACATAA  
 AGCTACAGCAGGTAAGAAAGAGCTTTATATTGTAAAAGGGGCAAAACATG  
 CGAAATCTTTTGAAACAGAGCCAGAAAAATATGAGAAACGTATCTCTAGT  
 TTTTGAAAAAATATGAAAAA

SEQ ID NO. 8309

Table 83: Comparative Sequences relating to SAG0108

## STRAIN CJB110

GCTAGTTTTATTTTTTCCACGTTGCCCAAGTTTCGAG  
 ATGATAAATCCTTTATTTCAAAATGGTCAACGTAAGCCTGGAAACTCTTTA  
 TATGCTTATGATAAATCCTTTGATAAGCTATTAAAGCAAAAAATAGAAAT  
 GACAAACCAAAATATAAAGCAAGTTGCTTGGTATGTTCTGCTGCTAAGA  
 AAACCTCATAAGACAGCTGTTGTCGTTTCATGGTTTTGCGAATAGCAAAAGAG  
 AATATGAAGGCATATGGTTGGCTGTTTCATAAGTTAGGATACAATGTTCT  
 TATGCTGACAAATATTGCACATGGTGAAAGTCATGGGCAGTTGATAGGCT  
 ATGGCTGGAACGACCGCGAGAACATTATCAAAATGGACAGAAATGATAGTT  
 GATAAGAATCCATCAAGCCAAATTACTTTATTTGGTGTTCATGGGTGG  
 AGCAACAGTCATGATGGCTAGTGGTGAAAAATTACCTAGTCAGGTTGTTA  
 ATATCATTGAAGATTGCGGTTATTCTAGTGTTTGGGATGAATTAAATTT  
 CAGGCTAAAGAGATGTATGGTTTACCAGCCTTCCACTCTTATATGAAGT  
 TTCAACAATTTCTAAAAATCAGAGCAGGTTTTTCGTATGGACAAGCAAGTA  
 GTGTCGAACAATTGAAAAAGAATAATTACCAGCCCTCTTTATTTCATGGT  
 GATAAGGATAATTTTGTTCACAACAGTATGGTTTATGACAACATATAAAGC  
 TACAGCAGGTAAGAAAGAGCTTTATATTGTAAAAGGGGCAAAACATGCCA  
 AATCTTTTGAACAGAGCCAGAAAAATATGAGAAACGTATCTCTAGTTTT  
 TTGAAAAAATATGAAAAA

## SEQ ID NO. 8310

## STRAIN 1169NT

GCTAGTTTTATTTTTTCCACGTTGCCCAAGTTTCGA  
 GATGATAAATCCTTTATTTCAAAATGGTCAACGTAAGCCTGGAAACTCTTT  
 ATATGCTTATGATAAATCCTTTGATAAGCTATTAAAGCAAAAAATAGAAA  
 TGACAAACCAAAATATAAAGCAAGTTGCTTGGTATGTTCTGCTGCTAAG  
 AAACTCATAAGACAGCTGTTGTCGTTTCATGGTTTTGCGAATAGCAAAAGA  
 GAATATGAAGGCATATGGTTGGCTGTTTCATAAGTTAGGATACAATGTTCT  
 TTATACCTGACAAATATTGCACATGGTGAAAGTCATGGGCAGTTGATAGGC  
 TATGGCTGGAACGACCGCGAGAACATTATCAAAATGGACAGAAATGATAGT  
 TGATAAGAATCCATCAAGCCAAATTACTTTATTTGGTGTTCATGGGTGG  
 GAGCAACAGTCATGATGGCTAGTGGTGAAAAATTACCTAGTCAGGTTGTT  
 AATATCATTGAAGATTGCGGTTATTCTAGTGTTTGGGATGAATTAAATTT  
 TCAGGCTAAAGAGATGTATGGTTTACCAGCCTTCCACTCTTATATGAAG  
 TTTCAACAATTTCTAAAAATCAGAGCAGGTTTTTCGTATGGACAAGCAAGT  
 AGTGTAGAACAATTTGAAAAAGAATAATTACCAGCCCTCTTTATTTCATGG  
 TGATAAGGATAATTTTGTTCACAACAGTATGGTTTATGACAACATATAAAGC  
 CTACAGCAGGTAAGAAAGAGCTTTATATTGTAAAAGGGGCAAAACATGCC  
 AATCTTTTGAACAGAGCCAGAAAAATATGAGAAACGTATCTCTAGTTTT  
 TTTGAAAAAATATGAAAAA

## SEQ ID NO. 8311

## STRAIN JM9130013

GCTAGTTTTATTTTTTCCACGTTGCCCAAGTTTCG  
 AGATGATAAATCCTTTATTTCAAAATGGTCAACGTAAGCCTGGAAACTCTT  
 TATATGCTTATGATAAATCCTTTGATAAGCTATTAAAGCAAAAAATAGAA  
 ATGaCAAAACCAAAATATAAAGCAAGTTGCTTGGTATGTTCTGCTGCTTAA  
 GAAACTCATAAGACAGCTGTTGTCGTTTCATGGTTTTGCGAATAGCAAAAG  
 AGAATATGAAGGCATATGGTTGGCTGTTTCATAAGTTAGGATACAATGTT  
 CTTATGCTGACAAATATTGCACATGGTGAAAGTCATGGGCAGTTGATAGG  
 CTATGGCTGGAACGACCGCGAGAACATTATCAAAATGGACAGAAATGATAG  
 TTGATAAGAATCCATCAAGCCAAATTaCTTTATTTGGTGTTCATGGGTGG  
 GGAGCAACAGTCATGATGGCTAGTGGTGAAAAATTACCTAGTCAGGTTGT  
 TAATATCATTGAAGATTGCGGTTATTCTAGTGTTTGGGATGAATTAAAT  
 TTCAGGCTAAAGAGATGTATGGTTTACCAGCCTTCCACTCTTATATGAA  
 GTTTCACAATTTCTAAAAATCAGAGCAGGTTTTTCGTATGGACAAGCAAG  
 TAGTGTGCAACAATTGAAAAAGAATAATTACCAGCCCTCTTTATTTCATG  
 GTGATAAGGATAATTTTGTTCACAACAGTATGGTTTATGACAACATATAAA  
 GCTACAGCAGGTAAGAAAGAGCTTTATATTGTAAAAGGGGCAAAACATGC  
 GAAATCTTTTGAACAGAGCCAGAAAAATATGAGAAACGTATCTCTAGTT  
 TTTGAAAAAATATGAAAAA

PRETTY of: /biotmp/msa286608.2{\*} February 24, 2003 06:26 ..

	1				50
msa286608.2{662_COH1}	-----	-----	-----	-----	-----
msa286608.2{662_M732}	-----	-----	-----	-----	-----
msa286608.2{662_M781}	-----	-----	-----	-----	-----
msa286608.2{662_A909}	-----	-----	-----	-----	-----
msa286608.2{662_H36B}	-----	-----	-----	-----	-----
msa286608.2{662_090}	-----	-----	-----	-----	-----
msa286608.2{662_CJB110}	-----	-----	-----	-----	-----
msa286608.2{662_18RS21}	-----	-----	-----	-----	-----
msa286608.2{662_2603}	atgaaaaaga	ttcgattatc	aaagtttatt	aaaatgattg	ttgttatttt
msa286608.2{662_JM9130013}	-----	-----	-----	-----	-----
msa286608.2{662_1169NT}	-----	-----	-----	-----	-----
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
	51				100
msa286608.2{662_COH1}	-----g	ctagttttta	ttttttccac	gttgcccaag	
msa286608.2{662_M732}	-----g	ctagttttta	ttttttccac	gttgcccaag	
msa286608.2{662_M781}	-----g	ctagttttta	ttttttccac	gttgcccaag	

Table 83: Comparative Sequences relating to SAG0108

msa286608.2{662_A909}	-----	-----	-----	-----	-----	
msa286608.2{662_H36B}	-----	-----	--agttttta	ttttttccac	gttgcccaag	
msa286608.2{662_090}	-----	-----	g ctagttttta	ttttttccac	gttgcccaag	
msa286608.2{662_CJB110}	-----	-----	g ctagttttta	ttttttccac	gttgcccaag	
msa286608.2{662_18RS21}	-----	-----	g ctagttttta	ttttttccac	gttgcccaag	
msa286608.2{662_2603}	gtttttaatt	agtgttagcag	ctagttttta	ttttttccac	gttgcccaag	
msa286608.2{662_JM9130013}	-----	-----	g ctagttttta	ttttttccac	gttgcccaag	
msa286608.2{662_1169NT}	-----	-----	g ctagttttta	ttttttccac	gttgcccaag	
Consensus	*****	*****	-----	-----	-----	
msa286608.2{662_COH1}	101	ttcgagatga	taAATCCTTT	ATTTCAAATG	GTCAACGTAA	GCCTGGAAC
msa286608.2{662_M732}	ttcgagatga	taAATCCTTT	ATTTCAAATG	GTCAACGTAA	GCCTGGAAC	
msa286608.2{662_M781}	ttcgagatga	taAATCCTTT	ATTTCAAATG	GTCAACGTAA	GCCTGGAAC	
msa286608.2{662_A909}	-----	-----	--AATCCTTT	ATTTCAAATG	GTCAACGTAA	GCCTGGAAC
msa286608.2{662_H36B}	ttcgagatga	taAATCCTTT	ATTTCAAATG	GTCAACGTAA	GCCTGGAAC	
msa286608.2{662_090}	ttcgagatga	taAATCCTTT	ATTTCAAATG	GTCAACGTAA	GCCTGGAAC	
msa286608.2{662_CJB110}	ttcgagatga	taAATCCTTT	ATTTCAAATG	GTCAACGTAA	GCCTGGAAC	
msa286608.2{662_18RS21}	ttcgagatga	taAATCCTTT	ATTTCAAATG	GTCAACGTAA	GCCTGGAAC	
msa286608.2{662_2603}	ttcgagatga	taAATCCTTT	ATTTCAAATG	GTCAACGTAA	GCCTGGAAC	
msa286608.2{662_JM9130013}	ttcgagatga	taAATCCTTT	ATTTCAAATG	GTCAACGTAA	GCCTGGAAC	
msa286608.2{662_1169NT}	ttcgagatga	taAATCCTTT	ATTTCAAATG	GTCAACGTAA	GCCTGGAAC	
Consensus	-----	-----	*****	*****	*****	*****
msa286608.2{662_COH1}	151	TCTTTATATG	CTTATGATAA	ATCCTTTGAT	AAGCTATTAA	AGCAAAAAAT
msa286608.2{662_M732}	TCTTTATATG	CTTATGATAA	ATCCTTTGAT	AAGCTATTAA	AGCAAAAAAT	
msa286608.2{662_M781}	TCTTTATATG	CTTATGATAA	ATCCTTTGAT	AAGCTATTAA	AGCAAAAAAT	
msa286608.2{662_A909}	TCTTTATATG	CTTATGATAA	ATCCTTTGAT	AAGCTATTAA	AGCAAAAAAT	
msa286608.2{662_H36B}	TCTTTATATG	CTTATGATAA	ATCCTTTGAT	AAGCTATTAA	AGCAAAAAAT	
msa286608.2{662_090}	TCTTTATATG	CTTATGATAA	ATCCTTTGAT	AAGCTATTAA	AGCAAAAAAT	
msa286608.2{662_CJB110}	TCTTTATATG	CTTATGATAA	ATCCTTTGAT	AAGCTATTAA	AGCAAAAAAT	
msa286608.2{662_18RS21}	TCTTTATATG	CTTATGATAA	ATCCTTTGAT	AAGCTATTAA	AGCAAAAAAT	
msa286608.2{662_2603}	TCTTTATATG	CTTATGATAA	ATCCTTTGAT	AAGCTATTAA	AGCAAAAAAT	
msa286608.2{662_JM9130013}	TCTTTATATG	CTTATGATAA	ATCCTTTGAT	AAGCTATTAA	AGCAAAAAAT	
msa286608.2{662_1169NT}	TCTTTATATG	CTTATGATAA	ATCCTTTGAT	AAGCTATTAA	AGCAAAAAAT	
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****	*****
msa286608.2{662_COH1}	201	AGAAATGACA	AACCAAAATA	TAAAGCAAGT	TGCTTGGTAT	GTTCTGCTG
msa286608.2{662_M732}	AGAAATGACA	AACCAAAATA	TAAAGCAAGT	TGCTTGGTAT	GTTCTGCTG	
msa286608.2{662_M781}	AGAAATGACA	AACCAAAATA	TAAAGCAAGT	TGCTTGGTAT	GTTCTGCTG	
msa286608.2{662_A909}	AGAAATGACA	AACCAAAATA	TAAAGCAAGT	TGCTTGGTAT	GTTCTGCTG	
msa286608.2{662_H36B}	AGAAATGACA	AACCAAAATA	TAAAGCAAGT	TGCTTGGTAT	GTTCTGCTG	
msa286608.2{662_090}	AGAAATGACA	AACCAAAATA	TAAAGCAAGT	TGCTTGGTAT	GTTCTGCTG	
msa286608.2{662_CJB110}	AGAAATGACA	AACCAAAATA	TAAAGCAAGT	TGCTTGGTAT	GTTCTGCTG	
msa286608.2{662_18RS21}	AGAAATGACA	AACCAAAATA	TAAAGCAAGT	TGCTTGGTAT	GTTCTGCTG	
msa286608.2{662_2603}	AGAAATGACA	AACCAAAATA	TAAAGCAAGT	TGCTTGGTAT	GTTCTGCTG	
msa286608.2{662_JM9130013}	AGAAATGACA	AACCAAAATA	TAAAGCAAGT	TGCTTGGTAT	GTTCTGCTG	
msa286608.2{662_1169NT}	AGAAATGACA	AACCAAAATA	TAAAGCAAGT	TGCTTGGTAT	GTTCTGCTG	
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****	*****
msa286608.2{662_COH1}	251	cTAAGAAAAC	TCATAAGACA	GcTGTGTGCG	TTTCATGGTTT	TGCGAATAGC
msa286608.2{662_M732}	cTAAGAAAAC	TCATAAGACA	GcTGTGTGCG	TTTCATGGTTT	TGCGAATAGC	
msa286608.2{662_M781}	cTAAGAAAAC	TCATAAGACA	GcTGTGTGCG	TTTCATGGTTT	TGCGAATAGC	
msa286608.2{662_A909}	cTAAGAAAAC	TCATAAGACA	GcTGTGTGCG	TTTCATGGTTT	TGCGAATAGC	
msa286608.2{662_H36B}	cTAAGAAAAC	TCATAAGACA	GcTGTGTGCG	TTTCATGGTTT	TGCGAATAGC	
msa286608.2{662_090}	cTAAGAAAAC	TCATAAGACA	GcTGTGTGCG	TTTCATGGTTT	TGCGAATAGC	
msa286608.2{662_CJB110}	cTAAGAAAAC	TCATAAGACA	GcTGTGTGCG	TTTCATGGTTT	TGCGAATAGC	
msa286608.2{662_18RS21}	cTAAGAAAAC	TCATAAGACA	GcTGTGTGCG	TTTCATGGTTT	TGCGAATAGC	
msa286608.2{662_2603}	cTAAGAAAAC	TCATAAGACA	GcTGTGTGCG	TTTCATGGTTT	TGCGAATAGC	
msa286608.2{662_JM9130013}	cTAAGAAAAC	TCATAAGACA	GcTGTGTGCG	TTTCATGGTTT	TGCGAATAGC	
msa286608.2{662_1169NT}	cTAAGAAAAC	TCATAAGACA	GcTGTGTGCG	TTTCATGGTTT	TGCGAATAGC	
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****	*****
msa286608.2{662_COH1}	301	AAAGAGAATA	TGAAGGCATA	TGGTTGGCTG	TTTCATAAGT	TAGGATACAA
msa286608.2{662_M732}	AAAGAGAATA	TGAAGGCATA	TGGTTGGCTG	TTTCATAAGT	TAGGATACAA	
msa286608.2{662_M781}	AAAGAGAATA	TGAAGGCATA	TGGTTGGCTG	TTTCATAAGT	TAGGATACAA	
msa286608.2{662_A909}	AAAGAGAATA	TGAAGGCATA	TGGTTGGCTG	TTTCATAAGT	TAGGATACAA	
msa286608.2{662_H36B}	AAAGAGAATA	TGAAGGCATA	TGGTTGGCTG	TTTCATAAGT	TAGGATACAA	
msa286608.2{662_090}	AAAGAGAATA	TGAAGGCATA	TGGTTGGCTG	TTTCATAAGT	TAGGATACAA	
msa286608.2{662_CJB110}	AAAGAGAATA	TGAAGGCATA	TGGTTGGCTG	TTTCATAAGT	TAGGATACAA	
msa286608.2{662_18RS21}	AAAGAGAATA	TGAAGGCATA	TGGTTGGCTG	TTTCATAAGT	TAGGATACAA	
msa286608.2{662_2603}	AAAGAGAATA	TGAAGGCATA	TGGTTGGCTG	TTTCATAAGT	TAGGATACAA	
msa286608.2{662_JM9130013}	AAAGAGAATA	TGAAGGCATA	TGGTTGGCTG	TTTCATAAGT	TAGGATACAA	
msa286608.2{662_1169NT}	AAAGAGAATA	TGAAGGCATA	TGGTTGGCTG	TTTCATAAGT	TAGGATACAA	
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****	*****
msa286608.2{662_COH1}	351	TGTTCTTATg	CCTGACAACa	TGTCACATGG	TGAAAGTCAT	GGGCAGTTGA
msa286608.2{662_M732}	TGTTCTTATg	CCTGACAACa	TGTCACATGG	TGAAAGTCAT	GGGCAGTTGA	

Table 83: Comparative Sequences relating to SAG0108

msa286608.2{662_M781}	TGTTCTTATg	CCTGACAAcA	TTGCACATGG	TGAAAGTCAT	GGGCAGTTGA
msa286608.2{662_A909}	TGTTCTTATg	CCTGACAAcA	TTGCACATGG	TGAAAGTCAT	GGGCAGTTGA
msa286608.2{662_H36B}	TGTTCTTATg	CCTGACAAcA	TTGCACATGG	TGAAAGTCAT	GGGCAGTTGA
msa286608.2{662_090}	TGTTCTTATg	CCTGACAAcA	TTGCACATGG	TGAAAGTCAT	GGGCAGTTGA
msa286608.2{662_CJB110}	TGTTCTTATg	CCTGACAAcA	TTGCACATGG	TGAAAGTCAT	GGGCAGTTGA
msa286608.2{662_18RS21}	TGTTCTTATg	CCTGACAAcA	TTGCACATGG	TGAAAGTCAT	GGGCAGTTGA
msa286608.2{662_2603}	TGTTCTTATg	CCTGACAAcA	TTGCACATGG	TGAAAGTCAT	GGGCAGTTGA
msa286608.2{662_JM9130013}	TGTTCTTATg	CCTGACAAcA	TTGCACATGG	TGAAAGTCAT	GGGCAGTTGA
msa286608.2{662_1169NT}	TGTTCTTATg	CCTGACAAcA	TTGCACATGG	TGAAAGTCAT	GGGCAGTTGA
Consensus	*****-*	*****-*	*****	*****	*****
401					
msa286608.2{662_COH1}	TAGGCTATGG	CTGGAACGAC	CGCGAGAACA	TTATCAAATG	GACAGAAATG
msa286608.2{662_M732}	TAGGCTATGG	CTGGAACGAC	CGCGAGAACA	TTATCAAATG	GACAGAAATG
msa286608.2{662_M781}	TAGGCTATGG	CTGGAACGAC	CGCGAGAACA	TTATCAAATG	GACAGAAATG
msa286608.2{662_A909}	TAGGCTATGG	CTGGAACGAC	CGCGAGAACA	TTATCAAATG	GACAGAAATG
msa286608.2{662_H36B}	TAGGCTATGG	CTGGAACGAC	CGCGAGAACA	TTATCAAATG	GACAGAAATG
msa286608.2{662_090}	TAGGCTATGG	CTGGAACGAC	CGCGAGAACA	TTATCAAATG	GACAGAAATG
msa286608.2{662_CJB110}	TAGGCTATGG	CTGGAACGAC	CGCGAGAACA	TTATCAAATG	GACAGAAATG
msa286608.2{662_18RS21}	TAGGCTATGG	CTGGAACGAC	CGCGAGAACA	TTATCAAATG	GACAGAAATG
msa286608.2{662_2603}	TAGGCTATGG	CTGGAACGAC	CGCGAGAACA	TTATCAAATG	GACAGAAATG
msa286608.2{662_JM9130013}	TAGGCTATGG	CTGGAACGAC	CGCGAGAACA	TTATCAAATG	GACAGAAATG
msa286608.2{662_1169NT}	TAGGCTATGG	CTGGAACGAC	CGCGAGAACA	TTATCAAATG	GACAGAAATG
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
451					
msa286608.2{662_COH1}	ATAGTgGATA	AGAATcCATC	AAGCCAAATT	ACTTTATTG	GTGTTTCAAT
msa286608.2{662_M732}	ATAGTgGATA	AGAATcCATC	AAGCCAAATT	ACTTTATTG	GTGTTTCAAT
msa286608.2{662_M781}	ATAGTgGATA	AGAATcCATC	AAGCCAAATT	ACTTTATTG	GTGTTTCAAT
msa286608.2{662_A909}	ATAGTtGATA	AGAATcCATC	AAGCCAAATT	ACTTTATTG	GTGTTTCAAT
msa286608.2{662_H36B}	ATAGTtGATA	AGAATcCATC	AAGCCAAATT	ACTTTATTG	GTGTTTCAAT
msa286608.2{662_090}	ATAGTtGATA	AGAATcCATC	AAGCCAAATT	ACTTTATTG	GTGTTTCAAT
msa286608.2{662_CJB110}	ATAGTtGATA	AGAATcCATC	AAGCCAAATT	ACTTTATTG	GTGTTTCAAT
msa286608.2{662_18RS21}	ATAGTtGATA	AGAATcCATC	AAGCCAAATT	ACTTTATTG	GTGTTTCAAT
msa286608.2{662_2603}	ATAGTtGATA	AGAATcCATC	AAGCCAAATT	ACTTTATTG	GTGTTTCAAT
msa286608.2{662_JM9130013}	ATAGTtGATA	AGAATcCATC	AAGCCAAATT	ACTTTATTG	GTGTTTCAAT
msa286608.2{662_1169NT}	ATAGTtGATA	AGAATcCATC	AAGCCAAATT	ACTTTATTG	GTGTTTCAAT
Consensus	*****-****	*****-****	*****	*****	*****
501					
msa286608.2{662_COH1}	GGGTGGAGCA	ACAGTCATGA	TGGCTAGTGG	TGAAAAATTA	CCTAGTCAGG
msa286608.2{662_M732}	GGGTGGAGCA	ACAGTCATGA	TGGCTAGTGG	TGAAAAATTA	CCTAGTCAGG
msa286608.2{662_M781}	GGGTGGAGCA	ACAGTCATGA	TGGCTAGTGG	TGAAAAATTA	CCTAGTCAGG
msa286608.2{662_A909}	GGGTGGAGCA	ACAGTCATGA	TGGCTAGTGG	TGAAAAATTA	CCTAGTCAGG
msa286608.2{662_H36B}	GGGTGGAGCA	ACAGTCATGA	TGGCTAGTGG	TGAAAAATTA	CCTAGTCAGG
msa286608.2{662_090}	GGGTGGAGCA	ACAGTCATGA	TGGCTAGTGG	TGAAAAATTA	CCTAGTCAGG
msa286608.2{662_CJB110}	GGGTGGAGCA	ACAGTCATGA	TGGCTAGTGG	TGAAAAATTA	CCTAGTCAGG
msa286608.2{662_18RS21}	GGGTGGAGCA	ACAGTCATGA	TGGCTAGTGG	TGAAAAATTA	CCTAGTCAGG
msa286608.2{662_2603}	GGGTGGAGCA	ACAGTCATGA	TGGCTAGTGG	TGAAAAATTA	CCTAGTCAGG
msa286608.2{662_JM9130013}	GGGTGGAGCA	ACAGTCATGA	TGGCTAGTGG	TGAAAAATTA	CCTAGTCAGG
msa286608.2{662_1169NT}	GGGTGGAGCA	ACAGTCATGA	TGGCTAGTGG	TGAAAAATTA	CCTAGTCAGG
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
551					
msa286608.2{662_COH1}	TTGTTAATAT	CATTGAAGAT	TGtGGTTATT	CTaGTGTTTG	GGATGAATTA
msa286608.2{662_M732}	TTGTTAATAT	CATTGAAGAT	TGtGGTTATT	CTaGTGTTTG	GGATGAATTA
msa286608.2{662_M781}	TTGTTAATAT	CATTGAAGAT	TGtGGTTATT	CTaGTGTTTG	GGATGAATTA
msa286608.2{662_A909}	TTGTTAATAT	CATTGAAGAT	TGcGGTTATT	CTgGTGTTTG	GGATGAATTA
msa286608.2{662_H36B}	TTGTTAATAT	CATTGAAGAT	TGcGGTTATT	CTgGTGTTTG	GGATGAATTA
msa286608.2{662_090}	TTGTTAATAT	CATTGAAGAT	TGcGGTTATT	CTaGTGTTTG	GGATGAATTA
msa286608.2{662_CJB110}	TTGTTAATAT	CATTGAAGAT	TGcGGTTATT	CTaGTGTTTG	GGATGAATTA
msa286608.2{662_18RS21}	TTGTTAATAT	CATTGAAGAT	TGcGGTTATT	CTaGTGTTTG	GGATGAATTA
msa286608.2{662_2603}	TTGTTAATAT	CATTGAAGAT	TGcGGTTATT	CTaGTGTTTG	GGATGAATTA
msa286608.2{662_JM9130013}	TTGTTAATAT	CATTGAAGAT	TGcGGTTATT	CTaGTGTTTG	GGATGAATTA
msa286608.2{662_1169NT}	TTGTTAATAT	CATTGAAGAT	TGcGGTTATT	CTaGTGTTTG	GGATGAATTA
Consensus	*****	*****	**-*****	**-*****	*****
601					
msa286608.2{662_COH1}	AAATTCAGG	CTAAAGAGAT	GTATGGTTTA	CCAGCCTTCC	CACCTCTTATA
msa286608.2{662_M732}	AAATTCAGG	CTAAAGAGAT	GTATGGTTTA	CCAGCCTTCC	CACCTCTTATA
msa286608.2{662_M781}	AAATTCAGG	CTAAAGAGAT	GTATGGTTTA	CCAGCCTTCC	CACCTCTTATA
msa286608.2{662_A909}	AAATTCAGG	CTAAAGAGAT	GTATGGTTTA	CCAGCCTTCC	CACCTCTTATA
msa286608.2{662_H36B}	AAATTCAGG	CTAAAGAGAT	GTATGGTTTA	CCAGCCTTCC	CACCTCTTATA
msa286608.2{662_090}	AAATTCAGG	CTAAAGAGAT	GTATGGTTTA	CCAGCCTTCC	CACCTCTTATA
msa286608.2{662_CJB110}	AAATTCAGG	CTAAAGAGAT	GTATGGTTTA	CCAGCCTTCC	CACCTCTTATA
msa286608.2{662_18RS21}	AAATTCAGG	CTAAAGAGAT	GTATGGTTTA	CCAGCCTTCC	CACCTCTTATA
msa286608.2{662_2603}	AAATTCAGG	CTAAAGAGAT	GTATGGTTTA	CCAGCCTTCC	CACCTCTTATA
msa286608.2{662_JM9130013}	AAATTCAGG	CTAAAGAGAT	GTATGGTTTA	CCAGCCTTCC	CACCTCTTATA
msa286608.2{662_1169NT}	AAATTCAGG	CTAAAGAGAT	GTATGGTTTA	CCAGCCTTCC	CACCTCTTATA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
651					
msa286608.2{662_COH1}	TGAAGTTTCA	ACAATTTCTA	AAATCAGAGC	AGGTTTTTCG	TATGGACAAG

Table 83: Comparative Sequences relating to SAG0108

msa286608.2{662_M732}	TGAAGTTTCA	ACAATTCTA	AAATCAGAGC	AGGTTTTTCG	TATGGACAAG
msa286608.2{662_M781}	TGAAGTTTCA	ACAATTCTA	AAATCAGAGC	AGGTTTTTCG	TATGGACAAG
msa286608.2{662_A909}	TGAAGTTTCA	ACAATTCTA	AAATCAGAGC	AGGTTTTTCG	TATGGACAAG
msa286608.2{662_H36B}	TGAAGTTTCA	ACAATTCTA	AAATCAGAGC	AGGTTTTTCG	TATGGACAAG
msa286608.2{662_090}	TGAAGTTTCA	ACAATTCTA	AAATCAGAGC	AGGTTTTTCG	TATGGACAAG
msa286608.2{662_CJB110}	TGAAGTTTCA	ACAATTCTA	AAATCAGAGC	AGGTTTTTCG	TATGGACAAG
msa286608.2{662_18RS21}	TGAAGTTTCA	ACAATTCTA	AAATCAGAGC	AGGTTTTTCG	TATGGACAAG
msa286608.2{662_2603}	TGAAGTTTCA	ACAATTCTA	AAATCAGAGC	AGGTTTTTCG	TATGGACAAG
msa286608.2{662_JM9130013}	TGAAGTTTCA	ACAATTCTA	AAATCAGAGC	AGGTTTTTCG	TATGGACAAG
msa286608.2{662_1169NT}	TGAAGTTTCA	ACAATTCTA	AAATCAGAGC	AGGTTTTTCG	TATGGACAAG
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
701					
msa286608.2{662_COH1}	CAAGTAGTGT	cGAACAATTG	AAAAAGAATA	ATTTACCAGC	CCTCTTTATT
msa286608.2{662_M732}	CAAGTAGTGT	cGAACAATTG	AAAAAGAATA	ATTTACCAGC	CCTCTTTATT
msa286608.2{662_M781}	CAAGTAGTGT	cGAACAATTG	AAAAAGAATA	ATTTACCAGC	CCTCTTTATT
msa286608.2{662_A909}	CAAGTAGTGT	cGAACAATTG	AAAAAGAATA	ATTTACCAGC	CCTCTTTATT
msa286608.2{662_H36B}	CAAGTAGTGT	cGAACAATTG	AAAAAGAATA	ATTTACCAGC	CCTCTTTATT
msa286608.2{662_090}	CAAGTAGTGT	cGAACAATTG	AAAAAGAATA	ATTTACCAGC	CCTCTTTATT
msa286608.2{662_CJB110}	CAAGTAGTGT	cGAACAATTG	AAAAAGAATA	ATTTACCAGC	CCTCTTTATT
msa286608.2{662_18RS21}	CAAGTAGTGT	cGAACAATTG	AAAAAGAATA	ATTTACCAGC	CCTCTTTATT
msa286608.2{662_2603}	CAAGTAGTGT	cGAACAATTG	AAAAAGAATA	ATTTACCAGC	CCTCTTTATT
msa286608.2{662_JM9130013}	CAAGTAGTGT	cGAACAATTG	AAAAAGAATA	ATTTACCAGC	CCTCTTTATT
msa286608.2{662_1169NT}	CAAGTAGTGT	aGAACAATTG	AAAAAGAATA	ATTTACCAGC	CCTCTTTATT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
751					
msa286608.2{662_COH1}	CATGGTGATA	AGGATAAATT	TGTTCCAACA	AGTATGGTTT	ATGACAACCTA
msa286608.2{662_M732}	CATGGTGATA	AGGATAAATT	TGTTCCAACA	AGTATGGTTT	ATGACAACCTA
msa286608.2{662_M781}	CATGGTGATA	AGGATAAATT	TGTTCCAACA	AGTATGGTTT	ATGACAACCTA
msa286608.2{662_A909}	CATGGTGATA	AGGATAAATT	TGTTCCAACA	AGTATGGTTT	ATGACAACCTA
msa286608.2{662_H36B}	CATGGTGATA	AGGATAAATT	TGTTCCAACA	AGTATGGTTT	ATGACAACCTA
msa286608.2{662_090}	CATGGTGATA	AGGATAAATT	TGTTCCAACA	AGTATGGTTT	ATGACAACCTA
msa286608.2{662_CJB110}	CATGGTGATA	AGGATAAATT	TGTTCCAACA	AGTATGGTTT	ATGACAACCTA
msa286608.2{662_18RS21}	CATGGTGATA	AGGATAAATT	TGTTCCAACA	AGTATGGTTT	ATGACAACCTA
msa286608.2{662_2603}	CATGGTGATA	AGGATAAATT	TGTTCCAACA	AGTATGGTTT	ATGACAACCTA
msa286608.2{662_JM9130013}	CATGGTGATA	AGGATAAATT	TGTTCCAACA	AGTATGGTTT	ATGACAACCTA
msa286608.2{662_1169NT}	CATGGTGATA	AGGATAAATT	TGTTCCAACA	AGTATGGTTT	ATGACAACCTA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
801					
msa286608.2{662_COH1}	TAAAGCTACA	GCAGGTAAGA	AAGAGCTTTA	TATTGTAAAA	GGGGCAAAC
msa286608.2{662_M732}	TAAAGCTACA	GCAGGTAAGA	AAGAGCTTTA	TATTGTAAAA	GGGGCAAAC
msa286608.2{662_M781}	TAAAGCTACA	GCAGGTAAGA	AAGAGCTTTA	TATTGTAAAA	GGGGCAAAC
msa286608.2{662_A909}	TAAAGCTACA	GCAGGTAAGA	AAGAGCTTTA	TATTGTAAAA	GGGGCAAAC
msa286608.2{662_H36B}	TAAAGCTACA	GCAGGTAAGA	AAGAGCTTTA	TATTGTAAAA	GGGGCAAAC
msa286608.2{662_090}	TAAAGCTACA	GCAGGTAAGA	AAGAGCTTTA	TATTGTAAAA	GGGGCAAAC
msa286608.2{662_CJB110}	TAAAGCTACA	GCAGGTAAGA	AAGAGCTTTA	TATTGTAAAA	GGGGCAAAC
msa286608.2{662_18RS21}	TAAAGCTACA	GCAGGTAAGA	AAGAGCTTTA	TATTGTAAAA	GGGGCAAAC
msa286608.2{662_2603}	TAAAGCTACA	GCAGGTAAGA	AAGAGCTTTA	TATTGTAAAA	GGGGCAAAC
msa286608.2{662_JM9130013}	TAAAGCTACA	GCAGGTAAGA	AAGAGCTTTA	TATTGTAAAA	GGGGCAAAC
msa286608.2{662_1169NT}	TAAAGCTACA	GCAGGTAAGA	AAGAGCTTTA	TATTGTAAAA	GGGGCAAAC
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
851					
msa286608.2{662_COH1}	ATGCGAAATC	TTTTGAAACA	GAGCCAGAAA	AATATGAGAA	ACGTATCTCT
msa286608.2{662_M732}	ATGCGAAATC	TTTTGAAACA	GAGCCAGAAA	AATATGAGAA	ACGTATCTCT
msa286608.2{662_M781}	ATGCGAAATC	TTTTGAAACA	GAGCCAGAAA	AATATGAGAA	ACGTATCTCT
msa286608.2{662_A909}	ATGCGAAATC	TTTTGAAACA	GAGCCAGAAA	AATATGAGAA	ACGTATCTCT
msa286608.2{662_H36B}	ATGCGAAATC	TTTTGAAACA	GAGCCAGAAA	AATATGAGAA	ACGTATCTCT
msa286608.2{662_090}	ATGCGAAATC	TTTTGAAACA	GAGCCAGAAA	AATATGAGAA	ACGTATCTCT
msa286608.2{662_CJB110}	ATGCGAAATC	TTTTGAAACA	GAGCCAGAAA	AATATGAGAA	ACGTATCTCT
msa286608.2{662_18RS21}	ATGCGAAATC	TTTTGAAACA	GAGCCAGAAA	AATATGAGAA	ACGTATCTCT
msa286608.2{662_2603}	ATGCGAAATC	TTTTGAAACA	GAGCCAGAAA	AATATGAGAA	ACGTATCTCT
msa286608.2{662_JM9130013}	ATGCGAAATC	TTTTGAAACA	GAGCCAGAAA	AATATGAGAA	ACGTATCTCT
msa286608.2{662_1169NT}	ATGCGAAATC	TTTTGAAACA	GAGCCAGAAA	AATATGAGAA	ACGTATCTCT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
901					
msa286608.2{662_COH1}	AGTTTTTTGA	AAAAATATGA	AAAA		
msa286608.2{662_M732}	AGTTTTTTGA	AAAAATATGA	AAAA		
msa286608.2{662_M781}	AGTTTTTTGA	AAAAATATGA	AAAA		
msa286608.2{662_A909}	AGTTTTTTGA	AAAAATATGA	AAAA		
msa286608.2{662_H36B}	AGTTTTTTGA	AAAAATATGA	AAAA		
msa286608.2{662_090}	AGTTTTTTGA	AAAAATATGA	AAAA		
msa286608.2{662_CJB110}	AGTTTTTTGA	AAAAATATGA	AAAA		
msa286608.2{662_18RS21}	AGTTTTTTGA	AAAAATATGA	AAAA		
msa286608.2{662_2603}	AGTTTTTTGA	AAAAATATGA	AAAA		
msa286608.2{662_JM9130013}	AGTTTTTTGA	AAAAATATGA	AAAA		
msa286608.2{662_1169NT}	AGTTTTTTGA	AAAAATATGA	AAAA		
Consensus	*****	*****	****		
924					

Table 83: Comparative Sequences relating to SAG0108

**STRAIN 2603 frame: 1**

MKKIRLSKFIKMIIVVILFLISVAASFYFFHVAQVRDDKSFISNGQRKPGNSLYAYDKSFD  
KLLKQKIEMTNQNIKQVAVYVPAVKKTKHTAVVHGFANSKENMKAYGWLPHKLGYNVLM  
PDNIAHGESHGQLIGYGWNDRENI IKWTEMIVDKNPSSQITLFGVSMGGATVMMASGEKL  
PSQVVNI IEDCGYSSVWDELKQAKEMYGLPAFPLLYEVSTISKIRAGFSYGQASSVEQL  
KKNNLPALFIHGDKDNFVPTSMVYDNYKATAGKKELYIVKGAKHAKSFETEPEKEYEKRIS  
SFLKKYK

**SEQ ID NO. 8313****STRAIN 090 frame: 1**

ASFYFFHVAQVRDDKSFISNGQRKPGNSLYAYDKSFDKLLKQKIEMTNQNIKQVAVYVPA  
AKKTKHTAVVHGFANSKENMKAYGWLPHKLGYNVLMPDNIAHGESHGQLIGYGWNDREN  
IIKWTEMIVDKNPSSQITLFGVSMGGATVMMASGEKLPSQVVNI IEDCGYSSVWDELKQ  
AKEMYGLPAFPLLYEVSTISKIRAGFSYGQASSVEQLKKNNLPALFIHGDKDNFVPTSMV  
YDNYKATAGKKELYIVKGAKHAKSFETEPEKEYEKRISFLKKYK

**SEQ ID NO. 8314****STRAIN A909 frame: 3**

SFISNGQRKPGNSLYAYDKSFDKLLKQKIEMTNQNIKQVAVYVPAKKTKHTAVVHGFAN  
SKENMKAYGWLPHKLGYNVLMPDNIAHGESHGQLIGYGWNDRENI IKWTEMIVDKNSSS  
QITLFGVSMGGATVMMASGEKLPSQVVNI IEDCGYSSVWDELKQAKEMYGLPAFPLLYE  
VSTISKIRAGFSYGQASSVEQLKKNNLPALFIHGDKDNFVPTSMVYDNYKATAGKKELYI  
VKGAKHAKSFETEPEKEYEKRISFLKKYK

**SEQ ID NO. 8315****STRAIN H36B frame: 1**

SFYFFHVAQVRDDKSFISNGQRKPGNSLYAYDKSFDKLLKQKIEMTNQNIKQVAVYVPA  
KKTKHTAVVHGFANSKENMKAYGWLPHKLGYNVLMPDNIAHGESHGQLIGYGWNDRENI  
IKWTEMIVDKNSSSQITLFGVSMGGATVMMASGEKLPSQVVNI IEDCGYSSVWDELKQ  
AKEMYGLPAFPLLYEVSTISKIRAGFSYGQASSVEQLKKNNLPALFIHGDKDNFVPTSMV  
YDNYKATAGKKELYIVKGAKHAKSFETEPEKEYEKRISFLKKYK

**SEQ ID NO. 8316****STRAIN 18RS21 frame: 1**

ASFYFFHVAQVRDDKSFISNGQRKPGNSLYAYDKSFDKLLKQKIEMTNQNIKQVAVYVPA  
VKTKHTAVVHGFANSKENMKAYGWLPHKLGYNVLMPDNIAHGESHGQLIGYGWNDREN  
IIKWTEMIVDKNPSSQITLFGVSMGGATVMMASGEKLPSQVVNI IEDCGYSSVWDELKQ  
AKEMYGLPAFPLLYEVSTISKIRAGFSYGQASSVEQLKKNNLPALFIHGDKDNFVPTSMV  
YDNYKATAGKKELYIVKGAKHAKSFETEPEKEYEKRISFLKKYK

**SEQ ID NO. 8317****STRAIN M732 frame: 1**

ASFYFFHVAQVRDDKSFISNGQRKPGNSLYAYDKSFDKLLKQKIEMTNQNIKQVAVYVPA  
AKKTKHTAVVHGFANSKENMKAYGWLPHKLGYNVLMPDNIAHGESHGQLIGYGWNDREN  
IIKWTEMIVDKNPSSQITLFGVSMGGATVMMASGEKLPSQVVNI IEDCGYSSVWDELKQ  
AKEMYGLPAFPLLYEVSTISKIRAGFSYGQASSVEQLKKNNLPALFIHGDKDNFVPTSMV  
YDNYKATAGKKELYIVKGAKHAKSFETEPEKEYEKRISFLKKYK

**SEQ ID NO. 8318****STRAIN COH1 frame: 1**

ASFYFFHVAQVRDDKSFISNGQRKPGNSLYAYDKSFDKLLKQKIEMTNQNIKQVAVYVPA  
AKKTKHTAVVHGFANSKENMKAYGWLPHKLGYNVLMPDNIAHGESHGQLIGYGWNDREN  
IIKWTEMIVDKNPSSQITLFGVSMGGATVMMASGEKLPSQVVNI IEDCGYSSVWDELKQ  
AKEMYGLPAFPLLYEVSTISKIRAGFSYGQASSVEQLKKNNLPALFIHGDKDNFVPTSMV  
YDNYKATAGKKELYIVKGAKHAKSFETEPEKEYEKRISFLKKYK

**SEQ ID NO. 8319****STRAIN M781 frame: 1**

ASFYFFHVAQVRDDKSFISNGQRKPGNSLYAYDKSFDKLLKQKIEMTNQNIKQVAVYVPA  
AKKTKHTAVVHGFANSKENMKAYGWLPHKLGYNVLMPDNIAHGESHGQLIGYGWNDREN  
IIKWTEMIVDKNPSSQITLFGVSMGGATVMMASGEKLPSQVVNI IEDCGYSSVWDELKQ  
AKEMYGLPAFPLLYEVSTISKIRAGFSYGQASSVEQLKKNNLPALFIHGDKDNFVPTSMV  
YDNYKATAGKKELYIVKGAKHAKSFETEPEKEYEKRISFLKKYK

**SEQ ID NO. 8320****STRAIN CJB110 frame: 1**

ASFYFFHVAQVRDDKSFISNGQRKPGNSLYAYDKSFDKLLKQKIEMTNQNIKQVAVYVPA  
AKKTKHTAVVHGFANSKENMKAYGWLPHKLGYNVLMPDNIAHGESHGQLIGYGWNDREN  
IIKWTEMIVDKNPSSQITLFGVSMGGATVMMASGEKLPSQVVNI IEDCGYSSVWDELKQ  
AKEMYGLPAFPLLYEVSTISKIRAGFSYGQASSVEQLKKNNLPALFIHGDKDNFVPTSMV  
YDNYKATAGKKELYIVKGAKHAKSFETEPEKEYEKRISFLKKYK

**SEQ ID NO. 8321****STRAIN 1169NT frame: 1**

ASFYFFHVAQVRDDKSFISNGQRKPGNSLYAYDKSFDKLLKQKIEMTNQNIKQVAVYVPA  
AKKTKHTAVVHGFANSKENMKAYGWLPHKLGYNVLI PDNIAHGESHGQLIGYGWNDREN  
IIKWTEMIVDKNPSSQITLFGVSMGGATVMMASGEKLPSQVVNI IEDCGYSSVWDELKQ  
AKEMYGLPAFPLLYEVSTISKIRAGFSYGQASSVEQLKKNNLPALFIHGDKDNFVPTSMV  
YDNYKATAGKKELYIVKGAKHAKSFETEPEKEYEKRISFLKKYK

**SEQ ID NO. 8322**



Table 83: Comparative Sequences relating to SAG0108

STRAIN JM9130013 frame: 1

ASFYFFHVAQVRDDKSPISNGQRKPGNSLYAYDKSFDKLLKQKIEMTNQNIQVAVWVPA  
 VKKTHKTAUVVHGFANSKENMKAYGWL FHKLGYNVLPDNIAGHESHGQLIGYGWNDREN  
 I IKWTEIMVDKNPSSQITLFGVSMGGATVMASGEKLPSSQVNNI IEDCGYSSVWDELKPFQ  
 AKEMYGLPAFPLLYEVSTISKIRAGFSYGOASSVEQLKQNNLPALFIHGDKNDFVPTSMV  
 YDNYKATAGKKELYIVKGAKHAKSFETPEKYEKRISFLKQYK

PRETTY of: /biotmp/msa286876.2(\*) February 24, 2003 06:46 ..

	1				50
msa286876.2{662_A909}	-----	-----	-----	-----SF	ISNGQRKPGN
msa286876.2{662_H36B}	-----	-----	-----SFYFFH	VAQVRDDKSF	ISNGQRKPGN
msa286876.2{662_COH1}	-----	-----	-----ASFYFFH	VAQVRDDKSF	ISNGQRKPGN
msa286876.2{662_M732}	-----	-----	-----ASFYFFH	VAQVRDDKSF	ISNGQRKPGN
msa286876.2{662_M781}	-----	-----	-----ASFYFFH	VAQVRDDKSF	ISNGQRKPGN
msa286876.2{662_18RS21}	-----	-----	-----ASFYFFH	VAQVRDDKSF	ISNGQRKPGN
msa286876.2{662_2603}	mkkirlskfi	kmivvllfli	svaASFYFFH	VAQVRDDKSF	ISNGQRKPGN
msa286876.2{662_JM9130013}	-----	-----	-----ASFYFFH	VAQVRDDKSF	ISNGQRKPGN
msa286876.2{662_090}	-----	-----	-----ASFYFFH	VAQVRDDKSF	ISNGQRKPGN
msa286876.2{662_CJB110}	-----	-----	-----ASFYFFH	VAQVRDDKSF	ISNGQRKPGN
msa286876.2{662_1169NT}	-----	-----	-----ASFYFFH	VAQVRDDKSF	ISNGQRKPGN
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
	51				100
msa286876.2{662_A909}	SLYAYDKSFD	KLLKQKIEMT	NQNIQVAVW	VPAaKKTHTK	avVVHGFANS
msa286876.2{662_H36B}	SLYAYDKSFD	KLLKQKIEMT	NQNIQVAVW	VPAaKKTHTK	avVVHGFANS
msa286876.2{662_COH1}	SLYAYDKSFD	KLLKQKIEMT	NQNIQVAVW	VPAaKKTHTK	avVVHGFANS
msa286876.2{662_M732}	SLYAYDKSFD	KLLKQKIEMT	NQNIQVAVW	VPAaKKTHTK	avVVHGFANS
msa286876.2{662_M781}	SLYAYDKSFD	KLLKQKIEMT	NQNIQVAVW	VPAaKKTHTK	avVVHGFANS
msa286876.2{662_18RS21}	SLYAYDKSFD	KLLKQKIEMT	NQNIQVAVW	VPAaKKTHTK	avVVHGFANS
msa286876.2{662_2603}	SLYAYDKSFD	KLLKQKIEMT	NQNIQVAVW	VPAaKKTHTK	avVVHGFANS
msa286876.2{662_JM9130013}	SLYAYDKSFD	KLLKQKIEMT	NQNIQVAVW	VPAaKKTHTK	avVVHGFANS
msa286876.2{662_090}	SLYAYDKSFD	KLLKQKIEMT	NQNIQVAVW	VPAaKKTHTK	avVVHGFANS
msa286876.2{662_CJB110}	SLYAYDKSFD	KLLKQKIEMT	NQNIQVAVW	VPAaKKTHTK	avVVHGFANS
msa286876.2{662_1169NT}	SLYAYDKSFD	KLLKQKIEMT	NQNIQVAVW	VPAaKKTHTK	avVVHGFANS
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
	101				150
msa286876.2{662_A909}	KENMKAYGWL	FHKLGYNVLM	PDNIAGHESH	GQLIGYGWND	RENI IKWTEM
msa286876.2{662_H36B}	KENMKAYGWL	FHKLGYNVLM	PDNIAGHESH	GQLIGYGWND	RENI IKWTEM
msa286876.2{662_COH1}	KENMKAYGWL	FHKLGYNVLM	PDNIAGHESH	GQLIGYGWND	RENI IKWTEM
msa286876.2{662_M732}	KENMKAYGWL	FHKLGYNVLM	PDNIAGHESH	GQLIGYGWND	RENI IKWTEM
msa286876.2{662_M781}	KENMKAYGWL	FHKLGYNVLM	PDNIAGHESH	GQLIGYGWND	RENI IKWTEM
msa286876.2{662_18RS21}	KENMKAYGWL	FHKLGYNVLM	PDNIAGHESH	GQLIGYGWND	RENI IKWTEM
msa286876.2{662_2603}	KENMKAYGWL	FHKLGYNVLM	PDNIAGHESH	GQLIGYGWND	RENI IKWTEM
msa286876.2{662_JM9130013}	KENMKAYGWL	FHKLGYNVLM	PDNIAGHESH	GQLIGYGWND	RENI IKWTEM
msa286876.2{662_090}	KENMKAYGWL	FHKLGYNVLM	PDNIAGHESH	GQLIGYGWND	RENI IKWTEM
msa286876.2{662_CJB110}	KENMKAYGWL	FHKLGYNVLM	PDNIAGHESH	GQLIGYGWND	RENI IKWTEM
msa286876.2{662_1169NT}	KENMKAYGWL	FHKLGYNVLM	PDNIAGHESH	GQLIGYGWND	RENI IKWTEM
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
	151				200
msa286876.2{662_A909}	IVDKNpSSQI	TLFGVSMGGA	TVMASGEKL	PSQVNNIED	CGYSgVWDEL
msa286876.2{662_H36B}	IVDKNpSSQI	TLFGVSMGGA	TVMASGEKL	PSQVNNIED	CGYSgVWDEL
msa286876.2{662_COH1}	IVDKNpSSQI	TLFGVSMGGA	TVMASGEKL	PSQVNNIED	CGYSgVWDEL
msa286876.2{662_M732}	IVDKNpSSQI	TLFGVSMGGA	TVMASGEKL	PSQVNNIED	CGYSgVWDEL
msa286876.2{662_M781}	IVDKNpSSQI	TLFGVSMGGA	TVMASGEKL	PSQVNNIED	CGYSgVWDEL
msa286876.2{662_18RS21}	IVDKNpSSQI	TLFGVSMGGA	TVMASGEKL	PSQVNNIED	CGYSgVWDEL
msa286876.2{662_2603}	IVDKNpSSQI	TLFGVSMGGA	TVMASGEKL	PSQVNNIED	CGYSgVWDEL
msa286876.2{662_JM9130013}	IVDKNpSSQI	TLFGVSMGGA	TVMASGEKL	PSQVNNIED	CGYSgVWDEL
msa286876.2{662_090}	IVDKNpSSQI	TLFGVSMGGA	TVMASGEKL	PSQVNNIED	CGYSgVWDEL
msa286876.2{662_CJB110}	IVDKNpSSQI	TLFGVSMGGA	TVMASGEKL	PSQVNNIED	CGYSgVWDEL
msa286876.2{662_1169NT}	IVDKNpSSQI	TLFGVSMGGA	TVMASGEKL	PSQVNNIED	CGYSgVWDEL
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
	201				250
msa286876.2{662_A909}	KFOAKEMYGL	PAFPLLYEVS	TISKIRAGFS	YGQASSVEQL	KQNNLPALFI
msa286876.2{662_H36B}	KFOAKEMYGL	PAFPLLYEVS	TISKIRAGFS	YGQASSVEQL	KQNNLPALFI
msa286876.2{662_COH1}	KFOAKEMYGL	PAFPLLYEVS	TISKIRAGFS	YGQASSVEQL	KQNNLPALFI
msa286876.2{662_M732}	KFOAKEMYGL	PAFPLLYEVS	TISKIRAGFS	YGQASSVEQL	KQNNLPALFI
msa286876.2{662_M781}	KFOAKEMYGL	PAFPLLYEVS	TISKIRAGFS	YGQASSVEQL	KQNNLPALFI
msa286876.2{662_18RS21}	KFOAKEMYGL	PAFPLLYEVS	TISKIRAGFS	YGQASSVEQL	KQNNLPALFI
msa286876.2{662_2603}	KFOAKEMYGL	PAFPLLYEVS	TISKIRAGFS	YGQASSVEQL	KQNNLPALFI
msa286876.2{662_JM9130013}	KFOAKEMYGL	PAFPLLYEVS	TISKIRAGFS	YGQASSVEQL	KQNNLPALFI
msa286876.2{662_090}	KFOAKEMYGL	PAFPLLYEVS	TISKIRAGFS	YGQASSVEQL	KQNNLPALFI
msa286876.2{662_CJB110}	KFOAKEMYGL	PAFPLLYEVS	TISKIRAGFS	YGQASSVEQL	KQNNLPALFI
msa286876.2{662_1169NT}	KFOAKEMYGL	PAFPLLYEVS	TISKIRAGFS	YGQASSVEQL	KQNNLPALFI
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
	251				300
msa286876.2{662_A909}	HGDKDNFVPT	SMVYDNYKAT	AGKKELYIVK	GAKHAKSFET	EPEKYEKRIS
msa286876.2{662_H36B}	HGDKDNFVPT	SMVYDNYKAT	AGKKELYIVK	GAKHAKSFET	EPEKYEKRIS
msa286876.2{662_COH1}	HGDKDNFVPT	SMVYDNYKAT	AGKKELYIVK	GAKHAKSFET	EPEKYEKRIS

**Table 83: Comparative Sequences relating to SAG0108**

msa286876.2{662_M732}	HGDKDNFVPT	SMVYDNYKAT	AGKKELYIVK	GAKHAKSFET	EPEKYEKRIS
msa286876.2{662_M781}	HGDKDNFVPT	SMVYDNYKAT	AGKKELYIVK	GAKHAKSFET	EPEKYEKRIS
msa286876.2{662_18RS21}	HGDKDNFVPT	SMVYDNYKAT	AGKKELYIVK	GAKHAKSFET	EPEKYEKRIS
msa286876.2{662_2603}	HGDKDNFVPT	SMVYDNYKAT	AGKKELYIVK	GAKHAKSFET	EPEKYEKRIS
msa286876.2{662_JM9130013}	HGDKDNFVPT	SMVYDNYKAT	AGKKELYIVK	GAKHAKSFET	EPEKYEKRIS
msa286876.2{662_090}	HGDKDNFVPT	SMVYDNYKAT	AGKKELYIVK	GAKHAKSFET	EPEKYEKRIS
msa286876.2{662_CJB110}	HGDKDNFVPT	SMVYDNYKAT	AGKKELYIVK	GAKHAKSFET	EPEKYEKRIS
msa286876.2{662_1169NT}	HGDKDNFVPT	SMVYDNYKAT	AGKKELYIVK	GAKHAKSFET	EPEKYEKRIS
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
301					
msa286876.2{662_A909}	SFLKKYEK				
msa286876.2{662_H36B}	SFLKKYEK				
msa286876.2{662_COH1}	SFLKKYEK				
msa286876.2{662_M732}	SFLKKYEK				
msa286876.2{662_M781}	SFLKKYEK				
msa286876.2{662_18RS21}	SFLKKYEK				
msa286876.2{662_2603}	SFLKKYEK				
msa286876.2{662_JM9130013}	SFLKKYEK				
msa286876.2{662_090}	SFLKKYEK				
msa286876.2{662_CJB110}	SFLKKYEK				
msa286876.2{662_1169NT}	SFLKKYEK				
Consensus	*****				

Table 84: Comparative Sequences relating to SAG0267

SEQ ID NO. 8401

STRAIN 2603

ATGATGAAAGTTTGTAGCCTTTGATACCTTCAAGCAAAGCACTATCAGTGGCTGTACTAAAC  
 AATATGGAATGTTTAGCGACTGTCACTATCAATATCAAAAAGAATCATAGCATTAAATTG  
 ATGCCAGCCATTGATTTTAAATGCAATCAATTGATTTAGAACCTCAAGATTGGACCGT  
 ATCGTAGTAGCAGAGGGTCCAGGATCTTATACGGGCTTACGTGTAGCTGTTGCTACAGCA  
 AAAATGCTAGCTTATACGCTTAAGATTGACTTAGTTGGAGTATCTAGCCTGTACGCTTTA  
 ACAANTGGATTTTCAGAAAATGATTTATTGGTACCCTTATAGATGCACGACGTAATAAT  
 GTTTATGTTGGTTTCTATCAAAATGGTGATCTGTTAAACCAGACTGTCACACTTCTCTT  
 GAAGAAGTCTTACAAGAGGTGGGGAATAAAGCCAAATGTTCAATTTGTGCGAGAGGTTGCA  
 GCATTTTGTGATCAGATTAAAGAAAGCCTTACCACATGCTAAAATACAGAAACTTTACCT  
 TGTGCAGTAGCAATTGGGCGCAAAGGACAAAAATGAAAAGCGTTAATGTAGATGCGTTT  
 GTTCCACGATACTTAAAACGTGTTGAAGCTGAGGAAAATGGTTAAAAAACCACTGTGAA  
 ACGAATACAGAGAATATATTAGAGAGTT

SEQ ID NO. 8402

STRAIN 090

AAAGTTTGTAGCCTTTGATACCTTCAAGCAAAGCACTATCAGTGGCTGTACT  
 AAACAATATGGAATGTTTAGCGACTGTCACTATCAATATCAAAAAGAATC  
 ATAGCATTAAATTGATGCCAGCCATTGATTTTAAATGCAATCAATTGAT  
 TTAGAACCCTCAAGATTGGACCGTATCGTAGTGGCAGAGGGTCCAGGATC  
 TTATACGGGCTTACGTGTAGCTGTTGCTACAGCAAAAATGCTAGCTTATA  
 CGCTTAAGATTGACTTAGTTGGAGTATCTAGCCTGTACGCTTTAAACAAAT  
 GGATTTTCAGAAAATGATTTGTTGGTACCCTTATAGATGCACGACGTA  
 CAATGTTTATGTTGGTTTCTATCAAAATGGTGATCTGTTAAACCAGACT  
 GTCACACTTCTCTTGAAGAAGTCTTACAAGAGGTGGGGAATAAAGCCAAAT  
 GTTCATTTGTGCGAGAGGTTGCAGCATTTTGTGATCAGATTAAAGAAAGC  
 CTTACCATGCTAAAATACAGAAACTTTACCTTGTGCAAGTGGCAATTG  
 GCGCAAAAGGACAAAATGGAAGCGTTAATGTAGATGCGTTTGTCCA  
 CGTACTTAAAACGAGTTGAAGCTGAGGAAAATGGTTAAAAAACCACTG  
 TGAACGAAT

SEQ ID NO. 8403

STRAIN A909

AAAGTTTGTAGCCTTTGATACCTTCAAGCAAAGCACTATCAG  
 TGGCTGTACTAAACAATATGGAATGTTTAGCGACTGTCACTATCAATATC  
 AAAAAGAATCATAGCATTAAATTGATGCCAGCCATTGATTTTAAATGCA  
 ATCAATTGATTTAGAACCTCAAGATTGGACCGTATCGTAGTAGCAGAGG  
 GTCCAGGATCTTATACGGGCTTACGTGTAGCTGTTGCTACAGCAAAAATG  
 CTAGCTTATACGCTTAAGATTGACTTAGTTGGAGTATCTAGCCTGTACGC  
 TTTAAACAATGGATTTTCAGAAAATGATTTATTGGTACCCTTATAGATG  
 CACGACGTAACAATGTTTATGTTGGTTTCTATCAAAATGGAGATCTGTT  
 AAACCAGACTGTCACACTTCTCTTGAAGAAGTCTTACAAGAGGTGGGGA  
 TAAAGCCAATGTTTCAATTTGTGCGAGAGGTTGCAGCATTTGTTGACCAGA  
 tTAAAGAAAGTTTACCAATGCTAAAATACAGAACTTTACCTTGTGCA  
 GtGGCAATTGGGCGCAAAGGACAAAATGAAAAGCGTTAATGTAGATGC  
 GTTTGTTCCACGATACTTAAAACGTGTTGAAGCTGAGGAAAATGGTTAA  
 GAAACCACTGTGAAACGAAT

SEQ ID NO. 8404

STRAIN H36B

AAAGTTTGTAGCCTTTGATACCTTCAAGCAAAGCACTATCA  
 GTGGCTGTACTAAACAATATGGAATGTTTAGCGACTGTCACTATCAATAT  
 CAAAAGAATCATAGCATTAAATTGATGCCAGCCATTGATTTTAAATGCA  
 AATCAATTGATTTAGAACCTCAAGATTGGACCGTATCGTAGTAGCAGAG  
 GGTCCAGGATCTTATACGGGCTTACGTGTAGCTGTTGCTACAGCAAAAATG  
 GCTAGCTTATACGCTTAAGATTGACTTAGTTGGAGTATCTAGCCTGTACG  
 CTTTAAACAATGGATTTTCAGAAAATGATTTATTGGTACCCTTATAGAT  
 GCACGACGTAACAATGTTTATGTTGGTTTCTATCAAAATGGAGATCTGT  
 TAAACCAGACTGTCACACTTCTCTTGAAGAAGTCTTACAAGAGGTGGGGA  
 ATAAAGCCAATGTTTCAATTTGTGCGAGAGGTTGCAGCATTTGTTGACCAG  
 ATTAAGAAAGTTTACCAATGCTAAAATACAGAACTTTACCTTGTGCA  
 AGTGGCAATTGGGCGCAAAGGACAAAATGAAAAGCGTTAATGTAGATG  
 CGTTTGTCCACGATACTTAAAACGTGTTGAAGCTGAGGAAAATGGTTA  
 AGAAACCACTGTGAAACGAATACAGAAGAATATATTAGAGAGTT

SEQ ID NO. 8405

STRAIN 18RS21

AAAGTTTGTAGCCTTTGATACCTTCAAGCAAAGCACTATCA  
 GTGGCTGTACTAAACAATATGGAATGTTTAGCGACTGTCACTATCAATAT  
 CAAAAGAATCATAGCATTAAATTGATGCCAGCCATTGATTTTAAATGCA  
 AATCAATTGATTTAGAACCTCAAGATTGGACCGTATCGTAGTAGCAGAG  
 GGTCCAGGATCTTATACGGGCTTACGTGTAGCTGTTGCTACAGCAAAAAT  
 GCTAGCTTATACGCTTAAGATTGACTTAGTTGGAGTATCTAGCCTGTACG  
 CTTTAAACAATGGATTTTCAGAAAATGATTTATTGGTACCCTTATAGAT  
 GCACGACGTAACAATGTTTATGTTGGTTTCTATCAAAATGGTGATCTGT  
 TAAACCAGACTGTCACACTTCTCTTGAAGAAGTCTTACAAGAGGTGGGGA  
 ATAAAGCCAATGTTTCAATTTGTGCGAGAGGTTGCAGCATTTTGTGATCAG  
 ATTAAGAAAGTTTACCAATGCTAAAATACAGAACTTTACCTTGTGCA  
 AGTGGCAATTGGGCGCAAAGGACAAAATGAAAAGCGTTAATGTAGATG  
 CGTTTGTCCACGATACTTAAAACGTGTTGAAGCTGAGGAAAATGGTTA  
 AGAAACCACTGTGAAACGAATACAGAAGAATATATTAGAGAGTT

Table 84: Comparative Sequences relating to SAG0267

SEQ ID NO. 8406

STRAIN M732

AAAGTTTTCAGCCTTTGATACCTTCAAGCAAAGCACTATCA  
 GTGGCTGTACTAAACAATATGGAATGTTTAGCGACTGTCACTATCAATAT  
 CAAAAGAATCATAGCATTAAATTTGATGCCAGCCATTGATTTTTTAATGC  
 AATCAATTGATTTAGAACCTCAAGATTGGACCGTATCGTAGTCAGAG  
 GGTCCAGGATCTTATACGGGCTTACGTGTAGCTGTGTGTACAGCAAAAT  
 GCTAGCTTATACGCTTAAGATTGACTTAGTTGGAGTATCTAGCCTGTACG  
 CTTTAAACAAATGGATTTTCAGAAAATGATTTATTGGTACCCTTATAGAT  
 GCACGACGTAAACAATGTTTATGTTGGTTTCTATCAAAATGGTGATACTGT  
 TAAACGAGCTGTCACTTCTCTTGAAGAAGTCTTACAAGAGGTGGGGA  
 ATAAAGCCAAATGTTTCATTTTGTGGAGAGGTTGCAGCATTTTTTGATCAG  
 ATTAAGAAAGCCTTACCACATGCTAAAATTACAGAACTTTACCTTGTGC  
 AGTAGCAATTGGGCGCAAAGGACAAAAATGAAAAGCGTTAATGTAGAnn  
 CGTTTGTTCACGATACTTAAAACGTGTTGAAGCTGAGGAAAATTGGTTA  
 AAAAACCACTGTGAAACGAATACAGAAGATATATTAAAGAGAGTT

SEQ ID NO. 8407

STRAIN COH1

AAAGTTTTCAGCCTTTGATACCTTCAAGCAAAGCAC  
 TATCAGTGGCTGTACTAAACAATATGGAATGTTTAGCGACTGTCACTATC  
 AATATCAAAAAGAATCATAGCATTAAATTTGATGCCAGCCATTGATTTTTT  
 AATGCAATCAATTGATTTAGAACCTCAAGATTGGACCGTATCGTAGTAG  
 CAGAGGGTCCAGGATCTTATACGGGCTTACGTGTAGCTGTGTGTACAGCA  
 AAAATGCTAGCTTATACGCTTAAGATTGACTTAGTTGGAGTATCTAGCCT  
 GTACGCTTTAAACAAATGGATTTTCAGAAAATGATTTATTGGTACCCTTA  
 TAGATGCACGACGTAAACAATGTTTATGTTGGTTTCTATCAAAATGGTGAT  
 ACTGTTAAACGAGCTGTCACTTCTCTTGAAGAAGTCTTACAAGAGGT  
 GGGGAATAAGCCAAATGTTTCATTTTGTGGAGAGGTTGCAGCATTTTTTG  
 ATCAGATTAAAGAAAGCCTTACCACATGCTAAAATTACAGAACTTTACCT  
 TGTGCAATGAGCAATTGGGCGCAAAGGACAAAAATGAAAAGCGTTAATGT  
 AGATGCGTTTGTTCACGATACTTAAAACGTGTTGAAGCTGAGGAAAATT  
 GGTAAAAAACCACTGTGAAACGAATACAGAAGATATATTAAAGAGAGTT

SEQ ID NO. 8408

STRAIN M781

AAAGTTTTCAGCCTTTGATACCTTCAAGCAAAGCACTA  
 TCAGTGGCTGTACTAAACAATATGGAATGTTTAGCGACTGTCACTATCAA  
 TATCAAAAAGAATCATAGCATTAAATTTGATGCCAGCCATTGATTTTTTAA  
 TGCAATCAATTGATTTAGAACCTCAAGATTGGACCGTATCGTAGTATCA  
 GAGGGTCCAGGATCTTATACGGGCTTACGTGTAGCTGTGTGTACAGCAAA  
 AATGCTAGCTTATACGCTTAAGATTGACTTAGTTGGAGTATCTAGCCTGT  
 ACGCTTTAAACAAATGGATTTTCAGAAAATGATTTATTGGTACCCTTATA  
 GATGCACGACGTAAACAATGTTTATGTTGGTTTCTATCAAAATGGTGATAC  
 TGTTAAACGAGCTGTCACTTCTCTTGAAGAAGTCTTACAAGAGGTGG  
 GGAATAAGCCAAATGTTTCATTTTGTGGAGAGGTTGCAGCATTTTTTGAT  
 CAGATTAAAGAAAGCCTTACCACATGCTAAAATTACAGAACTTTACCTTG  
 TGCAGTAGCAATTGGGCGCAAAGGACAAAAATGAAAAGCGTTAATGTAG  
 ATGCGTTTGTTCACGATACTTAAAACGTGTTGAAGCTGAGGAAAATTGG  
 TAAAAAACCACTGTGAAACGAATACAGAAGATATATTAAAGAGAGTT

SEQ ID NO. 8409

STRAIN CJB110

AAAGTTTTCAGCCTTTGATACCTTCAAGCAAAGCACTATCA  
 GTGGCTGTACTAAACAATATGGAATGTTTAGCGACTGTCACTATCAATAT  
 CAAAAGAATCATAGCATTAAATTTGATGCCAGCCATTGATTTTTTAATGC  
 AATCAATTGATTTAGAACCTCAAGATTGGACCGTATCGTAGTGGCAGAG  
 GGTCCAGGATCTTATACGGGCTTACGTGTAGCTGTGTGTACAGCAAAAT  
 GCTAGCTTATACGCTTAAGATTGACTTAGTTGGAGTATCTAGCCTGTACG  
 CTTTAAACAAATGGATTTTCAGAAAATGATTTGTTGGTACCCTTATAGAT  
 GCACGACGTAAACAATGTTTATGTTGGTTTCTATCAAAATGGTGATACTGT  
 TAAACGAGCTGTCACTTCTCTTGAAGAAGTCTTACAAGAGGTGGGGA  
 ATAAAGCCAAATGTTTCATTTTGTGGAGAGGTTGCAGCATTTTTTGATCAG  
 ATTAAGAAAGCCTTACCACATGCTAAAATTACAGAACTTTACCTTGTGC  
 AGTGGCAATTGGGCGCAAAGGACAAAAATGAAAAGCGTTAATGTAGATG  
 CGTTTGTTCACGATACTTAAAACGTGTTGAAGCTGAGGAAAATTGGTTA  
 AAAAACCACTGTGAAACGAATACAGAAGATATATTAAAGAGAGTT

SEQ ID NO. 8410

STRAIN 1169NT

AAAGTTTTCAGCCTTTGATACCTTCAAGCAAAGCACTATCA  
 GTGGCTGTACTAAACAATATGGAATGTTTAGCGACTGTCACTATCAATAT  
 CAAAAGAATCATAGCATTAAATTTGATGCCAGCCATTGATTTTTTAATGC  
 AATCAATTGATTTAGAACCTCAAGATTGGACCGTATCGTAGTGGCAGAG  
 GGTCCAGGATCTTATACGGGCTTACGTGTAGCTGTGTGTACAGCAAAAT  
 GCTAGCTTATACGCTTAAGATTGACTTAGTTGGAGTATCTAGCCTGTACG  
 CTTTAAACAAATGGATTTTCAGAAAATGATTTGTTGGTACCCTTATAGAT  
 GCACGACGTAAACAATGTTTATGTTGGTTTCTATCAAAATGGTGATACTGT  
 TAAACGAGCTGTCACTTCTCTTGAAGAAGTCTTACAAGAGGTGGGGA  
 ATAAAGCCAAATGTTTCATTTTGTGGAGAGGTTGCAGCATTTTTTGATCAG  
 ATTAAGAAAGCCTTACCACATGCTAAAATTACAGAACTTTACCTTGTGC  
 AGTGGCAATTGGGCGCAAAGGACAAAAATGAAAAGCGTTAATGTAGATG  
 CGTTTGTTCACGATACTTAAAACGTGTTGAAGCTGAGGAAAATTGGTTA  
 AAAAACCACTGTGAAACGAATACAGAAGATATATTAAAGAGAGTT

Table 84: Comparative Sequences relating to SAG0267

AGTGGCAATTGGGCGCAAAGGACAAAAATGGAAAGCGTTAATGTAgATG  
CGTTTGTTCACGATACCTTAAACGCTGTTGAAGCTGAgGAAATTTGGTTA  
AAAAACCACTGTGAAACGAATACAGAAGATATATTAAAGAGAGTT

SEQ ID NO. 8411

STRAIN JM9130013

AAAGTTTTAGCCTTTGATACCTTCAAGCAAAGCACTATCA  
GTGGCTGTACTAAACAATATGGAATGTTTAGCGACTGTCACTATCAATAT  
CAAAAGAATCATAGCATTAAATTTGATGCCAGCCATTGATTTTTTAATGC  
AATCAATTGATTTAGAACCTCAAGATTGGACCGTATCGTAGTAGCAGAG  
GGTCCAGGATCTTATACGGGCTTACGTGTAGCTGTTGCTACAGCAAAAT  
GCTAGCTTATACGCTTAAGATTGACTTAGTTGGAGTATCTAGCCTGTACG  
CTTTAACAAATGGATTTCAGAAAATGATTTATTTGGTACCCTTATAGAT  
GCACGACGTAACAATGTTTATGTTGGTTCTATCAAAATGGAGATACTGT  
TAAACCAGACTGTACACCTTCTCTTGAAGAAGTCTTACAAGAGGTGGGA  
ATAAAGCCCAATGTTTCATTTTGTGCGAGAGGTTGCAGCATTGTTGACCAG  
ATTAAAGAAGTTTACACATGCTAAAATACAGAACTTTACCTTGTGC  
AGTGGCAATTGGGCGCAAAGGACAAAAATGGAAAGCGTTAATGTAGATG  
CGTTTGTTCACGATACCTTAAACGCTGTTGAAGCTGAGGAAATTTGGTTA  
AGAAACCACTGTGAAACGAATACAGAAGATATATTAAAGAGAGTT

PRETTY of: /biotmp/msa521675.2[\*] March 10, 2003 08:34 ..

	1		50
msa521675.2{69_A909}	-----AAAG	TTTTAGCCTT	TGATACCTCA AGCAAAGCAC TATCAGTGGC
msa521675.2{69_H36B}	-----AAAG	TTTTAGCCTT	TGATACCTCA AGCAAAGCAC TATCAGTGGC
msa521675.2{69_JM9130013}	-----AAAG	TTTTAGCCTT	TGATACCTCA AGCAAAGCAC TATCAGTGGC
msa521675.2{69_1169NT}	-----AAAG	TTTTAGCCTT	TGATACCTCA AGCAAAGCAC TATCAGTGGC
msa521675.2{69_090}	-----AAAG	TTTTAGCCTT	TGATACCTCA AGCAAAGCAC TATCAGTGGC
msa521675.2{69_CJB110}	-----AAAG	TTTTAGCCTT	TGATACCTCA AGCAAAGCAC TATCAGTGGC
msa521675.2{69_18RS21}	-----AAAG	TTTTAGCCTT	TGATACCTCA AGCAAAGCAC TATCAGTGGC
msa521675.2{69_2603}	atgatgAAAG	TTTTAGCCTT	TGATACCTCA AGCAAAGCAC TATCAGTGGC
msa521675.2{69_COH1}	-----AAAG	TTTTAGCCTT	TGATACCTCA AGCAAAGCAC TATCAGTGGC
msa521675.2{69_M732}	-----AAAG	TTTTAGCCTT	TGATACCTCA AGCAAAGCAC TATCAGTGGC
msa521675.2{69_M781}	-----AAAG	TTTTAGCCTT	TGATACCTCA AGCAAAGCAC TATCAGTGGC
Consensus	*****	*****	*****

	51		100
msa521675.2{69_A909}	TGTACTAAAC	AATATGGAAT	GTTTAGCGAC TGTCACATC AATATCAAAA
msa521675.2{69_H36B}	TGTACTAAAC	AATATGGAAT	GTTTAGCGAC TGTCACATC AATATCAAAA
msa521675.2{69_JM9130013}	TGTACTAAAC	AATATGGAAT	GTTTAGCGAC TGTCACATC AATATCAAAA
msa521675.2{69_1169NT}	TGTACTAAAC	AATATGGAAT	GTTTAGCGAC TGTCACATC AATATCAAAA
msa521675.2{69_090}	TGTACTAAAC	AATATGGAAT	GTTTAGCGAC TGTCACATC AATATCAAAA
msa521675.2{69_CJB110}	TGTACTAAAC	AATATGGAAT	GTTTAGCGAC TGTCACATC AATATCAAAA
msa521675.2{69_18RS21}	TGTACTAAAC	AATATGGAAT	GTTTAGCGAC TGTCACATC AATATCAAAA
msa521675.2{69_2603}	TGTACTAAAC	AATATGGAAT	GTTTAGCGAC TGTCACATC AATATCAAAA
msa521675.2{69_COH1}	TGTACTAAAC	AATATGGAAT	GTTTAGCGAC TGTCACATC AATATCAAAA
msa521675.2{69_M732}	TGTACTAAAC	AATATGGAAT	GTTTAGCGAC TGTCACATC AATATCAAAA
msa521675.2{69_M781}	TGTACTAAAC	AATATGGAAT	GTTTAGCGAC TGTCACATC AATATCAAAA
Consensus	*****	*****	*****

	101		150
msa521675.2{69_A909}	AGAATCATAG	CATTAAATTG	ATGCCAGCCA TTGATTTTTT AATGCAATCA
msa521675.2{69_H36B}	AGAATCATAG	CATTAAATTG	ATGCCAGCCA TTGATTTTTT AATGCAATCA
msa521675.2{69_JM9130013}	AGAATCATAG	CATTAAATTG	ATGCCAGCCA TTGATTTTTT AATGCAATCA
msa521675.2{69_1169NT}	AGAATCATAG	CATTAAATTG	ATGCCAGCCA TTGATTTTTT AATGCAATCA
msa521675.2{69_090}	AGAATCATAG	CATTAAATTG	ATGCCAGCCA TTGATTTTTT AATGCAATCA
msa521675.2{69_CJB110}	AGAATCATAG	CATTAAATTG	ATGCCAGCCA TTGATTTTTT AATGCAATCA
msa521675.2{69_18RS21}	AGAATCATAG	CATTAAATTG	ATGCCAGCCA TTGATTTTTT AATGCAATCA
msa521675.2{69_2603}	AGAATCATAG	CATTAAATTG	ATGCCAGCCA TTGATTTTTT AATGCAATCA
msa521675.2{69_COH1}	AGAATCATAG	CATTAAATTG	ATGCCAGCCA TTGATTTTTT AATGCAATCA
msa521675.2{69_M732}	AGAATCATAG	CATTAAATTG	ATGCCAGCCA TTGATTTTTT AATGCAATCA
msa521675.2{69_M781}	AGAATCATAG	CATTAAATTG	ATGCCAGCCA TTGATTTTTT AATGCAATCA
Consensus	*****	*****	*****

	151		200
msa521675.2{69_A909}	ATTGATTTAG	AACCTCAAGA	TTTGGACCGT ATCGTAGTAg CAGAGGGTCC
msa521675.2{69_H36B}	ATTGATTTAG	AACCTCAAGA	TTTGGACCGT ATCGTAGTAg CAGAGGGTCC
msa521675.2{69_JM9130013}	ATTGATTTAG	AACCTCAAGA	TTTGGACCGT ATCGTAGTAg CAGAGGGTCC
msa521675.2{69_1169NT}	ATTGATTTAG	AACCTCAAGA	TTTGGACCGT ATCGTAGTAg CAGAGGGTCC
msa521675.2{69_090}	ATTGATTTAG	AACCTCAAGA	TTTGGACCGT ATCGTAGTAg CAGAGGGTCC
msa521675.2{69_CJB110}	ATTGATTTAG	AACCTCAAGA	TTTGGACCGT ATCGTAGTAg CAGAGGGTCC
msa521675.2{69_18RS21}	ATTGATTTAG	AACCTCAAGA	TTTGGACCGT ATCGTAGTAg CAGAGGGTCC
msa521675.2{69_2603}	ATTGATTTAG	AACCTCAAGA	TTTGGACCGT ATCGTAGTAg CAGAGGGTCC
msa521675.2{69_COH1}	ATTGATTTAG	AACCTCAAGA	TTTGGACCGT ATCGTAGTAg CAGAGGGTCC
msa521675.2{69_M732}	ATTGATTTAG	AACCTCAAGA	TTTGGACCGT ATCGTAGTAg CAGAGGGTCC
msa521675.2{69_M781}	ATTGATTTAG	AACCTCAAGA	TTTGGACCGT ATCGTAGTAg CAGAGGGTCC
Consensus	*****	*****	*****

	201		250
msa521675.2{69_A909}	AGGATCTTAT	ACGGGCTTAC	GTGTAGCTGT TGCTACAGCA AAAATGCTAG
msa521675.2{69_H36B}	AGGATCTTAT	ACGGGCTTAC	GTGTAGCTGT TGCTACAGCA AAAATGCTAG

Table 84: Comparative Sequences relating to SAG0267

msa521675.2{69_JM9130013}	AGGATCTTAT	ACGGGCTTAC	GTGTAGCTGT	TGCTACAGCA	AAAATGCTAG
msa521675.2{69_1169NT}	AGGATCTTAT	ACGGGCTTAC	GTGTAGCTGT	TGCTACAGCA	AAAATGCTAG
msa521675.2{69_090}	AGGATCTTAT	ACGGGCTTAC	GTGTAGCTGT	TGCTACAGCA	AAAATGCTAG
msa521675.2{69_CJB110}	AGGATCTTAT	ACGGGCTTAC	GTGTAGCTGT	TGCTACAGCA	AAAATGCTAG
msa521675.2{69_18RS21}	AGGATCTTAT	ACGGGCTTAC	GTGTAGCTGT	TGCTACAGCA	AAAATGCTAG
msa521675.2{69_2603}	AGGATCTTAT	ACGGGCTTAC	GTGTAGCTGT	TGCTACAGCA	AAAATGCTAG
msa521675.2{69_COH1}	AGGATCTTAT	ACGGGCTTAC	GTGTAGCTGT	TGCTACAGCA	AAAATGCTAG
msa521675.2{69_M732}	AGGATCTTAT	ACGGGCTTAC	GTGTAGCTGT	TGCTACAGCA	AAAATGCTAG
msa521675.2{69_M781}	AGGATCTTAT	ACGGGCTTAC	GTGTAGCTGT	TGCTACAGCA	AAAATGCTAG
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa521675.2{69_A909}	CTTATACGCT	TAAGATTGAC	TTAGTTGGAG	TATCTAGCCT	GTACGCTTTA
msa521675.2{69_H36B}	CTTATACGCT	TAAGATTGAC	TTAGTTGGAG	TATCTAGCCT	GTACGCTTTA
msa521675.2{69_JM9130013}	CTTATACGCT	TAAGATTGAC	TTAGTTGGAG	TATCTAGCCT	GTACGCTTTA
msa521675.2{69_1169NT}	CTTATACGCT	TAAGATTGAC	TTAGTTGGAG	TATCTAGCCT	GTACGCTTTA
msa521675.2{69_090}	CTTATACGCT	TAAGATTGAC	TTAGTTGGAG	TATCTAGCCT	GTACGCTTTA
msa521675.2{69_CJB110}	CTTATACGCT	TAAGATTGAC	TTAGTTGGAG	TATCTAGCCT	GTACGCTTTA
msa521675.2{69_18RS21}	CTTATACGCT	TAAGATTGAC	TTAGTTGGAG	TATCTAGCCT	GTACGCTTTA
msa521675.2{69_2603}	CTTATACGCT	TAAGATTGAC	TTAGTTGGAG	TATCTAGCCT	GTACGCTTTA
msa521675.2{69_COH1}	CTTATACGCT	TAAGATTGAC	TTAGTTGGAG	TATCTAGCCT	GTACGCTTTA
msa521675.2{69_M732}	CTTATACGCT	TAAGATTGAC	TTAGTTGGAG	TATCTAGCCT	GTACGCTTTA
msa521675.2{69_M781}	CTTATACGCT	TAAGATTGAC	TTAGTTGGAG	TATCTAGCCT	GTACGCTTTA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa521675.2{69_A909}	ACAAATGGAT	TTTCAGAAAA	TGATTTaTTG	GTACCACITTA	TAGATGCACG
msa521675.2{69_H36B}	ACAAATGGAT	TTTCAGAAAA	TGATTTaTTG	GTACCACITTA	TAGATGCACG
msa521675.2{69_JM9130013}	ACAAATGGAT	TTTCAGAAAA	TGATTTaTTG	GTACCACITTA	TAGATGCACG
msa521675.2{69_1169NT}	ACAAATGGAT	TTTCAGAAAA	TGATTTaTTG	GTACCACITTA	TAGATGCACG
msa521675.2{69_090}	ACAAATGGAT	TTTCAGAAAA	TGATTTgTTG	GTACCACITTA	TAGATGCACG
msa521675.2{69_CJB110}	ACAAATGGAT	TTTCAGAAAA	TGATTTgTTG	GTACCACITTA	TAGATGCACG
msa521675.2{69_18RS21}	ACAAATGGAT	TTTCAGAAAA	TGATTTaTTG	GTACCACITTA	TAGATGCACG
msa521675.2{69_2603}	ACAAATGGAT	TTTCAGAAAA	TGATTTaTTG	GTACCACITTA	TAGATGCACG
msa521675.2{69_COH1}	ACAAATGGAT	TTTCAGAAAA	TGATTTaTTG	GTACCACITTA	TAGATGCACG
msa521675.2{69_M732}	ACAAATGGAT	TTTCAGAAAA	TGATTTaTTG	GTACCACITTA	TAGATGCACG
msa521675.2{69_M781}	ACAAATGGAT	TTTCAGAAAA	TGATTTaTTG	GTACCACITTA	TAGATGCACG
Consensus	*****	*****	*****-***	*****	*****
msa521675.2{69_A909}	ACGTAACaAT	GTTTATGTTG	GTTTCTATCA	AAATGGaGAT	ACTGTTAAAC
msa521675.2{69_H36B}	ACGTAACaAT	GTTTATGTTG	GTTTCTATCA	AAATGGaGAT	ACTGTTAAAC
msa521675.2{69_JM9130013}	ACGTAACaAT	GTTTATGTTG	GTTTCTATCA	AAATGGaGAT	ACTGTTAAAC
msa521675.2{69_1169NT}	ACGTAACaAT	GTTTATGTTG	GTTTCTATCA	AAATGGtGAT	ACTGTTAAAC
msa521675.2{69_090}	ACGTAACaAT	GTTTATGTTG	GTTTCTATCA	AAATGGtGAT	ACTGTTAAAC
msa521675.2{69_CJB110}	ACGTAACaAT	GTTTATGTTG	GTTTCTATCA	AAATGGtGAT	ACTGTTAAAC
msa521675.2{69_18RS21}	ACGTAACaAT	GTTTATGTTG	GTTTCTATCA	AAATGGtGAT	ACTGTTAAAC
msa521675.2{69_2603}	ACGTAACaAT	GTTTATGTTG	GTTTCTATCA	AAATGGtGAT	ACTGTTAAAC
msa521675.2{69_COH1}	ACGTAACaAT	GTTTATGTTG	GTTTCTATCA	AAATGGtGAT	ACTGTTAAAC
msa521675.2{69_M732}	ACGTAACaAT	GTTTATGTTG	GTTTCTATCA	AAATGGtGAT	ACTGTTAAAC
msa521675.2{69_M781}	ACGTAACaAT	GTTTATGTTG	GTTTCTATCA	AAATGGtGAT	ACTGTTAAAC
Consensus	*****-***	*****	*****	*****-***	*****
msa521675.2{69_A909}	CAGACTGTCA	CACITCTCTT	GAAGAAGTCT	TACAAGAGGT	GGGGAATAAA
msa521675.2{69_H36B}	CAGACTGTCA	CACITCTCTT	GAAGAAGTCT	TACAAGAGGT	GGGGAATAAA
msa521675.2{69_JM9130013}	CAGACTGTCA	CACITCTCTT	GAAGAAGTCT	TACAAGAGGT	GGGGAATAAA
msa521675.2{69_1169NT}	CAGACTGTCA	CACITCTCTT	GAAGAAGTCT	TACAAGAGGT	GGGGAATAAA
msa521675.2{69_090}	CAGACTGTCA	CACITCTCTT	GAAGAAGTCT	TACAAGAGGT	GGGGAATAAA
msa521675.2{69_CJB110}	CAGACTGTCA	CACITCTCTT	GAAGAAGTCT	TACAAGAGGT	GGGGAATAAA
msa521675.2{69_18RS21}	CAGACTGTCA	CACITCTCTT	GAAGAAGTCT	TACAAGAGGT	GGGGAATAAA
msa521675.2{69_2603}	CAGACTGTCA	CACITCTCTT	GAAGAAGTCT	TACAAGAGGT	GGGGAATAAA
msa521675.2{69_COH1}	CAGACTGTCA	CACITCTCTT	GAAGAAGTCT	TACAAGAGGT	GGGGAATAAA
msa521675.2{69_M732}	CAGACTGTCA	CACITCTCTT	GAAGAAGTCT	TACAAGAGGT	GGGGAATAAA
msa521675.2{69_M781}	CAGACTGTCA	CACITCTCTT	GAAGAAGTCT	TACAAGAGGT	GGGGAATAAA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa521675.2{69_A909}	GCCAATGTTT	ATTTTGTGCG	AGAGGTTGCA	GCATTTgTTG	AcCAGATTAA
msa521675.2{69_H36B}	GCCAATGTTT	ATTTTGTGCG	AGAGGTTGCA	GCATTTgTTG	AcCAGATTAA
msa521675.2{69_JM9130013}	GCCAATGTTT	ATTTTGTGCG	AGAGGTTGCA	GCATTTgTTG	AcCAGATTAA
msa521675.2{69_1169NT}	GCCAATGTTT	ATTTTGTGCG	AGAGGTTGCA	GCATTTgTTG	AcCAGATTAA
msa521675.2{69_090}	GCCAATGTTT	ATTTTGTGCG	AGAGGTTGCA	GCATTTtTTG	AtCAGATTAA
msa521675.2{69_CJB110}	GCCAATGTTT	ATTTTGTGCG	AGAGGTTGCA	GCATTTtTTG	AtCAGATTAA
msa521675.2{69_18RS21}	GCCAATGTTT	ATTTTGTGCG	AGAGGTTGCA	GCATTTtTTG	AtCAGATTAA
msa521675.2{69_2603}	GCCAATGTTT	ATTTTGTGCG	AGAGGTTGCA	GCATTTtTTG	AtCAGATTAA
msa521675.2{69_COH1}	GCCAATGTTT	ATTTTGTGCG	AGAGGTTGCA	GCATTTtTTG	AtCAGATTAA
msa521675.2{69_M732}	GCCAATGTTT	ATTTTGTGCG	AGAGGTTGCA	GCATTTtTTG	AtCAGATTAA
msa521675.2{69_M781}	GCCAATGTTT	ATTTTGTGCG	AGAGGTTGCA	GCATTTtTTG	AtCAGATTAA
Consensus	*****	*****	*****	*****-***	*-*****
msa521675.2{69_A909}	GAAAGtTTA	CCACATGCTA	AAATTACAGA	AACTTTACCT	TGTGCACTgG

Table 84: Comparative Sequences relating to SAG0267

msa521675.2{69_H36B}	GAAAGctTTA	CCACATGCTA	AAATTACAGA	AACTTTACCT	TGTGCAGTgG
msa521675.2{69_JM9130013}	GAAAGctTTA	CCACATGCTA	AAATTACAGA	AACTTTACCT	TGTGCAGTgG
msa521675.2{69_1169NT}	GAAAGctTTA	CCACATGCTA	AAATTACAGA	AACTTTACCT	TGTGCAGTgG
msa521675.2{69_090}	GAAAGccTTA	CCACATGCTA	AAATTACAGA	AACTTTACCT	TGTGCAGTgG
msa521675.2{69_CJB110}	GAAAGccTTA	CCACATGCTA	AAATTACAGA	AACTTTACCT	TGTGCAGTgG
msa521675.2{69_18RS21}	GAAAGccTTA	CCACATGCTA	AAATTACAGA	AACTTTACCT	TGTGCAGTgG
msa521675.2{69_2603}	GAAAGccTTA	CCACATGCTA	AAATTACAGA	AACTTTACCT	TGTGCAGTgG
msa521675.2{69_COH1}	GAAAGccTTA	CCACATGCTA	AAATTACAGA	AACTTTACCT	TGTGCAGTgG
msa521675.2{69_M732}	GAAAGccTTA	CCACATGCTA	AAATTACAGA	AACTTTACCT	TGTGCAGTgG
msa521675.2{69_M781}	GAAAGccTTA	CCACATGCTA	AAATTACAGA	AACTTTACCT	TGTGCAGTgG
Consensus	*****-***	*****	*****	*****	*****-*

msa521675.2{69_A909}	CAATTGGGCG	CAAAGGACAA	AAAATGAAAA	GCCTTAATGT	AGAtgCGTTT
msa521675.2{69_H36B}	CAATTGGGCG	CAAAGGACAA	AAAATGAAAA	GCCTTAATGT	AGAtgCGTTT
msa521675.2{69_JM9130013}	CAATTGGGCG	CAAAGGACAA	AAAATGAAAA	GCCTTAATGT	AGAtgCGTTT
msa521675.2{69_1169NT}	CAATTGGGCG	CAAAGGACAA	AAAATGAAAA	GCCTTAATGT	AGAtgCGTTT
msa521675.2{69_090}	CAATTGGGCG	CAAAGGACAA	AAAATGAAAA	GCCTTAATGT	AGAtgCGTTT
msa521675.2{69_CJB110}	CAATTGGGCG	CAAAGGACAA	AAAATGAAAA	GCCTTAATGT	AGAtgCGTTT
msa521675.2{69_18RS21}	CAATTGGGCG	CAAAGGACAA	AAAATGAAAA	GCCTTAATGT	AGAtgCGTTT
msa521675.2{69_2603}	CAATTGGGCG	CAAAGGACAA	AAAATGAAAA	GCCTTAATGT	AGAtgCGTTT
msa521675.2{69_COH1}	CAATTGGGCG	CAAAGGACAA	AAAATGAAAA	GCCTTAATGT	AGAtgCGTTT
msa521675.2{69_M732}	CAATTGGGCG	CAAAGGACAA	AAAATGAAAA	GCCTTAATGT	AGAtgCGTTT
msa521675.2{69_M781}	CAATTGGGCG	CAAAGGACAA	AAAATGAAAA	GCCTTAATGT	AGAtgCGTTT
Consensus	*****	*****	*****-***	*****	***-*****

msa521675.2{69_A909}	GTTCCACGAT	ACTTAAAAACG	tGTTGAAGCT	GAGGAAAAATT	GGTTAAgAAA
msa521675.2{69_H36B}	GTTCCACGAT	ACTTAAAAACG	tGTTGAAGCT	GAGGAAAAATT	GGTTAAgAAA
msa521675.2{69_JM9130013}	GTTCCACGAT	ACTTAAAAACG	tGTTGAAGCT	GAGGAAAAATT	GGTTAAgAAA
msa521675.2{69_1169NT}	GTTCCACGAT	ACTTAAAAACG	tGTTGAAGCT	GAGGAAAAATT	GGTTAAaAAA
msa521675.2{69_090}	GTTCCACGAT	ACTTAAAAACG	aGTTGAAGCT	GAGGAAAAATT	GGTTAAaAAA
msa521675.2{69_CJB110}	GTTCCACGAT	ACTTAAAAACG	aGTTGAAGCT	GAGGAAAAATT	GGTTAAaAAA
msa521675.2{69_18RS21}	GTTCCACGAT	ACTTAAAAACG	tGTTGAAGCT	GAGGAAAAATT	GGTTAAaAAA
msa521675.2{69_2603}	GTTCCACGAT	ACTTAAAAACG	tGTTGAAGCT	GAGGAAAAATT	GGTTAAaAAA
msa521675.2{69_COH1}	GTTCCACGAT	ACTTAAAAACG	tGTTGAAGCT	GAGGAAAAATT	GGTTAAaAAA
msa521675.2{69_M732}	GTTCCACGAT	ACTTAAAAACG	tGTTGAAGCT	GAGGAAAAATT	GGTTAAaAAA
msa521675.2{69_M781}	GTTCCACGAT	ACTTAAAAACG	tGTTGAAGCT	GAGGAAAAATT	GGTTAAaAAA
Consensus	*****	*****	-*****	*****	*****-***

msa521675.2{69_A909}	CCACTGTGAA	ACGAAT----	-----	-----	690
msa521675.2{69_H36B}	CCACTGTGAA	ACGAATACAG	AAGAATATAT	TAAGAGAGTT	
msa521675.2{69_JM9130013}	CCACTGTGAA	ACGAATACAG	AAGAATATAT	TAAGAGAGTT	
msa521675.2{69_1169NT}	CCACTGTGAA	ACGAATACAG	AAGAATATAT	TAAGAGAGTT	
msa521675.2{69_090}	CCACTGTGAA	ACGAAT----	-----	-----	
msa521675.2{69_CJB110}	CCACTGTGAA	ACGAATACAG	AAGAATATAT	TAAGAGAGTT	
msa521675.2{69_18RS21}	CCACTGTGAA	ACGAATACAG	AAGAATATAT	TAAGAGAGTT	
msa521675.2{69_2603}	CCACTGTGAA	ACGAATACAG	AAGAATATAT	TAAGAGAGTT	
msa521675.2{69_COH1}	CCACTGTGAA	ACGAATACAG	AAGAATATAT	TAAGAGAGTT	
msa521675.2{69_M732}	CCACTGTGAA	ACGAATACAG	AAGAATATAT	TAAGAGAGTT	
msa521675.2{69_M781}	CCACTGTGAA	ACGAATACAG	AAGAATATAT	TAAGAGAGTT	
Consensus	*****	*****	*****	*****	

## SEQ ID NO. 8412

STRAIN 2603 frame: 1

MMKVLAFDTSSKALSVAVLNNMECLATVTINIKKNHSINLMPAIDFLMQSIDLEPQDLDR  
 IIVVAGPGSYTGLRVAVATAKMLAYTLKIDLGVVSSLYALTNGFSENLLVPLIDARRNNV  
 VYGFYQNGDTVKPDCHTSLEEVLEQVGNKANVHFVGEVAAFVDQIKKALPHAKITETLPCA  
 CAVAIGRKGQKMSVNVDAFVPRYLKRVEABENWLNHCETNTBEYIKRV

## SEQ ID NO. 8413

STRAIN 090 frame: 1

KVLAFDTSSKALSVAVLNNMECLATVTINIKKNHSINLMPAIDFLMQSIDLEPQDLDRIV  
 VAGPGSYTGLRVAVATAKMLAYTLKIDLGVVSSLYALTNGFSENLLVPLIDARRNNV  
 VYGFYQNGDTVKPDCHTSLEEVLEQVGNKANVHFVGEVAAFVDQIKKALPHAKITETLPCA  
 VAIGRKGQKMSVNVDAFVPRYLKRVEABENWLNHCETN

## SEQ ID NO. 8414

STRAIN A909 frame: 1

KVLAFDTSSKALSVAVLNNMECLATVTINIKKNHSINLMPAIDFLMQSIDLEPQDLDRIV  
 VAGPGSYTGLRVAVATAKMLAYTLKIDLGVVSSLYALTNGFSENLLVPLIDARRNNV  
 VYGFYQNGDTVKPDCHTSLEEVLEQVGNKANVHFVGEVAAFVDQIKKALPHAKITETLPCA  
 VAIGRKGQKMSVNVDAFVPRYLKRVEABENWLNHCETN

## SEQ ID NO. 8415

STRAIN H36B frame: 1

KVLAFDTSSKALSVAVLNNMECLATVTINIKKNHSINLMPAIDFLMQSIDLEPQDLDRIV  
 VAGPGSYTGLRVAVATAKMLAYTLKIDLGVVSSLYALTNGFSENLLVPLIDARRNNV  
 VYGFYQNGDTVKPDCHTSLEEVLEQVGNKANVHFVGEVAAFVDQIKKALPHAKITETLPCA  
 VAIGRKGQKMSVNVDAFVPRYLKRVEABENWLNHCETNTBEYIKRV

## SEQ ID NO. 8416

Table 84: Comparative Sequences relating to SAG0267

STRAIN 18RS21 frame: 1

KVLAFTSSKALSVAVLNNMECLATVTINIKKNHSINLMPAIDFLMQSIDLEPQDLDRIV  
 VAEGLPGSYTGLRVAVATAKMLAYTLKIDLVGVSSLYALTNGFSENDLLVPLIDARRNNVY  
 VGFYQNGDTVKPDCHTSLEEVLQEVGNKANVHFVGEVAAFDDQIKKALPHAKITETLPCA  
 VAIGRKGQMKSVNVDAFVPRYLKRVEABENWLKNHCETNTTEYIKRV

SEQ ID NO. 8417

STRAIN M732 frame: 1

KVLAFTSSKALSVAVLNNMECLATVTINIKKNHSINLMPAIDFLMQSIDLEPQDLDRIV  
 VAEGLPGSYTGLRVAVATAKMLAYTLKIDLVGVSSLYALTNGFSENDLLVPLIDARRNNVY  
 VGFYQNGDTVKPDCHTSLEEVLQEVGNKANVHFVGEVAAFDDQIKKALPHAKITETLPCA  
 VAIGRKGQMKSVNVXXFVPRYLKRVEABENWLKNHCETNTTEYIKRV

SEQ ID NO. 8418

STRAIN COH1 frame: 1

KVLAFTSSKALSVAVLNNMECLATVTINIKKNHSINLMPAIDFLMQSIDLEPQDLDRIV  
 VAEGLPGSYTGLRVAVATAKMLAYTLKIDLVGVSSLYALTNGFSENDLLVPLIDARRNNVY  
 VGFYQNGDTVKPDCHTSLEEVLQEVGNKANVHFVGEVAAFDDQIKKALPHAKITETLPCA  
 VAIGRKGQMKSVNVDAFVPRYLKRVEABENWLKNHCETNTTEYIKRV

SEQ ID NO. 8419

STRAIN M781 frame: 1

KVLAFTSSKALSVAVLNNMECLATVTINIKKNHSINLMPAIDFLMQSIDLEPQDLDRIV  
 VAEGLPGSYTGLRVAVATAKMLAYTLKIDLVGVSSLYALTNGFSENDLLVPLIDARRNNVY  
 VGFYQNGDTVKPDCHTSLEEVLQEVGNKANVHFVGEVAAFDDQIKKALPHAKITETLPCA  
 VAIGRKGQMKSVNVDAFVPRYLKRVEABENWLKNHCETNTTEYIKRV

SEQ ID NO. 8420

STRAIN CJB110 frame: 1

KVLAFTSSKALSVAVLNNMECLATVTINIKKNHSINLMPAIDFLMQSIDLEPQDLDRIV  
 VAEGLPGSYTGLRVAVATAKMLAYTLKIDLVGVSSLYALTNGFSENDLLVPLIDARRNNVY  
 VGFYQNGDTVKPDCHTSLEEVLQEVGNKANVHFVGEVAAFDDQIKKALPHAKITETLPCA  
 VAIGRKGQMKSVNVDAFVPRYLKRVEABENWLKNHCETNTTEYIKRV

SEQ ID NO. 8421

STRAIN 1169NT frame: 1

KVLAFTSSKALSVAVLNNMECLATVTINIKKNHSINLMPAIDFLMQSIDLEPQDLDRIV  
 VAEGLPGSYTGLRVAVATAKMLAYTLKIDLVGVSSLYALTNGFSENDLLVPLIDARRNNVY  
 VGFYQNGDTVKPDCHTSLEEVLQEVGNKANVHFVGEVAAFDDQIKKALPHAKITETLPCA  
 VAIGRKGQMKSVNVDAFVPRYLKRVEABENWLKNHCETNTTEYIKRV

SEQ ID NO. 8422

STRAIN JM9130013 frame: 1

KVLAFTSSKALSVAVLNNMECLATVTINIKKNHSINLMPAIDFLMQSIDLEPQDLDRIV  
 VAEGLPGSYTGLRVAVATAKMLAYTLKIDLVGVSSLYALTNGFSENDLLVPLIDARRNNVY  
 VGFYQNGDTVKPDCHTSLEEVLQEVGNKANVHFVGEVAAFDDQIKKALPHAKITETLPCA  
 VAIGRKGQMKSVNVDAFVPRYLKRVEABENWLKNHCETNTTEYIKRV

PRETTY of: /biotmp/ma521982.2{\*} March 10, 2003 08:40 ..

	1		50
ma521982.2{69_A909}	--KVLAFTDS	SKALSVAVLN NMECLATVTI	NIKKNHSINL MPAIDFLMQS
ma521982.2{69_H36B}	--KVLAFTDS	SKALSVAVLN NMECLATVTI	NIKKNHSINL MPAIDFLMQS
ma521982.2{69_JM9130013}	--KVLAFTDS	SKALSVAVLN NMECLATVTI	NIKKNHSINL MPAIDFLMQS
ma521982.2{69_090}	--KVLAFTDS	SKALSVAVLN NMECLATVTI	NIKKNHSINL MPAIDFLMQS
ma521982.2{69_CJB110}	--KVLAFTDS	SKALSVAVLN NMECLATVTI	NIKKNHSINL MPAIDFLMQS
ma521982.2{69_18RS21}	--KVLAFTDS	SKALSVAVLN NMECLATVTI	NIKKNHSINL MPAIDFLMQS
ma521982.2{69_2603}	mmKVLAFTDS	SKALSVAVLN NMECLATVTI	NIKKNHSINL MPAIDFLMQS
ma521982.2{69_COH1}	--KVLAFTDS	SKALSVAVLN NMECLATVTI	NIKKNHSINL MPAIDFLMQS
ma521982.2{69_M781}	--KVLAFTDS	SKALSVAVLN NMECLATVTI	NIKKNHSINL MPAIDFLMQS
ma521982.2{69_1169NT}	--KVLAFTDS	SKALSVAVLN NMECLATVTI	NIKKNHSINL MPAIDFLMQS
ma521982.2{69_M732}	--KVLAFTDS	SKALSVAVLN NMECLATVTI	NIKKNHSINL MPAIDFLMQS
Consensus	*****	*****	*****
	51		100
ma521982.2{69_A909}	IDLEPQDLDR	IVVaEGPGSY TGLRVAVATA	KMLAYTLKID LVGVSSLYAL
ma521982.2{69_H36B}	IDLEPQDLDR	IVVaEGPGSY TGLRVAVATA	KMLAYTLKID LVGVSSLYAL
ma521982.2{69_JM9130013}	IDLEPQDLDR	IVVaEGPGSY TGLRVAVATA	KMLAYTLKID LVGVSSLYAL
ma521982.2{69_090}	IDLEPQDLDR	IVVaEGPGSY TGLRVAVATA	KMLAYTLKID LVGVSSLYAL
ma521982.2{69_CJB110}	IDLEPQDLDR	IVVaEGPGSY TGLRVAVATA	KMLAYTLKID LVGVSSLYAL
ma521982.2{69_18RS21}	IDLEPQDLDR	IVVaEGPGSY TGLRVAVATA	KMLAYTLKID LVGVSSLYAL
ma521982.2{69_2603}	IDLEPQDLDR	IVVaEGPGSY TGLRVAVATA	KMLAYTLKID LVGVSSLYAL
ma521982.2{69_COH1}	IDLEPQDLDR	IVVaEGPGSY TGLRVAVATA	KMLAYTLKID LVGVSSLYAL
ma521982.2{69_M781}	IDLEPQDLDR	IVVaEGPGSY TGLRVAVATA	KMLAYTLKID LVGVSSLYAL
ma521982.2{69_1169NT}	IDLEPQDLDR	IVVaEGPGSY TGLRVAVATA	KMLAYTLKID LVGVSSLYAL
ma521982.2{69_M732}	IDLEPQDLDR	IVVaEGPGSY TGLRVAVATA	KMLAYTLKID LVGVSSLYAL
Consensus	*****	*****	*****
	101		150
ma521982.2{69_A909}	TNGFSENDLL	VPLIDARRNN VYVGFYQNGD	TVKPDCHTSL EEVLQEVGNK
ma521982.2{69_H36B}	TNGFSENDLL	VPLIDARRNN VYVGFYQNGD	TVKPDCHTSL EEVLQEVGNK



Table 84: Comparative Sequences relating to SAG0267

msa521982.2{69_JM9130013}	TNGFSENDLL	VPLIDARRNN	VYVGIFYQNGD	TVKPDCHTSL	EEVLQEVGNK
msa521982.2{69_090}	TNGFSENDLL	VPLIDARRNN	VYVGIFYQNGD	TVKPDCHTSL	EEVLQEVGNK
msa521982.2{69_CJB110}	TNGFSENDLL	VPLIDARRNN	VYVGIFYQNGD	TVKPDCHTSL	EEVLQEVGNK
msa521982.2{69_18RS21}	TNGFSENDLL	VPLIDARRNN	VYVGIFYQNGD	TVKPDCHTSL	EEVLQEVGNK
msa521982.2{69_2603}	TNGFSENDLL	VPLIDARRNN	VYVGIFYQNGD	TVKPDCHTSL	EEVLQEVGNK
msa521982.2{69_COH1}	TNGFSENDLL	VPLIDARRNN	VYVGIFYQNGD	TVKPDCHTSL	EEVLQEVGNK
msa521982.2{69_M781}	TNGFSENDLL	VPLIDARRNN	VYVGIFYQNGD	TVKPDCHTSL	EEVLQEVGNK
msa521982.2{69_1169NT}	TNGFSENDLL	VPLIDARRNN	VYVGIFYQNGD	TVKPDCHTSL	EEVLQEVGNK
msa521982.2{69_M732}	TNGFSENDLL	VPLIDARRNN	VYVGIFYQNGD	TVKPDCHTSL	EEVLQEVGNK
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
151					
msa521982.2{69_A909}	ANVHFVGEVA	AFvDQIKKvL	PHAKITETLP	CAVAIGRKGQ	KMkSVNVdaF
msa521982.2{69_H36B}	ANVHFVGEVA	AFvDQIKKvL	PHAKITETLP	CAVAIGRKGQ	KMkSVNVdaF
msa521982.2{69_JM9130013}	ANVHFVGEVA	AFvDQIKKvL	PHAKITETLP	CAVAIGRKGQ	KMkSVNVdaF
msa521982.2{69_090}	ANVHFVGEVA	AFvDQIKKaL	PHAKITETLP	CAVAIGRKGQ	KMeSVNVdaF
msa521982.2{69_CJB110}	ANVHFVGEVA	AFvDQIKKaL	PHAKITETLP	CAVAIGRKGQ	KMeSVNVdaF
msa521982.2{69_18RS21}	ANVHFVGEVA	AFvDQIKKaL	PHAKITETLP	CAVAIGRKGQ	KMkSVNVdaF
msa521982.2{69_2603}	ANVHFVGEVA	AFvDQIKKaL	PHAKITETLP	CAVAIGRKGQ	KMkSVNVdaF
msa521982.2{69_COH1}	ANVHFVGEVA	AFvDQIKKaL	PHAKITETLP	CAVAIGRKGQ	KMkSVNVdaF
msa521982.2{69_M781}	ANVHFVGEVA	AFvDQIKKaL	PHAKITETLP	CAVAIGRKGQ	KMkSVNVdaF
msa521982.2{69_1169NT}	ANVHFVGEVA	AFvDQIKKaL	PHAKITETLP	CAVAIGRKGQ	KMeSVNVdaF
msa521982.2{69_M732}	ANVHFVGEVA	AFvDQIKKaL	PHAKITETLP	CAVAIGRKGQ	KMkSVNVxxcF
Consensus	*****	**-----*	*****	*****	**-----*
201					
msa521982.2{69_A909}	VPRYLKRVEA	EENWLrNHCE	TN-----	230	
msa521982.2{69_H36B}	VPRYLKRVEA	EENWLrNHCE	TNTBEYIKRV		
msa521982.2{69_JM9130013}	VPRYLKRVEA	EENWLrNHCE	TNTBEYIKRV		
msa521982.2{69_090}	VPRYLKRVEA	EENWLkNHCE	TN-----		
msa521982.2{69_CJB110}	VPRYLKRVEA	EENWLkNHCE	TNTBEYIKRV		
msa521982.2{69_18RS21}	VPRYLKRVEA	EENWLkNHCE	TNTBEYIKRV		
msa521982.2{69_2603}	VPRYLKRVEA	EENWLkNHCE	TNTBEYIKRV		
msa521982.2{69_COH1}	VPRYLKRVEA	EENWLkNHCE	TNTBEYIKRV		
msa521982.2{69_M781}	VPRYLKRVEA	EENWLkNHCE	TNTBEYIKRV		
msa521982.2{69_1169NT}	VPRYLKRVEA	EENWLkNHCE	TNTBEYIKRV		
msa521982.2{69_M732}	VPRYLKRVEA	EENWLkNHCE	TNTBEYIKRV		
Consensus	*****	*****	*****		

Table 85: Comparative Sequences relating to SAG1361

SEQ ID NO. 8501

STRAIN 2603

atgagtaaacgacaaaatttaggaattagtaaaaaaggagcaattatatcagggctctca  
gtggcactaattttagtaaataggtggctttttatgggtacaatctcaacctaaagagt  
gcagtaaaaaactaacacaaagtttttaaagttagagaaggaggtttcgtcctcaact  
cttttgacaggaagctaaaggtcaatcaagaacagtagtggtattttgatgctaataaa  
ggtaatcgagcaactgtcacagttaaagtgggtgataaaatcacagctgggtcagcagtta  
gttcaatgatatacaactgcacaagcagcctacgacactgctaatacgtcaattaaat  
aaagtgcggctcagattaataatctaaagacaacaggaggtctccagctatggaatca  
agtgatcaatctcttcatcatcacaggacaagggaactcaatcgactagtggtgagcag  
aatcgtctacagcaaaattatcaaaagtcaagctaatgcttcatacaaccaacaacttcaa  
gatttgaatgatgcttatgcagatgcacagcagagaagtaaataaagcacaaaaagcattg  
aatgatactgttattacaagtgcgtatcagggacagttgttgaagttaagtgtatatt  
gatccagcttcaaaaactagtcagtagcttgcctatgtagcaactgaaggtaaaactccaa  
gtacagggaacgatgagtgagtagatttggtcaatgttaaaaaagaccaggtgttaaa  
ataaaatctaaggtctatcctgacaaggaatgggaaggtaaaatttcatatatctcaaat  
tatccagaagcagaagcaacaacaatgactctaataacgggtctagtgtgtataat  
aatataaagttagattactagccctctcgatgcattaaaaaagggtttaccgtatca  
gttgaagttagttaatggagataagcaccttatgtccctacaagttctgtgataaaca  
gataataaacactttgttgggtatacaatgattctaatacgtaaaaatttccaaagttgaa  
gtcaaaattggtaagctgtagtgaagacacaagaaattttatcaggttgaagcagga  
caaatcgtgggtactaatcaagtaaaaccttcaaggatgggcaaaaaattgataatatt  
gaatcaatcgatcttaactctaataagaaatcagaggtgaaa

SEQ ID NO. 8502

STRAIN 090

TTTTTATGGGTACAATCTCAACCTAATAAGAGTGCAGTAAAACTAACTA  
CAAAGTTTAAATGTTAGAGAAGGAAGTGTTCGTCTCAACTCTTTTGA  
CAGGAAAAGCTAAGGCTAATCAAGAACAGTATGTGTATTTTGATGCTAAT  
AAAGGTAATCGAGCAACTGTCAAGTTAAAGTGGGTGATAAAATCACAGC  
TGGTCAGCAGTTAGTTCAATATGATACAACTGCACAAGCAGCCTACG  
ACACTGCTAATCGTCAATTAATAAAGTAGCGCTCAGATTAATAATCTA  
AAGACAACAGGAAGTCTTCCAGCTATGGAATTAAGTGATCAATCTTCTTC  
ATCATCACAGGACAAGGGACTCAATCGACTAGTGGTGGCAGCAATCGTC  
TACAGCAAAATATCAAAGTCAAGCTAATGCTTATACAAACCAACACTT  
CAAGATTGAATGATGCTTATGCAGATGCACAGGCAGAAAGTAATAAAGC  
ACAAAAGCATTGAATGATGACTGTTATTACAAGTGACGTATCAGGGACAG  
TTGTTGAAGTTAATAGTGATATTGATCCAGCTTCAAAAAGTAGTCAAGTA  
CTTGTCATGTAGCAACTGAAGGTAAACTCCAAGTACAAGGAACGATGAG  
TGAGTATGATTGGCTAATGTTAAAAAAGACCAGGCTGTTAAAAATAAAAT  
CTAAGGTTCTATCCTGACAAGGAATGGGAAGGTAAATTTCATATATCTCA  
AATTATCCAGAAGCAGAAGCAAAACAACATGACTCTAATAACGGCTCTAG  
TGCTGTAATATATAAATATAAAGTAGATATTACTAGCCCTCTCGATGCAT  
TAAACAAGGTTTACCCTATCAGTTGAAGTAGTTAATGGAGATAAGCAC  
CTTATGTGCCCTACAGTTCTGTGATAAAACAAGATAATAACACTTTGT  
TTGGGTATACAATGATTCTAATCGTAAATTTCCAAAGTTGAAGTCAAAA  
TTGGTAAAGCTGATGCTAAGACACAAGAAATTTTATCAGGTTTGAAAGCA  
GACCAATCGTGGTTACTAATCCAAGTAAACCTTCAAGGATGGGCAAAA  
AATTGATAATATTGAATCAATCGATCTTAACCTCTAATAAGAAATCAGAGG

SEQ ID NO. 8503

STRAIN A909

TTTTTATGGGTACAATCTCAACCTAATAAGAGTGCAGTAAAACTAA  
CTACAAGTTTAAATGTTAGAGAAGGAAGTGTTCGTCTCAACTCTTT  
TGACAGGAAAAGCTAAGGCTAATCAAGAACAGTATGTGTATTTTGATGCT  
AATAAAGTAAATCGAGCAACTGTACAGTTAAAGTGGGTGATAAAATCAC  
AGCTGGTCAGCAGTTAGTTCAATATGATACAACTGCACAAGCAGCCT  
ACGACACTGCTAATCGTCAATTAATAAAGTAGCGCTCAGATTAATAAT  
CTAAGACAACAGGAAGTCTTCCAGCTATGGAATCAAGTGATCAATCTTC  
ATCATCATCAAGGACAAGGGGCTCAATCGACTAGTGGTGGCAGCAATC  
GTCTACAGCAAAATATCAAAGTCAAGCTAATGCTTATACAAACCAACAA  
CTTCAAGATTGAATGATGCTTATGCAGATGCACAGGCAGAAAGTAATAA  
AGCAAAAAGCATTGAATGATGACTGTTATTACAAGTGACGTATCAGGGA  
CAGTTGTTGAAGTTAATAGTGATATTGATCCAGCTTCAAAAAGTAGTCAA  
GTACTTGTCATGTAGCAACTGAGGGTAAACTCCAAGTACAAGGAACGAT  
GAGTGAGTATGATTGGCTAATGTTAAAAAAGACCAGTCTGTTAAAAATAA  
AATCTAAGGTTCTATCCTGACAAGGAATGGGAAGGTAAATTTCATATATC  
TCAAATTATCCAGAAGCAGAAGCAAAACAACATGACTCTAATAACGGCTC  
TAGTGCTGTAATATATAAATATAAAGTAGATATTACTAGCCCTCTCGATG  
CATTAACAACAGGTTTACTGTATCAGTTGAAGTAGTTAATGGAGATAAG  
CACCTTATGTTCTTACAAGTTCTGTGACAAACAAGATAATAACACTT  
TGTTGGGTATACAATGATTCTAATCGTAAATTTCCAAAGTTGAAGTCA  
AAATTGGTAAAGCTGATGCTAAGACACAAGAAATTTTATCAGGTTTGAAA  
GCAGGACAAATCGTGGTTACTAATCCAAGCAAAACCTTCAAGGATGGGCA  
AAAAATTGATAATATTGAATCAATAGATCTTAAGTCTAATAAGAAATCAG  
AGGTGAAA

SEQ ID NO. 8504

STRAIN H36B

TTTTTATGGGTACAATCTCAACCTAATAAGAGTGCAGTAAAACTAATTA  
CAAAGTTTAAATGTTAGAGAAGGAAGTGTTCGTCTCAACTCTTTTGA  
CAGGAAAAGCTAAGGCTAATCAAGAACAGTATGTGTATTTTGATGCTAAT  
AAGGTAATCGAGCAACTGTACAGTTAAAGTGGGTGATAAAATCACAGC

Table 85: C mparative Sequences relating to SAG1361

TGGTCAGCAGTTAGTTCAATATGATACAACTGCACAAGCAGCCTACG  
 ACACGTCTAATCGTCAATTAAATAAAGTAGCGCGTCAGATTAAATAATCTA  
 AAGACAACAGGAAGTCTTCCAGCTATGGAATCAAGTGATCAATCTTCATC  
 ATCATCACAAGGACAAGGACTCAATCGACTAGTGGTGGCAGCAATCGTC  
 TACAGCAAAATTTATCAAAGTCAAGCTAATGCTTCATACAACCAACAACTT  
 CAAGATTTGAATGATGCTTATGAGATGCACAGGCAGAAAGTAAATAAAGC  
 ACAAAAAGCATTGAATGATACTGTTATTACAAGTGACGTATCAGGGACAG  
 TTGTTGAAGTTAATAGTGATTTGATCCAGCTTCAAAAAGTCAAGTA  
 CTGTCCTATGAGCACTGAAGGTAAGTCCAAGTACAAGGAACGATGAG  
 TGAGTATGATTTGGCTAATGTAAAAAAGACCAGGCTGTTAAATAAAAT  
 CTAAGGTCTATCCTGACAAGGAATGGGAAGGTAAGTAAATTTATATATCTCA  
 AATTATCCAGAAGCAGAAGCAACAACAATGACTCTAATAACGGCTCTAG  
 TGCTGTAAATTATAAATAAAGTAGATATTACTAGCCCTCTCGATGCAT  
 TAAAAACAAGGTTTACTGTATCAGTTGAAGTAGTTAATGGAGATAAGCAC  
 CTTATTGTTCTTACAAGTTCTGTGACAAACAAGATAATAAACACTTTGT  
 TTGGGTATACAATGATTCTAATCGTAAATTTCCAAAGTTGAAGTCAAAA  
 TTGGTAAAGCTGATGCTAAGACACAAGAAATTTTATCAGGTTTGAAGCA  
 GGACAATCGTAGTTACTAATCCAAGTAAAGCTTTCAAGGATGGGCAAAA  
 AATTGATAATATTGAATCAATCGATCTAAGTCTAATAAGAAATCAGAGG  
 TG

SEQ ID NO. 8505

STRAIN 18RS21

TTTTTATGGGTACAATCTCAACCTAATAAGAGTGAGTAAAACTAATTA  
 CAAAGTTTAAATGTTAGAGAAGGAAGTGTTCGTCCTCAACTCTTTTGA  
 CAGGAAAAGCTAAGGCTAATCAAGAACAGTATGTGATTTTGATGCTAAT  
 AAAGGTAAATCGAGCAACTGTTCAGTTAAAGTGGGTGATAAAATCAGAGC  
 TGGTCAGCAGTTAGTTCAATATGATACAACTGCAACAAGCAGCCTACG  
 ACACGTCTAATCGTCAATTAAATAAAGTAGCGCGTCAGATTAAATAATCTA  
 AAGACAACAGGAAGTCTTCCAGCTATGGAATCAAGTGATCAATCTTCTTC  
 ATCATCACAAGGACAAGGACTCAATCGACTAGTGGTGGCAGCAATCGTC  
 TACAGCAAAATTTATCAAAGTCAAGCTAATGCTTCATACAACCAACAACTT  
 CAAGATTTGAATGATGCTTATGAGATGCACAGGCAGAAAGTAAATAAAGC  
 ACAAAAAGCATTGAATGATACTGTTATTACAAGTGACGTATCAGGGACAG  
 TTGTTGAAGTTAATAGTGATTTGATCCAGCTTCAAAAAGTCAAGTA  
 CTGTCCTATGAGCACTGAAGGTAAGTCCAAGTACAAGGAACGATGAG  
 TGAGTATGATTTGGCTAATGTAAAAAAGACCAGGCTGTTAAATAAAAT  
 CTAAGGTCTATCCTGACAAGGAATGGGAAGGTAAGTAAATTTATATATCTCA  
 AATTATCCAGAAGCAGAAGCAACAACAATGACTCTAATAACGGCTCTAG  
 TGCTGTAAATTTATAAATAAAGTAGATATTACTAGCCCTCTCGATGCAT  
 TAAAAACAAGGTTTACCCTATCAGTTGAAGTAGTTAATGGAGATAAGCAC  
 CTTATTGTTCCCTACAAGTTCTGTGATAAACAAGATAATAAACACTTTGT  
 TTGGGTATACAATGATTCTAATCGTAAATTTCCAAAGTTGAAGTCAAAA  
 TTGGTAAAGCTGATGCTAAGACACAAGAAATTTTATCAGGTTTGAAGCA  
 GGACAATCGTGGTTACTAATCCAAGTAAACCTTTCAAGGATGGGCAAAA  
 AATTGATAATATTGAATCAATCGATCTAAGTCTAATAAGAAATCAGAG

SEQ ID NO. 8506

STRAIN M732

TTTTTATGGGTACAATCTCAACCTAATAAGAGTGAGTAAAACTAATTA  
 CAAAGTTTAAATGTTAGAGAAGGAAGTGTTCGTCCTCAACTCTTTTGA  
 CAGGAAAAGCTAAGGCTAATCAAGAACAGTATGTGATTTTGATGCTAAT  
 AAAGGTAAATCGAGCAACTGTTCAGTTAAAGTGGGTGATAAAATCAGAGC  
 TGGTCAGCAGTTAGTTCAATATGATACAACTGCAACAAGCAGCCTACG  
 ACACGTCTAATCGTCAATTAAATAAAGTAGCGCGTCAGATTAAATAATCTA  
 AAGACAACAGGAGTCTTCCAGCTATGGAATCAAGTGATCAATCTTCTTC  
 ATCATCACAAGGACAAGGACTCAATCGACTAGTGGTGGCAGCAATCGTC  
 TACAGCAAAATTTATCAAAGTCAAGCTAATGCTTCATACAACCAACAACTT  
 CAAGATTTGAATGATGCTTATGAGATGCACAGGCAGAAAGTAAATAAAGC  
 ACAAAAAGCATTGAATGATACTGTTATTACAAGTGACGTATCAGGGACAG  
 TTGTTGAAGTTAATAGTGATTTGATCCAGCTTCAAAAAGTCAAGTA  
 CTGTCCTATGAGCACTGAAGGTAAGTCCAAGTACAAGGAACGATGAG  
 TGAGTATGATTTGGCTAATGTAAAAAAGATCAGGCTGTTAAATAAAAT  
 CTAAGGTCTATCCTGACAAGGAATGGGAAGGTAAGTAAATTTATATATCTCA  
 AATTATCCAGAAGCAGAAGCAACAACAATGACTCTAATAACGGCTCTAG  
 TGCTGTAAATTTATAAATAAAGTAGATATTACTAGCCCTCTCGATGCAT  
 TAAAAACAAGGTTTACCCTATCAGTTGAAGTAGTTAATGGAGATAAGCAC  
 CTTATTGTTCCCTACAAGTTCTGTGATAAACAAGATAATAAACACTTTGT  
 TTGGGTATACAATGATTCTAATCGTAAATTTCCAAAGTTGAAGTCAAAA  
 TTGGTAAAGCTGATGCTAAGACACAAGAAATTTTATCAGGTTTGAAGCA  
 GGACAATCGTGGTTACTAATCCAAGTAAACCTTTCAAGGATGGGCAAAA  
 AATTGATAATATTGAATCAATCGATCTAAGTCTAATAAGAAATCAGAGG  
 TGAA

SEQ ID NO. 8507

STRAIN COH1

TTTTTATGGGTACAATCTCAACCTAATAAGAGTGAGTAAAAAC  
 TAATTACAAAAGTTTAAATGTTAGAGAAGGAAGTGTTCGTCCTCAACTC  
 TTTTGACAGGAAAAGCTAAGGCTAATCAAGAACAGTATGTGATTTTGAT  
 GCTAATAAAGGTAAATCGAGCAACTGTTACAGTTAAAGTGGGTGATAAAAT  
 CACAGCTGGTCAGCAGTTAGTTCAATATGATACAACTGCAACAAGCAG  
 CCTACGACACTGCTAATCGTCAATTAAATAAAGTAGCGCGTCAGATTAAAT  
 AATCTAAAGACAACAGGGAGTTTCCAGCTATGGAATCAAGTATCAATC

Table 85: Comparative Sequences relating to SAG1361

TTCATCATCATCACAAGGACAAGGGACTCAATCGACTAGTGGTGCGACGA  
 ATCGTCTACAGCAAAATTTATCAAAGTCAAGCTAATGCTTCATACACCAA  
 CAACCTTCAAGATTGTAATGATGCTTATGATGATGACAGGCGAAGTAAA  
 TAAAGCACAAAAAGCATTGAATGATACTGTTATTACAAGTGACGTATCAG  
 GGACAGTTGTTGAAGTTAATAGTGATATTGATCCAGCTTCAAAAAGT  
 CAAGTACTTGTCCATGTAGCAACTGAAGGTAAACTCCAAGTACAAGGAAC  
 GATGAGTGAGTATGATTGGCTAATGTTAAAAAAGATCAGGCTGTTAAAA  
 TAAAACTAAGGTCTATCCTGACAAGGAATGGGAAGGTAAAAATTTATAT  
 ATCTCAAAATTTATCCAGAGCAGAAGCAAACAACAACTGACTCTAATAACGG  
 CTCTAGTGCTGTAAATTATAAATATAAAGTAGATATTACTAGCCCTCTCG  
 ATGCATTAAAAAAGGTTTACCGTATCAGTTGAAGTAGTTAATGGAGAT  
 AAGCACTTATTGTCCTACAAGTTCTGTGATAAACAAGATAATAAACA  
 CTTTGTGTTGGGTATACAAATGATTTAATCGTAAAAATTTCAAAGTTGAAG  
 TCAAAATTTGGTAAAGCTGATGCTAAGACACAAGAAATTTATCAGGTTTG  
 AAGCAGGACAAATCGTGGTTACTAATCCAAGCAAACTTTCAAGGATGG  
 GCAAAAAATTGATAATATTGAATCAATCGATCTTAAGTCTAATAAGAAAT  
 CAGAGGTGAA

SEQ ID NO. 8507

STRAIN M781

TTTTTATGGGTACAATCTCAACCTAATAAGAGTGCAGTAAAACTAATTA  
 CAAAGTTTTAATGTTAGAGAAGGAAGTGTTCCTCCTCAACTCTTTTGA  
 CAGGAAAAGCTAAGGCTAATCAAGAACAGTATGTGATTTTGTATGCTAAT  
 AAAGGTAATCGAGCAACTGTTACAGTTAAAGTGGGTGATAAAATCACAGC  
 TGGTCAGCAGTTAGTTCAATATGATACAACTGCAAGCAGCCTACG  
 ACACCTGCTAATCGTCAATTAAATAAAGTAGCGCGTCAGATTAAATACTA  
 AAGACAACAGGGAGTTTTCCAGCTATGGAATCAAGTGAATCAATCTTCATC  
 ATCATACAAGGACAAGGACTCAATCGACTAGTGGTGCGACGAATCGTC  
 TACAGCAAAATTTATCAAAGTCAAGCTAATGCTTCATACCAACCAAACTT  
 CAAGATTGTAATGATGCTTATGAGATGCAAGGCGAAGTAAATAAAGC  
 ACAAAAAGCATTGAATGATGCTGTTATTACAAGTGACGTATCAGGGACAG  
 TTGTTGAAGTTAATAGTGATATTGATCCAGCTTCAAAAAGTCAAGTA  
 CTGTCCTATGTAGCAACTGAAGGTAAACTCCAAGTACAAGGAACGATGAG  
 TGAGTATGATTGGCTAATGTTAAAAAAGATCAGGCTGTTAAAAATAAAT  
 CTAAGGCTATCTGACAAGGAATGGGAAGGTAAATTTATATATCTCA  
 AATTATCCAGAAGCAGAAGCAAACAACAACTGACTCTAATAACGGCTCTAG  
 TGCTGTAAATTATAAATATAAAGTAGATATTACTAGCCCTCTCGATGCAT  
 TAAAAAAGGTTTTACCGTATCAGTTGAAGTAGTTAATGGAGATAAGCAC  
 CTTATTTGTCCTACAAGTTCTGTGATAAACAAGATAATAAACACTTTGT  
 TTGGGTATACAATGATTCTAATCGTAAAAATTTCAAAGTTGAAGTCAAAA  
 TTGGTAAAGCTGATGCTAAGACACAAGAAATTTATCAGGTTTGAAGCA  
 GGACAAATCGTGGTTACTAATCCAAGCAAACTTTCAAGGATGGGCAAAA  
 AATTGATAATATTGAATCAATCGATCTTAAGTCTAATAAGAAATCAGAGG  
 TGAA

SEQ ID NO. 8508

STRAIN CJB110

TTTTTATGGGTACAATCTCAACCTAATAAGAGTGCAGTAAAACTAAGTAA  
 CAAAGTTTTAATGTTAGAGAAGGAAGTGTTCCTCCTCAACTCTTTTGA  
 CAGGAAAAGCTAAGGCTAATCAAGAACAGTATGTGATTTTGTATGCTAAT  
 AAAGGTAATCGAGCAACTGTCACAGTTAAAGTGGGTGATAAAATCACAGC  
 TGGTCAGCAGTTAGTTCAATATGATACAACTGCAAGCAGCCTACG  
 ACACCTGCTAATCGTCAATTAAATAAAGTAGCGCGTCAGATTAAATACTA  
 AAGACAACAGGAAGTCTTCCAGCTATGGAATTAAGTGAATCAATCTTCTTC  
 ATCATACAAGGACAAGGACTCAATCGACTAGTGGTGCGACGAATCGTC  
 TACAGCAAAATTTATCAAAGTCAAGCTAATGCTTCATACCAACCAAACTT  
 CAAGATTGTAATGATGCTTATGAGATGCAAGGCGAAGTAAATAAAGC  
 ACAAAAAGCATTGAATGATGCTGTTATTACAAGTGACGTATCAGGGACAG  
 TTGTTGAAGTTAATAGTGATATTGATCCAGCTTCAAAAAGTCAAGTA  
 CTGTCCTATGTAGCAACTGAAGGTAAACTCCAAGTACAAGGAACGATGAG  
 TGAGTATGATTGGCTAATGTTAAAAAAGACCGGCTGTTAAAAATAAAT  
 CTAAGGCTATCTGACAAGGAATGGGAAGGTAAATTTATATATCTCA  
 AATTATCCAGAAGCAGAAGCAAACAACAACTGACTCTAATAACGGCTCTAG  
 TGCTGTAAATTATAAATATAAAGTAGATATTACTAGCCCTCTCGATGCAT  
 TAAAAAAGGTTTTACCGTATCAGTTGAAGTAGTTAATGGAGATAAGCAC  
 CTTATTTGTCCTACAAGTTCTGTGATAAACAAGATAATAAACACTTTGT  
 TTGGGTATACAATGATTCTAATCGTAAAAATTTCAAAGTTGAAGTCAAAA  
 TTGGTAAAGCTGATGCTAAGACACAAGAAATTTATCAGGTTTGAAGCA  
 GGACAAATCGTGGTTACTAATCCAAGTAAACCTTTCAAGGATGGGCAAAA  
 AATTGATAATATTGAATCAATCGATCTTAAGTCTAATAAGAAATCAGAGG  
 TGA

SEQ ID NO. 8509

STRAIN 1169NT

TTTTTATGGGTACAATCTCAACCTAATAAGAGTGCAGTAAAACT  
 AACTACAAGTTTTAATGTTAGAGAAGGAAGTGTTCCTCCTCAACTCT  
 TTTGACAGGAAAAGCTAAGGCTAATCAAGAACAGTATGTGATTTTGTATG  
 CTAATAAAGGTAATCGAGCAACTGTCACAGTTAAAGTGGGTGATAAAATC  
 ACAGCTGGTCAGCAGTTAGTTCAATATGATACAACTGCAAGCAGC  
 CTACGACACTGCTAATCGTCAATTAAATAAAGTAGCGCGTCAGATTAAAT  
 ATCTAAGACAACAGGAAGTCTTCCAGCTATGGAATCAAGTGAATCAATCT  
 TCTTCATCATACAAGGACAAGGACTCAATCGACTAGTGGTGCGACGAA  
 TCGTCTACAGCAAAATTTATCAAAGTCAAGCTAATGCTTCATACCAAC

Table 85: Comparative Sequences relating to SAG1361

AACTTCAAGATTTGAATGATGCTTATGCAGATGCACAGGCAGAAAGTAAAT  
 AAAGCACAAAAAGCAATTGAATGATACTGTTATTACAAGTGACGTATCAGG  
 GACAGTTGTTGAAGTTAATAGTGATATTGATCCAGCTTCAAAAACTAGTC  
 AAGTACTTGTCCATGTAGCAACTGAAGGTAAACTCCAAGTACAAGGAACG  
 ATGAGTGAGTATGATTTGGCTAATGTTAAAAAGACCAGGCTGTTAAAAAT  
 AAAATCTAAGGTTCTATCTGACAAGGAATGGGAAGGTAAAAATTTTATATA  
 TCTCAAATTATCCAGAAGCAGAAGCAACAACATGACTCTAATAACGGC  
 TCTAGTGTGTAAATTATAAATATAAAGTAGATATTACTAGCCCTCTCGA  
 TGCATTAAAAACAAGGTTTACCGTATCAGTTGAAGTAGTTAATGGAGATA  
 AGCACCTTATGTCCCTACAAGTTCTGTGATAAACAAGATAATAAACAC  
 TTTGTTGGGTATACAATGATTCTAATCGTAAATTTCCAAAGTTGAAGT  
 CAAAATTTGGTAAAGCTGATGCTAAGACACAAGAAATTTTATCAGGTTTGA  
 AAGCAGGACAAATCGTGGTTACTAATCCAGTAAACCTTCAAGGATGGG  
 CAAAAAATTGATAATATTGAATCAATCGATCTTAACTCTAATAAGAAATC  
 AGAGGTGAA

SEQ ID NO. 8510

STRAIN JM9130013

TTTTTATGGGTACAATCTCAACCTAATAAGAGTGACGTAAAACTAACTA  
 CAAAGTTTTTAATGTTAGAGAAGGAAGTGTTCGTCCCTCAACTCTTTTGA  
 CAGGAAAAGCTAAGGCTAATCAAGAACAGTATGTGTATTTTGATGCTAAT  
 AAAGGTAATCGAGCAACTGTTACAGTTAAAGTGGGTGATAAAATCACAGC  
 TGGTCAGCAGTTAGTTCAATATGATACACAACCTGCACAAGCAGCCTACG  
 ACACCTGCTAATCGTCAATTAATAAAGTAGCGCGTCAGATTAAATAATCTA  
 AAGACAACAGGAAGTCTTCCAGCTATGGAATCAAGTGATCAATCTTCATC  
 ATCATCACAGGACAAGGGCTCAATCGACTAGTGGTCCGACGAATCGCTC  
 TACAGCAAAATATCAAGTCAAGCTAATGCTTCATACAACCAACAACTT  
 CAAGATTTGAATGATGCTTATGCAGATGCACAGGCAGAAGTAAATAAAGC  
 ACAAAAAGCATTGAATGATGACTGTTATTACAAGTGACGTATCAGGGACAG  
 TTGTTGAAGTTAATAGTGATATTGATCCAGCTTCAAAAAGTCAAGTA  
 CTGTCCATGTAGCAACTGAGGGTAAACTCCAAGTACAAGGAACGATGAG  
 TGAGTATGATTTGGCTAATGTTAAAAAGACCAGTCTGTTAAATAAAAT  
 CTAAGTCTATCTGACAAGGAATGGGAAGGTAAAAATTTTATATATCTCA  
 AATTATCCAGAAGCAGAAGCAACAACATGACTCTAATAACGGCTCTAG  
 TGCTGTAAATATATAAATATAAAGTAGATATTACTAGCCCTCTCGATGCAT  
 TAAAAACAAGGTTTACTGTATCAGTTGAAGTAGTTAATGGAGATAAGCAC  
 CTATTTGTTCTTACAAGTTCTGTGACAAACAAGATAATAAACACITTTGT  
 TTGGGTATACAATGATTCTAATCGTAAATTTCCAAAGTTGAAGTCAAAA  
 TTGGTAAAGCTGATGCTAAGACACAAGAAATTTTATCAGGTTTGAAGCA  
 GGACAAATCGTGGTTACTAATCCAAGCAAACTTTCAAGGATGGGCAAAA  
 AATTGATAATATTGAATCAATAGATCTTAAGTCTAATAAGAAATCAGAGG  
 TGAAT

PRETTY of: /biotmp/msa363690.2(\*) March 31, 2003 07:01 ..

	1				50
msa363690.2{690_COH1}	-----	-----	-----	-----	-----
msa363690.2{690_M732}	-----	-----	-----	-----	-----
msa363690.2{690_M781}	-----	-----	-----	-----	-----
msa363690.2{690_090}	-----	-----	-----	-----	-----
msa363690.2{690_CJB110}	-----	-----	-----	-----	-----
msa363690.2{690_1169NT}	-----	-----	-----	-----	-----
msa363690.2{690_18RS21}	-----	-----	-----	-----	-----
msa363690.2{690_2603}	atgagtaa	gacaaaattt	aggaattagt	aaaaaaggag	caattatatc
msa363690.2{690_A909}	-----	-----	-----	-----	-----
msa363690.2{690_JM9130013}	-----	-----	-----	-----	-----
msa363690.2{690_H36B}	-----	-----	-----	-----	-----
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
	51				100
msa363690.2{690_COH1}	-----	-----	-----	TTT	TTATGGGTAC
msa363690.2{690_M732}	-----	-----	-----	TTT	TTATGGGTAC
msa363690.2{690_M781}	-----	-----	-----	TTT	TTATGGGTAC
msa363690.2{690_090}	-----	-----	-----	TTT	TTATGGGTAC
msa363690.2{690_CJB110}	-----	-----	-----	TTT	TTATGGGTAC
msa363690.2{690_1169NT}	-----	-----	-----	TTT	TTATGGGTAC
msa363690.2{690_18RS21}	-----	-----	-----	TTT	TTATGGGTAC
msa363690.2{690_2603}	agggctctca	gtggcactaa	ttgtagta	aggtggcTTT	TTATGGGTAC
msa363690.2{690_A909}	-----	-----	-----	TTT	TTATGGGTAC
msa363690.2{690_JM9130013}	-----	-----	-----	TTT	TTATGGGTAC
msa363690.2{690_H36B}	-----	-----	-----	TTT	TTATGGGTAC
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
	101				150
msa363690.2{690_COH1}	AATCTCAACC	TAATAAGAGT	GCAGTAAAAA	CTAAATACAA	AGTTTTTAAT
msa363690.2{690_M732}	AATCTCAACC	TAATAAGAGT	GCAGTAAAAA	CTAAATACAA	AGTTTTTAAT
msa363690.2{690_M781}	AATCTCAACC	TAATAAGAGT	GCAGTAAAAA	CTAAATACAA	AGTTTTTAAT
msa363690.2{690_090}	AATCTCAACC	TAATAAGAGT	GCAGTAAAAA	CTAAATACAA	AGTTTTTAAT
msa363690.2{690_CJB110}	AATCTCAACC	TAATAAGAGT	GCAGTAAAAA	CTAAATACAA	AGTTTTTAAT
msa363690.2{690_1169NT}	AATCTCAACC	TAATAAGAGT	GCAGTAAAAA	CTAAATACAA	AGTTTTTAAT
msa363690.2{690_18RS21}	AATCTCAACC	TAATAAGAGT	GCAGTAAAAA	CTAAATACAA	AGTTTTTAAT
msa363690.2{690_2603}	AATCTCAACC	TAATAAGAGT	GCAGTAAAAA	CTAAATACAA	AGTTTTTAAT

Table 85: Comparative Sequences relating to SAG1361

msa363690.2{690_A909}	AATCTCAACC	TAATAAGAGT	GCAGTAAAAA	CTAAcTACAA	AGTTTTTAAT
msa363690.2{690_JM9130013}	AATCTCAACC	TAATAAGAGT	GCAGTAAAAA	CTAAcTACAA	AGTTTTTAAT
msa363690.2{690_H36B}	AATCTCAACC	TAATAAGAGT	GCAGTAAAAA	CTAAcTACAA	AGTTTTTAAT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa363690.2{690_COH1}	151				200
msa363690.2{690_M732}	GTTAGAGAAG	GAAGTGTTC	GTCCTCAACT	CTTTTGACAG	GAAAAGCTAA
msa363690.2{690_M781}	GTTAGAGAAG	GAAGTGTTC	GTCCTCAACT	CTTTTGACAG	GAAAAGCTAA
msa363690.2{690_090}	GTTAGAGAAG	GAAGTGTTC	GTCCTCAACT	CTTTTGACAG	GAAAAGCTAA
msa363690.2{690_CJB110}	GTTAGAGAAG	GAAGTGTTC	GTCCTCAACT	CTTTTGACAG	GAAAAGCTAA
msa363690.2{690_1169NT}	GTTAGAGAAG	GAAGTGTTC	GTCCTCAACT	CTTTTGACAG	GAAAAGCTAA
msa363690.2{690_18RS21}	GTTAGAGAAG	GAAGTGTTC	GTCCTCAACT	CTTTTGACAG	GAAAAGCTAA
msa363690.2{690_2603}	GTTAGAGAAG	GAAGTGTTC	GTCCTCAACT	CTTTTGACAG	GAAAAGCTAA
msa363690.2{690_A909}	GTTAGAGAAG	GAAGTGTTC	GTCCTCAACT	CTTTTGACAG	GAAAAGCTAA
msa363690.2{690_JM9130013}	GTTAGAGAAG	GAAGTGTTC	GTCCTCAACT	CTTTTGACAG	GAAAAGCTAA
msa363690.2{690_H36B}	GTTAGAGAAG	GAAGTGTTC	GTCCTCAACT	CTTTTGACAG	GAAAAGCTAA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa363690.2{690_COH1}	201				250
msa363690.2{690_M732}	GGCTAATCAA	GAACAGTATG	TGTATTTTGA	TGCTAATAAa	GGTAATCGAG
msa363690.2{690_M781}	GGCTAATCAA	GAACAGTATG	TGTATTTTGA	TGCTAATAAa	GGTAATCGAG
msa363690.2{690_090}	GGCTAATCAA	GAACAGTATG	TGTATTTTGA	TGCTAATAAa	GGTAATCGAG
msa363690.2{690_CJB110}	GGCTAATCAA	GAACAGTATG	TGTATTTTGA	TGCTAATAAa	GGTAATCGAG
msa363690.2{690_1169NT}	GGCTAATCAA	GAACAGTATG	TGTATTTTGA	TGCTAATAAa	GGTAATCGAG
msa363690.2{690_18RS21}	GGCTAATCAA	GAACAGTATG	TGTATTTTGA	TGCTAATAAa	GGTAATCGAG
msa363690.2{690_2603}	GGCTAATCAA	GAACAGTATG	TGTATTTTGA	TGCTAATAAa	GGTAATCGAG
msa363690.2{690_A909}	GGCTAATCAA	GAACAGTATG	TGTATTTTGA	TGCTAATAAa	GGTAATCGAG
msa363690.2{690_JM9130013}	GGCTAATCAA	GAACAGTATG	TGTATTTTGA	TGCTAATAAa	GGTAATCGAG
msa363690.2{690_H36B}	GGCTAATCAA	GAACAGTATG	TGTATTTTGA	TGCTAATAAa	GGTAATCGAG
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa363690.2{690_COH1}	251				300
msa363690.2{690_M732}	CAACTGTtAC	AGTTAAAGTG	GGTGATAAAA	TCACAGCTGG	TCAGCAGTTA
msa363690.2{690_M781}	CAACTGTtAC	AGTTAAAGTG	GGTGATAAAA	TCACAGCTGG	TCAGCAGTTA
msa363690.2{690_090}	CAACTGTtAC	AGTTAAAGTG	GGTGATAAAA	TCACAGCTGG	TCAGCAGTTA
msa363690.2{690_CJB110}	CAACTGTtAC	AGTTAAAGTG	GGTGATAAAA	TCACAGCTGG	TCAGCAGTTA
msa363690.2{690_1169NT}	CAACTGTtAC	AGTTAAAGTG	GGTGATAAAA	TCACAGCTGG	TCAGCAGTTA
msa363690.2{690_18RS21}	CAACTGTtAC	AGTTAAAGTG	GGTGATAAAA	TCACAGCTGG	TCAGCAGTTA
msa363690.2{690_2603}	CAACTGTtAC	AGTTAAAGTG	GGTGATAAAA	TCACAGCTGG	TCAGCAGTTA
msa363690.2{690_A909}	CAACTGTtAC	AGTTAAAGTG	GGTGATAAAA	TCACAGCTGG	TCAGCAGTTA
msa363690.2{690_JM9130013}	CAACTGTtAC	AGTTAAAGTG	GGTGATAAAA	TCACAGCTGG	TCAGCAGTTA
msa363690.2{690_H36B}	CAACTGTtAC	AGTTAAAGTG	GGTGATAAAA	TCACAGCTGG	TCAGCAGTTA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa363690.2{690_COH1}	301				350
msa363690.2{690_M732}	GTTCAATATG	ATACAACAAC	TGCACAAGCA	GCCTACGACA	CTGCTAATCG
msa363690.2{690_M781}	GTTCAATATG	ATACAACAAC	TGCACAAGCA	GCCTACGACA	CTGCTAATCG
msa363690.2{690_090}	GTTCAATATG	ATACAACAAC	TGCACAAGCA	GCCTACGACA	CTGCTAATCG
msa363690.2{690_CJB110}	GTTCAATATG	ATACAACAAC	TGCACAAGCA	GCCTACGACA	CTGCTAATCG
msa363690.2{690_1169NT}	GTTCAATATG	ATACAACAAC	TGCACAAGCA	GCCTACGACA	CTGCTAATCG
msa363690.2{690_18RS21}	GTTCAATATG	ATACAACAAC	TGCACAAGCA	GCCTACGACA	CTGCTAATCG
msa363690.2{690_2603}	GTTCAATATG	ATACAACAAC	TGCACAAGCA	GCCTACGACA	CTGCTAATCG
msa363690.2{690_A909}	GTTCAATATG	ATACAACAAC	TGCACAAGCA	GCCTACGACA	CTGCTAATCG
msa363690.2{690_JM9130013}	GTTCAATATG	ATACAACAAC	TGCACAAGCA	GCCTACGACA	CTGCTAATCG
msa363690.2{690_H36B}	GTTCAATATG	ATACAACAAC	TGCACAAGCA	GCCTACGACA	CTGCTAATCG
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa363690.2{690_COH1}	351				400
msa363690.2{690_M732}	TCAATTAAAT	AAAGTAGCGC	GTCAGATTAA	TAATCTAAAG	ACAACAGGga
msa363690.2{690_M781}	TCAATTAAAT	AAAGTAGCGC	GTCAGATTAA	TAATCTAAAG	ACAACAGGga
msa363690.2{690_090}	TCAATTAAAT	AAAGTAGCGC	GTCAGATTAA	TAATCTAAAG	ACAACAGGga
msa363690.2{690_CJB110}	TCAATTAAAT	AAAGTAGCGC	GTCAGATTAA	TAATCTAAAG	ACAACAGGga
msa363690.2{690_1169NT}	TCAATTAAAT	AAAGTAGCGC	GTCAGATTAA	TAATCTAAAG	ACAACAGGga
msa363690.2{690_18RS21}	TCAATTAAAT	AAAGTAGCGC	GTCAGATTAA	TAATCTAAAG	ACAACAGGga
msa363690.2{690_2603}	TCAATTAAAT	AAAGTAGCGC	GTCAGATTAA	TAATCTAAAG	ACAACAGGga
msa363690.2{690_A909}	TCAATTAAAT	AAAGTAGCGC	GTCAGATTAA	TAATCTAAAG	ACAACAGGga
msa363690.2{690_JM9130013}	TCAATTAAAT	AAAGTAGCGC	GTCAGATTAA	TAATCTAAAG	ACAACAGGga
msa363690.2{690_H36B}	TCAATTAAAT	AAAGTAGCGC	GTCAGATTAA	TAATCTAAAG	ACAACAGGga
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa363690.2{690_COH1}	401				450
msa363690.2{690_M732}	GTtTTCCAGC	TATGGAATcA	AGTGATCAAT	CTTcATCATC	ATCACAAGGA
msa363690.2{690_M781}	GTtTTCCAGC	TATGGAATcA	AGTGATCAAT	CTTcATCATC	ATCACAAGGA
msa363690.2{690_090}	GTtTTCCAGC	TATGGAATcA	AGTGATCAAT	CTTcATCATC	ATCACAAGGA
msa363690.2{690_CJB110}	GTtTTCCAGC	TATGGAATcA	AGTGATCAAT	CTTcATCATC	ATCACAAGGA
msa363690.2{690_1169NT}	GTtTTCCAGC	TATGGAATcA	AGTGATCAAT	CTTcATCATC	ATCACAAGGA
msa363690.2{690_18RS21}	GTtTTCCAGC	TATGGAATcA	AGTGATCAAT	CTTcATCATC	ATCACAAGGA

Table 85: Comparative Sequences relating to SAG1361

msa363690.2{690_2603}	GTcTTCCAGC	TATGGAATca	AGTGATCAAT	CTTCtTCATC	ATCACAAGGA
msa363690.2{690_A909}	GTcTTCCAGC	TATGGAATca	AGTGATCAAT	CTTCaTCATC	ATCACAAGGA
msa363690.2{690_JM9130013}	GTcTTCCAGC	TATGGAATca	AGTGATCAAT	CTTCaTCATC	ATCACAAGGA
msa363690.2{690_H36B}	GTcTTCCAGC	TATGGAATca	AGTGATCAAT	CTTCaTCATC	ATCACAAGGA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa363690.2{690_COH1}	CAAGGGaCTC	AATCGACTAG	TGGTGCGACG	AATCGTCTAC	AGCAAAATTA
msa363690.2{690_M732}	CAAGGGaCTC	AATCGACTAG	TGGTGCGACG	AATCGTCTAC	AGCAAAATTA
msa363690.2{690_M781}	CAAGGGaCTC	AATCGACTAG	TGGTGCGACG	AATCGTCTAC	AGCAAAATTA
msa363690.2{690_090}	CAAGGGaCTC	AATCGACTAG	TGGTGCGACG	AATCGTCTAC	AGCAAAATTA
msa363690.2{690_CJB110}	CAAGGGaCTC	AATCGACTAG	TGGTGCGACG	AATCGTCTAC	AGCAAAATTA
msa363690.2{690_1169NT}	CAAGGGaCTC	AATCGACTAG	TGGTGCGACG	AATCGTCTAC	AGCAAAATTA
msa363690.2{690_18RS21}	CAAGGGaCTC	AATCGACTAG	TGGTGCGACG	AATCGTCTAC	AGCAAAATTA
msa363690.2{690_2603}	CAAGGGaCTC	AATCGACTAG	TGGTGCGACG	AATCGTCTAC	AGCAAAATTA
msa363690.2{690_A909}	CAAGGGaCTC	AATCGACTAG	TGGTGCGACG	AATCGTCTAC	AGCAAAATTA
msa363690.2{690_JM9130013}	CAAGGGaCTC	AATCGACTAG	TGGTGCGACG	AATCGTCTAC	AGCAAAATTA
msa363690.2{690_H36B}	CAAGGGaCTC	AATCGACTAG	TGGTGCGACG	AATCGTCTAC	AGCAAAATTA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa363690.2{690_COH1}	TCAAAGTCAA	GCTAATGCTT	CATACAACCA	ACAACITCAA	GATTTGAATG
msa363690.2{690_M732}	TCAAAGTCAA	GCTAATGCTT	CATACAACCA	ACAACITCAA	GATTTGAATG
msa363690.2{690_M781}	TCAAAGTCAA	GCTAATGCTT	CATACAACCA	ACAACITCAA	GATTTGAATG
msa363690.2{690_090}	TCAAAGTCAA	GCTAATGCTT	CATACAACCA	ACAACITCAA	GATTTGAATG
msa363690.2{690_CJB110}	TCAAAGTCAA	GCTAATGCTT	CATACAACCA	ACAACITCAA	GATTTGAATG
msa363690.2{690_1169NT}	TCAAAGTCAA	GCTAATGCTT	CATACAACCA	ACAACITCAA	GATTTGAATG
msa363690.2{690_18RS21}	TCAAAGTCAA	GCTAATGCTT	CATACAACCA	ACAACITCAA	GATTTGAATG
msa363690.2{690_2603}	TCAAAGTCAA	GCTAATGCTT	CATACAACCA	ACAACITCAA	GATTTGAATG
msa363690.2{690_A909}	TCAAAGTCAA	GCTAATGCTT	CATACAACCA	ACAACITCAA	GATTTGAATG
msa363690.2{690_JM9130013}	TCAAAGTCAA	GCTAATGCTT	CATACAACCA	ACAACITCAA	GATTTGAATG
msa363690.2{690_H36B}	TCAAAGTCAA	GCTAATGCTT	CATACAACCA	ACAACITCAA	GATTTGAATG
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa363690.2{690_COH1}	ATGCTTATGC	AGATGCACAG	GCAGAAGTAA	ATAAAGCACA	AAAAGCATTG
msa363690.2{690_M732}	ATGCTTATGC	AGATGCACAG	GCAGAAGTAA	ATAAAGCACA	AAAAGCATTG
msa363690.2{690_M781}	ATGCTTATGC	AGATGCACAG	GCAGAAGTAA	ATAAAGCACA	AAAAGCATTG
msa363690.2{690_090}	ATGCTTATGC	AGATGCACAG	GCAGAAGTAA	ATAAAGCACA	AAAAGCATTG
msa363690.2{690_CJB110}	ATGCTTATGC	AGATGCACAG	GCAGAAGTAA	ATAAAGCACA	AAAAGCATTG
msa363690.2{690_1169NT}	ATGCTTATGC	AGATGCACAG	GCAGAAGTAA	ATAAAGCACA	AAAAGCATTG
msa363690.2{690_18RS21}	ATGCTTATGC	AGATGCACAG	GCAGAAGTAA	ATAAAGCACA	AAAAGCATTG
msa363690.2{690_2603}	ATGCTTATGC	AGATGCACAG	GCAGAAGTAA	ATAAAGCACA	AAAAGCATTG
msa363690.2{690_A909}	ATGCTTATGC	AGATGCACAG	GCAGAAGTAA	ATAAAGCACA	AAAAGCATTG
msa363690.2{690_JM9130013}	ATGCTTATGC	AGATGCACAG	GCAGAAGTAA	ATAAAGCACA	AAAAGCATTG
msa363690.2{690_H36B}	ATGCTTATGC	AGATGCACAG	GCAGAAGTAA	ATAAAGCACA	AAAAGCATTG
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa363690.2{690_COH1}	AATGATACTG	TTATTACAAG	TGACGTATCA	GGGACAGTTG	TTGAAGTTAA
msa363690.2{690_M732}	AATGATACTG	TTATTACAAG	TGACGTATCA	GGGACAGTTG	TTGAAGTTAA
msa363690.2{690_M781}	AATGATACTG	TTATTACAAG	TGACGTATCA	GGGACAGTTG	TTGAAGTTAA
msa363690.2{690_090}	AATGATACTG	TTATTACAAG	TGACGTATCA	GGGACAGTTG	TTGAAGTTAA
msa363690.2{690_CJB110}	AATGATACTG	TTATTACAAG	TGACGTATCA	GGGACAGTTG	TTGAAGTTAA
msa363690.2{690_1169NT}	AATGATACTG	TTATTACAAG	TGACGTATCA	GGGACAGTTG	TTGAAGTTAA
msa363690.2{690_18RS21}	AATGATACTG	TTATTACAAG	TGACGTATCA	GGGACAGTTG	TTGAAGTTAA
msa363690.2{690_2603}	AATGATACTG	TTATTACAAG	TGACGTATCA	GGGACAGTTG	TTGAAGTTAA
msa363690.2{690_A909}	AATGATACTG	TTATTACAAG	TGACGTATCA	GGGACAGTTG	TTGAAGTTAA
msa363690.2{690_JM9130013}	AATGATACTG	TTATTACAAG	TGACGTATCA	GGGACAGTTG	TTGAAGTTAA
msa363690.2{690_H36B}	AATGATACTG	TTATTACAAG	TGACGTATCA	GGGACAGTTG	TTGAAGTTAA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa363690.2{690_COH1}	TAGTGATATT	GATCCAGCTT	CAAAAAGTAG	TCAAGTACTT	GTCCATGTAG
msa363690.2{690_M732}	TAGTGATATT	GATCCAGCTT	CAAAAAGTAG	TCAAGTACTT	GTCCATGTAG
msa363690.2{690_M781}	TAGTGATATT	GATCCAGCTT	CAAAAAGTAG	TCAAGTACTT	GTCCATGTAG
msa363690.2{690_090}	TAGTGATATT	GATCCAGCTT	CAAAAAGTAG	TCAAGTACTT	GTCCATGTAG
msa363690.2{690_CJB110}	TAGTGATATT	GATCCAGCTT	CAAAAAGTAG	TCAAGTACTT	GTCCATGTAG
msa363690.2{690_1169NT}	TAGTGATATT	GATCCAGCTT	CAAAAAGTAG	TCAAGTACTT	GTCCATGTAG
msa363690.2{690_18RS21}	TAGTGATATT	GATCCAGCTT	CAAAAAGTAG	TCAAGTACTT	GTCCATGTAG
msa363690.2{690_2603}	TAGTGATATT	GATCCAGCTT	CAAAAAGTAG	TCAAGTACTT	GTCCATGTAG
msa363690.2{690_A909}	TAGTGATATT	GATCCAGCTT	CAAAAAGTAG	TCAAGTACTT	GTCCATGTAG
msa363690.2{690_JM9130013}	TAGTGATATT	GATCCAGCTT	CAAAAAGTAG	TCAAGTACTT	GTCCATGTAG
msa363690.2{690_H36B}	TAGTGATATT	GATCCAGCTT	CAAAAAGTAG	TCAAGTACTT	GTCCATGTAG
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa363690.2{690_COH1}	CAACTGAaGG	TAAACTCCAA	GTACAAGGAA	CGATGAGTGA	GTATGATTTG
msa363690.2{690_M732}	CAACTGAaGG	TAAACTCCAA	GTACAAGGAA	CGATGAGTGA	GTATGATTTG
msa363690.2{690_M781}	CAACTGAaGG	TAAACTCCAA	GTACAAGGAA	CGATGAGTGA	GTATGATTTG
msa363690.2{690_090}	CAACTGAaGG	TAAACTCCAA	GTACAAGGAA	CGATGAGTGA	GTATGATTTG
msa363690.2{690_CJB110}	CAACTGAaGG	TAAACTCCAA	GTACAAGGAA	CGATGAGTGA	GTATGATTTG
msa363690.2{690_1169NT}	CAACTGAaGG	TAAACTCCAA	GTACAAGGAA	CGATGAGTGA	GTATGATTTG

Table 85: Comparative Sequences relating to SAG1361

msa363690.2{690_18RS21}	CAACTGAaGG	TAAACTCCAA	GTACAAGGAA	CGATGAGTGA	GTATGATTTG
msa363690.2{690_2603}	CAACTGAaGG	TAAACTCCAA	GTACAAGGAA	CGATGAGTGA	GTATGATTTG
msa363690.2{690_A909}	CAACTGAaGG	TAAACTCCAA	GTACAAGGAA	CGATGAGTGA	GTATGATTTG
msa363690.2{690_JM9130013}	CAACTGAaGG	TAAACTCCAA	GTACAAGGAA	CGATGAGTGA	GTATGATTTG
msa363690.2{690_H36B}	CAACTGAaGG	TAAACTCCAA	GTACAAGGAA	CGATGAGTGA	GTATGATTTG
Consensus	*****-*	*****-*	*****-*	*****-*	*****-*
msa363690.2{690_COH1}	GCTAATGTTA	AAAAAGATCA	GgCTGTTAAA	ATAAAAATCTA	AGGTCTATCC
msa363690.2{690_M732}	GCTAATGTTA	AAAAAGATCA	GgCTGTTAAA	ATAAAAATCTA	AGGTCTATCC
msa363690.2{690_M781}	GCTAATGTTA	AAAAAGATCA	GgCTGTTAAA	ATAAAAATCTA	AGGTCTATCC
msa363690.2{690_090}	GCTAATGTTA	AAAAAGATCA	GgCTGTTAAA	ATAAAAATCTA	AGGTCTATCC
msa363690.2{690_CJB110}	GCTAATGTTA	AAAAAGATCA	GgCTGTTAAA	ATAAAAATCTA	AGGTCTATCC
msa363690.2{690_1169NT}	GCTAATGTTA	AAAAAGATCA	GgCTGTTAAA	ATAAAAATCTA	AGGTCTATCC
msa363690.2{690_18RS21}	GCTAATGTTA	AAAAAGATCA	GgCTGTTAAA	ATAAAAATCTA	AGGTCTATCC
msa363690.2{690_2603}	GCTAATGTTA	AAAAAGATCA	GgCTGTTAAA	ATAAAAATCTA	AGGTCTATCC
msa363690.2{690_A909}	GCTAATGTTA	AAAAAGATCA	GgCTGTTAAA	ATAAAAATCTA	AGGTCTATCC
msa363690.2{690_JM9130013}	GCTAATGTTA	AAAAAGATCA	GgCTGTTAAA	ATAAAAATCTA	AGGTCTATCC
msa363690.2{690_H36B}	GCTAATGTTA	AAAAAGATCA	GgCTGTTAAA	ATAAAAATCTA	AGGTCTATCC
Consensus	*****-*	*****-*	*-*****	*****-*	*****-*
msa363690.2{690_COH1}	TGACAAGGAA	TGGGAAGGTA	AAATTCATA	TATCTCAAAT	TATCCAGAAG
msa363690.2{690_M732}	TGACAAGGAA	TGGGAAGGTA	AAATTCATA	TATCTCAAAT	TATCCAGAAG
msa363690.2{690_M781}	TGACAAGGAA	TGGGAAGGTA	AAATTCATA	TATCTCAAAT	TATCCAGAAG
msa363690.2{690_090}	TGACAAGGAA	TGGGAAGGTA	AAATTCATA	TATCTCAAAT	TATCCAGAAG
msa363690.2{690_CJB110}	TGACAAGGAA	TGGGAAGGTA	AAATTCATA	TATCTCAAAT	TATCCAGAAG
msa363690.2{690_1169NT}	TGACAAGGAA	TGGGAAGGTA	AAATTCATA	TATCTCAAAT	TATCCAGAAG
msa363690.2{690_18RS21}	TGACAAGGAA	TGGGAAGGTA	AAATTCATA	TATCTCAAAT	TATCCAGAAG
msa363690.2{690_2603}	TGACAAGGAA	TGGGAAGGTA	AAATTCATA	TATCTCAAAT	TATCCAGAAG
msa363690.2{690_A909}	TGACAAGGAA	TGGGAAGGTA	AAATTCATA	TATCTCAAAT	TATCCAGAAG
msa363690.2{690_JM9130013}	TGACAAGGAA	TGGGAAGGTA	AAATTCATA	TATCTCAAAT	TATCCAGAAG
msa363690.2{690_H36B}	TGACAAGGAA	TGGGAAGGTA	AAATTCATA	TATCTCAAAT	TATCCAGAAG
Consensus	*****-*	*****-*	*****-*	*****-*	*****-*
msa363690.2{690_COH1}	CAGAAGCAAA	CAACAATGAC	TCTAATAACG	GCTCTAGTGC	TGTAAATTAT
msa363690.2{690_M732}	CAGAAGCAAA	CAACAATGAC	TCTAATAACG	GCTCTAGTGC	TGTAAATTAT
msa363690.2{690_M781}	CAGAAGCAAA	CAACAATGAC	TCTAATAACG	GCTCTAGTGC	TGTAAATTAT
msa363690.2{690_090}	CAGAAGCAAA	CAACAATGAC	TCTAATAACG	GCTCTAGTGC	TGTAAATTAT
msa363690.2{690_CJB110}	CAGAAGCAAA	CAACAATGAC	TCTAATAACG	GCTCTAGTGC	TGTAAATTAT
msa363690.2{690_1169NT}	CAGAAGCAAA	CAACAATGAC	TCTAATAACG	GCTCTAGTGC	TGTAAATTAT
msa363690.2{690_18RS21}	CAGAAGCAAA	CAACAATGAC	TCTAATAACG	GCTCTAGTGC	TGTAAATTAT
msa363690.2{690_2603}	CAGAAGCAAA	CAACAATGAC	TCTAATAACG	GCTCTAGTGC	TGTAAATTAT
msa363690.2{690_A909}	CAGAAGCAAA	CAACAATGAC	TCTAATAACG	GCTCTAGTGC	TGTAAATTAT
msa363690.2{690_JM9130013}	CAGAAGCAAA	CAACAATGAC	TCTAATAACG	GCTCTAGTGC	TGTAAATTAT
msa363690.2{690_H36B}	CAGAAGCAAA	CAACAATGAC	TCTAATAACG	GCTCTAGTGC	TGTAAATTAT
Consensus	*****-*	*****-*	*****-*	*****-*	*****-*
msa363690.2{690_COH1}	AAATATAAAG	TAGATATTAC	TAGCCCTCTC	GATGCATTAA	AACAAGGTTT
msa363690.2{690_M732}	AAATATAAAG	TAGATATTAC	TAGCCCTCTC	GATGCATTAA	AACAAGGTTT
msa363690.2{690_M781}	AAATATAAAG	TAGATATTAC	TAGCCCTCTC	GATGCATTAA	AACAAGGTTT
msa363690.2{690_090}	AAATATAAAG	TAGATATTAC	TAGCCCTCTC	GATGCATTAA	AACAAGGTTT
msa363690.2{690_CJB110}	AAATATAAAG	TAGATATTAC	TAGCCCTCTC	GATGCATTAA	AACAAGGTTT
msa363690.2{690_1169NT}	AAATATAAAG	TAGATATTAC	TAGCCCTCTC	GATGCATTAA	AACAAGGTTT
msa363690.2{690_18RS21}	AAATATAAAG	TAGATATTAC	TAGCCCTCTC	GATGCATTAA	AACAAGGTTT
msa363690.2{690_2603}	AAATATAAAG	TAGATATTAC	TAGCCCTCTC	GATGCATTAA	AACAAGGTTT
msa363690.2{690_A909}	AAATATAAAG	TAGATATTAC	TAGCCCTCTC	GATGCATTAA	AACAAGGTTT
msa363690.2{690_JM9130013}	AAATATAAAG	TAGATATTAC	TAGCCCTCTC	GATGCATTAA	AACAAGGTTT
msa363690.2{690_H36B}	AAATATAAAG	TAGATATTAC	TAGCCCTCTC	GATGCATTAA	AACAAGGTTT
Consensus	*****-*	*****-*	*****-*	*****-*	*****-*
msa363690.2{690_COH1}	TACcGTATCA	GTTGAAGTAG	TTAATGGAGA	TAAGCACCTT	ATTGTcCCTA
msa363690.2{690_M732}	TACcGTATCA	GTTGAAGTAG	TTAATGGAGA	TAAGCACCTT	ATTGTcCCTA
msa363690.2{690_M781}	TACcGTATCA	GTTGAAGTAG	TTAATGGAGA	TAAGCACCTT	ATTGTcCCTA
msa363690.2{690_090}	TACcGTATCA	GTTGAAGTAG	TTAATGGAGA	TAAGCACCTT	ATTGTcCCTA
msa363690.2{690_CJB110}	TACcGTATCA	GTTGAAGTAG	TTAATGGAGA	TAAGCACCTT	ATTGTcCCTA
msa363690.2{690_1169NT}	TACcGTATCA	GTTGAAGTAG	TTAATGGAGA	TAAGCACCTT	ATTGTcCCTA
msa363690.2{690_18RS21}	TACcGTATCA	GTTGAAGTAG	TTAATGGAGA	TAAGCACCTT	ATTGTcCCTA
msa363690.2{690_2603}	TACcGTATCA	GTTGAAGTAG	TTAATGGAGA	TAAGCACCTT	ATTGTcCCTA
msa363690.2{690_A909}	TACcGTATCA	GTTGAAGTAG	TTAATGGAGA	TAAGCACCTT	ATTGTcCCTA
msa363690.2{690_JM9130013}	TACcGTATCA	GTTGAAGTAG	TTAATGGAGA	TAAGCACCTT	ATTGTcCCTA
msa363690.2{690_H36B}	TACcGTATCA	GTTGAAGTAG	TTAATGGAGA	TAAGCACCTT	ATTGTcCCTA
Consensus	***-*****	*****-*	*****-*	*****-*	*****-*
msa363690.2{690_COH1}	CAAGTTCTGT	GATAAACAAA	GATAATAAAC	ACTTTGTTTG	GGTATACAAAT
msa363690.2{690_M732}	CAAGTTCTGT	GATAAACAAA	GATAATAAAC	ACTTTGTTTG	GGTATACAAAT
msa363690.2{690_M781}	CAAGTTCTGT	GATAAACAAA	GATAATAAAC	ACTTTGTTTG	GGTATACAAAT
msa363690.2{690_090}	CAAGTTCTGT	GATAAACAAA	GATAATAAAC	ACTTTGTTTG	GGTATACAAAT
msa363690.2{690_CJB110}	CAAGTTCTGT	GATAAACAAA	GATAATAAAC	ACTTTGTTTG	GGTATACAAAT



Table 85: Comparative Sequences relating to SAG1361

msa363690.2{690_1169NT}	CAAGTTCTGT	GATAAACAAA	GATAATAAAC	ACTTTGTTTG	GGTATACAAT		
msa363690.2{690_18RS21}	CAAGTTCTGT	GATAAACAAA	GATAATAAAC	ACTTTGTTTG	GGTATACAAT		
msa363690.2{690_2603}	CAAGTTCTGT	GATAAACAAA	GATAATAAAC	ACTTTGTTTG	GGTATACAAT		
msa363690.2{690_A909}	CAAGTTCTGT	GATAAACAAA	GATAATAAAC	ACTTTGTTTG	GGTATACAAT		
msa363690.2{690_JM9130013}	CAAGTTCTGT	GATAAACAAA	GATAATAAAC	ACTTTGTTTG	GGTATACAAT		
msa363690.2{690_H36B}	CAAGTTCTGT	GATAAACAAA	GATAATAAAC	ACTTTGTTTG	GGTATACAAT		
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****		
msa363690.2{690_COH1}	1051	GATTCTAATC	GTAAAATTTT	CAAAGTTGAA	GTCAAAATTG	GTAAAGCTGA	1100
msa363690.2{690_M732}	GATTCTAATC	GTAAAATTTT	CAAAGTTGAA	GTCAAAATTG	GTAAAGCTGA	GTAAAGCTGA	
msa363690.2{690_M781}	GATTCTAATC	GTAAAATTTT	CAAAGTTGAA	GTCAAAATTG	GTAAAGCTGA	GTAAAGCTGA	
msa363690.2{690_090}	GATTCTAATC	GTAAAATTTT	CAAAGTTGAA	GTCAAAATTG	GTAAAGCTGA	GTAAAGCTGA	
msa363690.2{690_CJB110}	GATTCTAATC	GTAAAATTTT	CAAAGTTGAA	GTCAAAATTG	GTAAAGCTGA	GTAAAGCTGA	
msa363690.2{690_1169NT}	GATTCTAATC	GTAAAATTTT	CAAAGTTGAA	GTCAAAATTG	GTAAAGCTGA	GTAAAGCTGA	
msa363690.2{690_18RS21}	GATTCTAATC	GTAAAATTTT	CAAAGTTGAA	GTCAAAATTG	GTAAAGCTGA	GTAAAGCTGA	
msa363690.2{690_2603}	GATTCTAATC	GTAAAATTTT	CAAAGTTGAA	GTCAAAATTG	GTAAAGCTGA	GTAAAGCTGA	
msa363690.2{690_A909}	GATTCTAATC	GTAAAATTTT	CAAAGTTGAA	GTCAAAATTG	GTAAAGCTGA	GTAAAGCTGA	
msa363690.2{690_JM9130013}	GATTCTAATC	GTAAAATTTT	CAAAGTTGAA	GTCAAAATTG	GTAAAGCTGA	GTAAAGCTGA	
msa363690.2{690_H36B}	GATTCTAATC	GTAAAATTTT	CAAAGTTGAA	GTCAAAATTG	GTAAAGCTGA	GTAAAGCTGA	
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****	*****	
msa363690.2{690_COH1}	1101	TGCTAAGACA	CAAGAAATTT	TATCAGGTTT	GAAAGCAGGA	CAAATCGTgG	1150
msa363690.2{690_M732}	TGCTAAGACA	CAAGAAATTT	TATCAGGTTT	GAAAGCAGGA	CAAATCGTgG	CAAATCGTgG	
msa363690.2{690_M781}	TGCTAAGACA	CAAGAAATTT	TATCAGGTTT	GAAAGCAGGA	CAAATCGTgG	CAAATCGTgG	
msa363690.2{690_090}	TGCTAAGACA	CAAGAAATTT	TATCAGGTTT	GAAAGCAGGA	CAAATCGTgG	CAAATCGTgG	
msa363690.2{690_CJB110}	TGCTAAGACA	CAAGAAATTT	TATCAGGTTT	GAAAGCAGGA	CAAATCGTgG	CAAATCGTgG	
msa363690.2{690_1169NT}	TGCTAAGACA	CAAGAAATTT	TATCAGGTTT	GAAAGCAGGA	CAAATCGTgG	CAAATCGTgG	
msa363690.2{690_18RS21}	TGCTAAGACA	CAAGAAATTT	TATCAGGTTT	GAAAGCAGGA	CAAATCGTgG	CAAATCGTgG	
msa363690.2{690_2603}	TGCTAAGACA	CAAGAAATTT	TATCAGGTTT	GAAAGCAGGA	CAAATCGTgG	CAAATCGTgG	
msa363690.2{690_A909}	TGCTAAGACA	CAAGAAATTT	TATCAGGTTT	GAAAGCAGGA	CAAATCGTgG	CAAATCGTgG	
msa363690.2{690_JM9130013}	TGCTAAGACA	CAAGAAATTT	TATCAGGTTT	GAAAGCAGGA	CAAATCGTgG	CAAATCGTgG	
msa363690.2{690_H36B}	TGCTAAGACA	CAAGAAATTT	TATCAGGTTT	GAAAGCAGGA	CAAATCGTgG	CAAATCGTgG	
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****	*****	
msa363690.2{690_COH1}	1151	TTACTAATCC	AAGCAAAaCt	TTCAAGGATG	GGCAAAAAAT	TGATAATATT	1200
msa363690.2{690_M732}	TTACTAATCC	AAGCAAAaCt	TTCAAGGATG	GGCAAAAAAT	TGATAATATT	TGATAATATT	
msa363690.2{690_M781}	TTACTAATCC	AAGCAAAaCt	TTCAAGGATG	GGCAAAAAAT	TGATAATATT	TGATAATATT	
msa363690.2{690_090}	TTACTAATCC	AAGCAAAaCc	TTCAAGGATG	GGCAAAAAAT	TGATAATATT	TGATAATATT	
msa363690.2{690_CJB110}	TTACTAATCC	AAGCAAAaCc	TTCAAGGATG	GGCAAAAAAT	TGATAATATT	TGATAATATT	
msa363690.2{690_1169NT}	TTACTAATCC	AAGCAAAaCc	TTCAAGGATG	GGCAAAAAAT	TGATAATATT	TGATAATATT	
msa363690.2{690_18RS21}	TTACTAATCC	AAGCAAAaCc	TTCAAGGATG	GGCAAAAAAT	TGATAATATT	TGATAATATT	
msa363690.2{690_2603}	TTACTAATCC	AAGCAAAaCc	TTCAAGGATG	GGCAAAAAAT	TGATAATATT	TGATAATATT	
msa363690.2{690_A909}	TTACTAATCC	AAGCAAAaCc	TTCAAGGATG	GGCAAAAAAT	TGATAATATT	TGATAATATT	
msa363690.2{690_JM9130013}	TTACTAATCC	AAGCAAAaCc	TTCAAGGATG	GGCAAAAAAT	TGATAATATT	TGATAATATT	
msa363690.2{690_H36B}	TTACTAATCC	AAGCAAAgCt	TTCAAGGATG	GGCAAAAAAT	TGATAATATT	TGATAATATT	
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****	*****	
msa363690.2{690_COH1}	1201	GAATCAATcG	ATCTTAAgTC	TAATAAGAAA	TCAGAGgtga	a-	1242
msa363690.2{690_M732}	GAATCAATcG	ATCTTAAgTC	TAATAAGAAA	TCAGAGgtga	a-	a-	
msa363690.2{690_M781}	GAATCAATcG	ATCTTAAgTC	TAATAAGAAA	TCAGAGgtga	a-	a-	
msa363690.2{690_090}	GAATCAATcG	ATCTTAAgTC	TAATAAGAAA	TCAGAGgtga	a-	a-	
msa363690.2{690_CJB110}	GAATCAATcG	ATCTTAAgTC	TAATAAGAAA	TCAGAGgtga	a-	a-	
msa363690.2{690_1169NT}	GAATCAATcG	ATCTTAAgTC	TAATAAGAAA	TCAGAGgtga	a-	a-	
msa363690.2{690_18RS21}	GAATCAATcG	ATCTTAAgTC	TAATAAGAAA	TCAGAGgtga	a-	a-	
msa363690.2{690_2603}	GAATCAATcG	ATCTTAAgTC	TAATAAGAAA	TCAGAGgtga	aA	aA	
msa363690.2{690_A909}	GAATCAATcG	ATCTTAAgTC	TAATAAGAAA	TCAGAGgtga	aA	aA	
msa363690.2{690_JM9130013}	GAATCAATcG	ATCTTAAgTC	TAATAAGAAA	TCAGAGgtga	aA	aA	
msa363690.2{690_H36B}	GAATCAATcG	ATCTTAAgTC	TAATAAGAAA	TCAGAGgtg-	--	--	
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****	*****	

SEQ ID NO. 8511

STRAIN 2603 frame: 1

MSKRQNLGISKKGAIISGLSVALIVVIGGLFWVQSQPNKSAVKTNKYVFNVRGVSVSST  
 LLTGKAKANQEQYVYFDANKGNRATVTVKVGDKITAGQQVLVQYDTTTAQAAVDTANRQLN  
 KVARQINNLTGSLPAMESSDQSSSSSQGGTQSTSGATNRLQNNYQSQANASYNQQLQ  
 DLNDAYADAQAEVNKAQKALNDTVITSDVSGTVVEVNSIDIPASKTQSVLVHVATEGKLG  
 VQGTMSBYDLANVKDQAVKIKSKVYPDKKEWEGKISYISNYPEAEANNNDNNNGSSAVNY  
 KYKVDITSPLDALKQGFTVSVEVVGDKHLIVPTSSVINKDNKHFVWVYNDNRRKISKVE  
 VKIGKADAKTQEILSGLKAGQIVVTNPSTFKDQKIDNIESIDLNSNKKSEVK

SEQ ID NO. 8512

STRAIN 090 frame: 1

FLWVQSQPNKSAVKTNKYVFNVRGVSVSSTLLTGKAKANQEQYVYFDANKGNRATVTVK  
 VGDKITAGQQVLVQYDTTTAQAAVDTANRQLNKVARQINNLTGSLPAMESSDQSSSSSQ  
 GGGTQSTSGATNRLQNNYQSQANASYNQQLQDLNDAYADAQAEVNKAQKALNDTVITSDV  
 SGTVEVNSIDIPASKTQSVLVHVATEGKLGQVQGTMSBYDLANVKDQAVKIKSKVYPDK  
 EWEGKISYISNYPEAEANNNDNNNGSSAVNYKYKVDITSPLDALKQGFTVSVEVVGDKH  
 LIVPTSSVINKDNKHFVWVYNDNRRKISKVEVKIGKADAKTQEILSGLKAGQIVVTNPST  
 TFKDQKIDNIESIDLNSNKKSE

Table 85: Comparative Sequences relating to SAG1361

## SEQ ID NO. 8513

STRAIN A909 frame: 1

FLWVQSQPNKSAVKTNKYKVFNVREGSVSSSTLLTGKAKANQEQYVYFDANKGNRATVTVK  
 VGDKITAGQQLVQYDITTTAQAAAYDTANRQLNKVARQINNLTGSLPAMESSDQSSSSSQ  
 GQGAQSTSGATNRLQONYSQANASYNQQLQDLNDAYADAQAEVNKAQKALNDTVITSDV  
 SGTVEVNSDIDPASKTSQVLVHVATEGKLVQVQGTMSYDLANVKKQDAVKIKSKVYPDK  
 EWEGKISYISNYPEAEANNNDSSNGSSAVNYKYKVDITSPDLALKQGFTVSVEVVNGDKH  
 LIVPTSSVTNKDNKHFVWVYNDSSNRKISKVEVKIKGADAKTQEILSGLKAGQIVVTNPSK  
 TFKDGGQKIDNIESIDLKSNKKSEV

## SEQ ID NO. 8514

STRAIN H36B frame: 1

FLWVQSQPNKSAVKTNKYKVFNVREGSVSSSTLLTGKAKANQEQYVYFDANKGNRATVTVK  
 VGDKITAGQQLVQYDITTTAQAAAYDTANRQLNKVARQINNLTGSLPAMESSDQSSSSSQ  
 GQGTQSTSGATNRLQONYSQANASYNQQLQDLNDAYADAQAEVNKAQKALNDTVITSDV  
 SGTVEVNSDIDPASKTSQVLVHVATEGKLVQVQGTMSYDLANVKKQDAVKIKSKVYPDK  
 EWEGKISYISNYPEAEANNNDSSNGSSAVNYKYKVDITSPDLALKQGFTVSVEVVNGDKH  
 LIVPTSSVTNKDNKHFVWVYNDSSNRKISKVEVKIKGADAKTQEILSGLKAGQIVVTNPSK  
 AFDGQKIDNIESIDLKSNKKSEV

## SEQ ID NO. 8515

STRAIN 18RS21 frame: 1

FLWVQSQPNKSAVKTNKYKVFNVREGSVSSSTLLTGKAKANQEQYVYFDANKGNRATVTVK  
 VGDKITAGQQLVQYDITTTAQAAAYDTANRQLNKVARQINNLTGSLPAMESSDQSSSSSQ  
 GQGTQSTSGATNRLQONYSQANASYNQQLQDLNDAYADAQAEVNKAQKALNDTVITSDV  
 SGTVEVNSDIDPASKTSQVLVHVATEGKLVQVQGTMSYDLANVKKQDAVKIKSKVYPDK  
 EWEGKISYISNYPEAEANNNDSSNGSSAVNYKYKVDITSPDLALKQGFTVSVEVVNGDKH  
 LIVPTSSVTNKDNKHFVWVYNDSSNRKISKVEVKIKGADAKTQEILSGLKAGQIVVTNPSK  
 TFKDGGQKIDNIESIDLKSNKKSEV

## SEQ ID NO. 8516

STRAIN M732 frame: 1

FLWVQSQPNKSAVKTNKYKVFNVREGSVSSSTLLTGKAKANQEQYVYFDANKGNRATVTVK  
 VGDKITAGQQLVQYDITTTAQAAAYDTANRQLNKVARQINNLTGSLPAMESSDQSSSSSQ  
 GQGTQSTSGATNRLQONYSQANASYNQQLQDLNDAYADAQAEVNKAQKALNDTVITSDV  
 SGTVEVNSDIDPASKTSQVLVHVATEGKLVQVQGTMSYDLANVKKQDAVKIKSKVYPDK  
 EWEGKISYISNYPEAEANNNDSSNGSSAVNYKYKVDITSPDLALKQGFTVSVEVVNGDKH  
 LIVPTSSVTNKDNKHFVWVYNDSSNRKISKVEVKIKGADAKTQEILSGLKAGQIVVTNPSK  
 TFKDGGQKIDNIESIDLKSNKKSEV

## SEQ ID NO. 8517

STRAIN COH1 frame: 1

FLWVQSQPNKSAVKTNKYKVFNVREGSVSSSTLLTGKAKANQEQYVYFDANKGNRATVTVK  
 VGDKITAGQQLVQYDITTTAQAAAYDTANRQLNKVARQINNLTGSLPAMESSDQSSSSSQ  
 GQGTQSTSGATNRLQONYSQANASYNQQLQDLNDAYADAQAEVNKAQKALNDTVITSDV  
 SGTVEVNSDIDPASKTSQVLVHVATEGKLVQVQGTMSYDLANVKKQDAVKIKSKVYPDK  
 EWEGKISYISNYPEAEANNNDSSNGSSAVNYKYKVDITSPDLALKQGFTVSVEVVNGDKH  
 LIVPTSSVTNKDNKHFVWVYNDSSNRKISKVEVKIKGADAKTQEILSGLKAGQIVVTNPSK  
 TFKDGGQKIDNIESIDLKSNKKSEV

## SEQ ID NO. 8518

STRAIN M781 frame: 1

FLWVQSQPNKSAVKTNKYKVFNVREGSVSSSTLLTGKAKANQEQYVYFDANKGNRATVTVK  
 VGDKITAGQQLVQYDITTTAQAAAYDTANRQLNKVARQINNLTGSLPAMESSDQSSSSSQ  
 GQGTQSTSGATNRLQONYSQANASYNQQLQDLNDAYADAQAEVNKAQKALNDTVITSDV  
 SGTVEVNSDIDPASKTSQVLVHVATEGKLVQVQGTMSYDLANVKKQDAVKIKSKVYPDK  
 EWEGKISYISNYPEAEANNNDSSNGSSAVNYKYKVDITSPDLALKQGFTVSVEVVNGDKH  
 LIVPTSSVTNKDNKHFVWVYNDSSNRKISKVEVKIKGADAKTQEILSGLKAGQIVVTNPSK  
 TFKDGGQKIDNIESIDLKSNKKSEV

## SEQ ID NO. 8519

STRAIN M781 frame: 1

FLWVQSQPNKSAVKTNKYKVFNVREGSVSSSTLLTGKAKANQEQYVYFDANKGNRATVTVK  
 VGDKITAGQQLVQYDITTTAQAAAYDTANRQLNKVARQINNLTGSLPAMESSDQSSSSSQ  
 GQGTQSTSGATNRLQONYSQANASYNQQLQDLNDAYADAQAEVNKAQKALNDTVITSDV  
 SGTVEVNSDIDPASKTSQVLVHVATEGKLVQVQGTMSYDLANVKKQDAVKIKSKVYPDK  
 EWEGKISYISNYPEAEANNNDSSNGSSAVNYKYKVDITSPDLALKQGFTVSVEVVNGDKH  
 LIVPTSSVTNKDNKHFVWVYNDSSNRKISKVEVKIKGADAKTQEILSGLKAGQIVVTNPSK  
 TFKDGGQKIDNIESIDLKSNKKSEV

## SEQ ID NO. 8520

STRAIN CJB110 frame: 1

FLWVQSQPNKSAVKTNKYKVFNVREGSVSSSTLLTGKAKANQEQYVYFDANKGNRATVTVK  
 VGDKITAGQQLVQYDITTTAQAAAYDTANRQLNKVARQINNLTGSLPAMESSDQSSSSSQ  
 GQGTQSTSGATNRLQONYSQANASYNQQLQDLNDAYADAQAEVNKAQKALNDTVITSDV  
 SGTVEVNSDIDPASKTSQVLVHVATEGKLVQVQGTMSYDLANVKKQDAVKIKSKVYPDK  
 EWEGKISYISNYPEAEANNNDSSNGSSAVNYKYKVDITSPDLALKQGFTVSVEVVNGDKH  
 LIVPTSSVTNKDNKHFVWVYNDSSNRKISKVEVKIKGADAKTQEILSGLKAGQIVVTNPSK  
 TFKDGGQKIDNIESIDLKSNKKSEV

## SEQ ID NO. 8521

Table 85: Comparative Sequences relating to SAG1361

STRAIN 1169NT frame: 1

```

FLWVQSQPNKSAVKTNKVFNVREGSVSSSTLLTGKAKANQEQYVYFDANKGNRATVTVK
VGDKITAGQQLVQYDITTTAAQAYDTANRQLNKVARQINNLTGSLPAMESSDQSSSSSQ
GQGTQSTSGATNRLQQNYQSQANASYNQQLQDLNDAYADAQAEVNKAQKALNDTVITSDV
SGTVVEVNSDIDPASKTSQVLVHVATEGKLVQVQGTMSFYDLANVKKQAVKIKSKVYPDK
EWEGKISYISYNYPEAEANNNDSSNGSSAVNYKYKVDITSPDLALKQGFVSVEVVNGDKH
LIVPTSSVINKDNKHFVWVYNDNRKI SKVEVKIGKADAKTQEILSGLKAGQIVVTNPSK
TFKDGQKIDNIESIDLNSNKKSEV

```

SEQ ID NO. 8522

STRAIN JM9130013 frame: 1

```

FLWVQSQPNKSAVKTNKVFNVREGSVSSSTLLTGKAKANQEQYVYFDANKGNRATVTVK
VGDKITAGQQLVQYDITTTAAQAYDTANRQLNKVARQINNLTGSLPAMESSDQSSSSSQ
GQGAQSTSGATNRLQQNYQSQANASYNQQLQDLNDAYADAQAEVNKAQKALNDTVITSDV
SGTVVEVNSDIDPASKTSQVLVHVATEGKLVQVQGTMSFYDLANVKKQAVKIKSKVYPDK
EWEGKISYISYNYPEAEANNNDSSNGSSAVNYKYKVDITSPDLALKQGFVSVEVVNGDKH
LIVPTSSVINKDNKHFVWVYNDNRKI SKVEVKIGKADAKTQEILSGLKAGQIVVTNPSK
TFKDGQKIDNIESIDLNSNKKSEV

```

PRETTY of: /biotmp/msa375805.2{\*} April 1, 2003 02:58 ..

	1			50
msa375805.2{690_COH1}	-----	-----	-----F	LWVQSQPNKS AVKTNKYKVFN
msa375805.2{690_M732}	-----	-----	-----F	LWVQSQPNKS AVKTNKYKVFN
msa375805.2{690_M781}	-----	-----	-----F	LWVQSQPNKS AVKTNKYKVFN
msa375805.2{690_090}	-----	-----	-----F	LWVQSQPNKS AVKTNKYKVFN
msa375805.2{690_CJB110}	-----	-----	-----F	LWVQSQPNKS AVKTNKYKVFN
msa375805.2{690_1169NT}	-----	-----	-----F	LWVQSQPNKS AVKTNKYKVFN
msa375805.2{690_18RS21}	-----	-----	-----F	LWVQSQPNKS AVKTNKYKVFN
msa375805.2{690_2603}	mskrqnlgis	kkgaiaigls	valivviggf	LWVQSQPNKS AVKTNKYKVFN
msa375805.2{690_A909}	-----	-----	-----F	LWVQSQPNKS AVKTNKYKVFN
msa375805.2{690_JM9130013}	-----	-----	-----F	LWVQSQPNKS AVKTNKYKVFN
msa375805.2{690_H36B}	-----	-----	-----F	LWVQSQPNKS AVKTNKYKVFN
Consensus	*****	*****	*****	*****

	51			100
msa375805.2{690_COH1}	VREGSVSSST	LLTGKAKANQ	EQYVYFDANK	GNRATVTVKV
msa375805.2{690_M732}	VREGSVSSST	LLTGKAKANQ	EQYVYFDANK	GNRATVTVKV
msa375805.2{690_M781}	VREGSVSSST	LLTGKAKANQ	EQYVYFDANK	GNRATVTVKV
msa375805.2{690_090}	VREGSVSSST	LLTGKAKANQ	EQYVYFDANK	GNRATVTVKV
msa375805.2{690_CJB110}	VREGSVSSST	LLTGKAKANQ	EQYVYFDANK	GNRATVTVKV
msa375805.2{690_1169NT}	VREGSVSSST	LLTGKAKANQ	EQYVYFDANK	GNRATVTVKV
msa375805.2{690_18RS21}	VREGSVSSST	LLTGKAKANQ	EQYVYFDANK	GNRATVTVKV
msa375805.2{690_2603}	VREGSVSSST	LLTGKAKANQ	EQYVYFDANK	GNRATVTVKV
msa375805.2{690_A909}	VREGSVSSST	LLTGKAKANQ	EQYVYFDANK	GNRATVTVKV
msa375805.2{690_JM9130013}	VREGSVSSST	LLTGKAKANQ	EQYVYFDANK	GNRATVTVKV
msa375805.2{690_H36B}	VREGSVSSST	LLTGKAKANQ	EQYVYFDANK	GNRATVTVKV
Consensus	*****	*****	*****	*****

	101			150
msa375805.2{690_COH1}	VQYDITTTAAQ	AYDTANRQLN	KVARQINNLLK	TTGSLPAMEs
msa375805.2{690_M732}	VQYDITTTAAQ	AYDTANRQLN	KVARQINNLLK	TTGSLPAMEs
msa375805.2{690_M781}	VQYDITTTAAQ	AYDTANRQLN	KVARQINNLLK	TTGSLPAMEs
msa375805.2{690_090}	VQYDITTTAAQ	AYDTANRQLN	KVARQINNLLK	TTGSLPAME1
msa375805.2{690_CJB110}	VQYDITTTAAQ	AYDTANRQLN	KVARQINNLLK	TTGSLPAME1
msa375805.2{690_1169NT}	VQYDITTTAAQ	AYDTANRQLN	KVARQINNLLK	TTGSLPAMEs
msa375805.2{690_18RS21}	VQYDITTTAAQ	AYDTANRQLN	KVARQINNLLK	TTGSLPAMEs
msa375805.2{690_2603}	VQYDITTTAAQ	AYDTANRQLN	KVARQINNLLK	TTGSLPAMEs
msa375805.2{690_A909}	VQYDITTTAAQ	AYDTANRQLN	KVARQINNLLK	TTGSLPAMEs
msa375805.2{690_JM9130013}	VQYDITTTAAQ	AYDTANRQLN	KVARQINNLLK	TTGSLPAMEs
msa375805.2{690_H36B}	VQYDITTTAAQ	AYDTANRQLN	KVARQINNLLK	TTGSLPAMEs
Consensus	*****	*****	*****	*****

	151			200
msa375805.2{690_COH1}	QGTQSTSGAT	NRLQQNYQSQ	ANASYNQQLQ	DLNDAYADAQ
msa375805.2{690_M732}	QGTQSTSGAT	NRLQQNYQSQ	ANASYNQQLQ	DLNDAYADAQ
msa375805.2{690_M781}	QGTQSTSGAT	NRLQQNYQSQ	ANASYNQQLQ	DLNDAYADAQ
msa375805.2{690_090}	QGTQSTSGAT	NRLQQNYQSQ	ANASYNQQLQ	DLNDAYADAQ
msa375805.2{690_CJB110}	QGTQSTSGAT	NRLQQNYQSQ	ANASYNQQLQ	DLNDAYADAQ
msa375805.2{690_1169NT}	QGTQSTSGAT	NRLQQNYQSQ	ANASYNQQLQ	DLNDAYADAQ
msa375805.2{690_18RS21}	QGTQSTSGAT	NRLQQNYQSQ	ANASYNQQLQ	DLNDAYADAQ
msa375805.2{690_2603}	QGTQSTSGAT	NRLQQNYQSQ	ANASYNQQLQ	DLNDAYADAQ
msa375805.2{690_A909}	QGTQSTSGAT	NRLQQNYQSQ	ANASYNQQLQ	DLNDAYADAQ
msa375805.2{690_JM9130013}	QGTQSTSGAT	NRLQQNYQSQ	ANASYNQQLQ	DLNDAYADAQ
msa375805.2{690_H36B}	QGTQSTSGAT	NRLQQNYQSQ	ANASYNQQLQ	DLNDAYADAQ
Consensus	*****	*****	*****	*****

	201			250
msa375805.2{690_COH1}	NDTVITSDVS	GTVEVNSDI	DPASKTSQVL	VHVATEGKLO
msa375805.2{690_M732}	NDTVITSDVS	GTVEVNSDI	DPASKTSQVL	VHVATEGKLO
msa375805.2{690_M781}	NDTVITSDVS	GTVEVNSDI	DPASKTSQVL	VHVATEGKLO
msa375805.2{690_090}	NDTVITSDVS	GTVEVNSDI	DPASKTSQVL	VHVATEGKLO

Table 85: Comparative Sequences relating to SAG1361

msa375805.2{690_CJB110}	NDTVITSDVS	GTVEVNNDI	DPASKTSQVL	VHVATEGKLQ	VQGTMSSEYDL
msa375805.2{690_1169NT}	NDTVITSDVS	GTVEVNNDI	DPASKTSQVL	VHVATEGKLQ	VQGTMSSEYDL
msa375805.2{690_18RS21}	NDTVITSDVS	GTVEVNNDI	DPASKTSQVL	VHVATEGKLQ	VQGTMSSEYDL
msa375805.2{690_2603}	NDTVITSDVS	GTVEVNNDI	DPASKTSQVL	VHVATEGKLQ	VQGTMSSEYDL
msa375805.2{690_A909}	NDTVITSDVS	GTVEVNNDI	DPASKTSQVL	VHVATEGKLQ	VQGTMSSEYDL
msa375805.2{690_JM9130013}	NDTVITSDVS	GTVEVNNDI	DPASKTSQVL	VHVATEGKLQ	VQGTMSSEYDL
msa375805.2{690_H36B}	NDTVITSDVS	GTVEVNNDI	DPASKTSQVL	VHVATEGKLQ	VQGTMSSEYDL
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
251					
msa375805.2{690_COH1}	ANVKKDQaVK	IKSKVYPDKE	WEGKISYISN	YPEAEANNND	SNNGSSAVNY
msa375805.2{690_M732}	ANVKKDQaVK	IKSKVYPDKE	WEGKISYISN	YPEAEANNND	SNNGSSAVNY
msa375805.2{690_M781}	ANVKKDQaVK	IKSKVYPDKE	WEGKISYISN	YPEAEANNND	SNNGSSAVNY
msa375805.2{690_090}	ANVKKDQaVK	IKSKVYPDKE	WEGKISYISN	YPEAEANNND	SNNGSSAVNY
msa375805.2{690_CJB110}	ANVKKDQaVK	IKSKVYPDKE	WEGKISYISN	YPEAEANNND	SNNGSSAVNY
msa375805.2{690_1169NT}	ANVKKDQaVK	IKSKVYPDKE	WEGKISYISN	YPEAEANNND	SNNGSSAVNY
msa375805.2{690_18RS21}	ANVKKDQaVK	IKSKVYPDKE	WEGKISYISN	YPEAEANNND	SNNGSSAVNY
msa375805.2{690_2603}	ANVKKDQaVK	IKSKVYPDKE	WEGKISYISN	YPEAEANNND	SNNGSSAVNY
msa375805.2{690_A909}	ANVKKDQaVK	IKSKVYPDKE	WEGKISYISN	YPEAEANNND	SNNGSSAVNY
msa375805.2{690_JM9130013}	ANVKKDQaVK	IKSKVYPDKE	WEGKISYISN	YPEAEANNND	SNNGSSAVNY
msa375805.2{690_H36B}	ANVKKDQaVK	IKSKVYPDKE	WEGKISYISN	YPEAEANNND	SNNGSSAVNY
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
301					
msa375805.2{690_COH1}	KYKVDITSPL	DALKQGFTVS	VEVVNGDKHL	IVPTSSVINK	DNKHFVWVYN
msa375805.2{690_M732}	KYKVDITSPL	DALKQGFTVS	VEVVNGDKHL	IVPTSSVINK	DNKHFVWVYN
msa375805.2{690_M781}	KYKVDITSPL	DALKQGFTVS	VEVVNGDKHL	IVPTSSVINK	DNKHFVWVYN
msa375805.2{690_090}	KYKVDITSPL	DALKQGFTVS	VEVVNGDKHL	IVPTSSVINK	DNKHFVWVYN
msa375805.2{690_CJB110}	KYKVDITSPL	DALKQGFTVS	VEVVNGDKHL	IVPTSSVINK	DNKHFVWVYN
msa375805.2{690_1169NT}	KYKVDITSPL	DALKQGFTVS	VEVVNGDKHL	IVPTSSVINK	DNKHFVWVYN
msa375805.2{690_18RS21}	KYKVDITSPL	DALKQGFTVS	VEVVNGDKHL	IVPTSSVINK	DNKHFVWVYN
msa375805.2{690_2603}	KYKVDITSPL	DALKQGFTVS	VEVVNGDKHL	IVPTSSVINK	DNKHFVWVYN
msa375805.2{690_A909}	KYKVDITSPL	DALKQGFTVS	VEVVNGDKHL	IVPTSSVINK	DNKHFVWVYN
msa375805.2{690_JM9130013}	KYKVDITSPL	DALKQGFTVS	VEVVNGDKHL	IVPTSSVINK	DNKHFVWVYN
msa375805.2{690_H36B}	KYKVDITSPL	DALKQGFTVS	VEVVNGDKHL	IVPTSSVINK	DNKHFVWVYN
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
351					
msa375805.2{690_COH1}	DSNRKISKVE	VKIGKADAKT	QEILSGLKAG	QIVVTNPSKt	FKDGQKIDNI
msa375805.2{690_M732}	DSNRKISKVE	VKIGKADAKT	QEILSGLKAG	QIVVTNPSKt	FKDGQKIDNI
msa375805.2{690_M781}	DSNRKISKVE	VKIGKADAKT	QEILSGLKAG	QIVVTNPSKt	FKDGQKIDNI
msa375805.2{690_090}	DSNRKISKVE	VKIGKADAKT	QEILSGLKAG	QIVVTNPSKt	FKDGQKIDNI
msa375805.2{690_CJB110}	DSNRKISKVE	VKIGKADAKT	QEILSGLKAG	QIVVTNPSKt	FKDGQKIDNI
msa375805.2{690_1169NT}	DSNRKISKVE	VKIGKADAKT	QEILSGLKAG	QIVVTNPSKt	FKDGQKIDNI
msa375805.2{690_18RS21}	DSNRKISKVE	VKIGKADAKT	QEILSGLKAG	QIVVTNPSKt	FKDGQKIDNI
msa375805.2{690_2603}	DSNRKISKVE	VKIGKADAKT	QEILSGLKAG	QIVVTNPSKt	FKDGQKIDNI
msa375805.2{690_A909}	DSNRKISKVE	VKIGKADAKT	QEILSGLKAG	QIVVTNPSKt	FKDGQKIDNI
msa375805.2{690_JM9130013}	DSNRKISKVE	VKIGKADAKT	QEILSGLKAG	QIVVTNPSKt	FKDGQKIDNI
msa375805.2{690_H36B}	DSNRKISKVE	VKIGKADAKT	QEILSGLKAG	QIVVTNPSKa	FKDGQKIDNI
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
401					
msa375805.2{690_COH1}	ESIDLkSNKK	SEv-			
msa375805.2{690_M732}	ESIDLkSNKK	SEv-			
msa375805.2{690_M781}	ESIDLkSNKK	SEv-			
msa375805.2{690_090}	ESIDLnSNKK	SE--			
msa375805.2{690_CJB110}	ESIDLnSNKK	SEv-			
msa375805.2{690_1169NT}	ESIDLnSNKK	SEv-			
msa375805.2{690_18RS21}	ESIDLnSNKK	SE--			
msa375805.2{690_2603}	ESIDLnSNKK	SEvK			
msa375805.2{690_A909}	ESIDLkSNKK	SEvK			
msa375805.2{690_JM9130013}	ESIDLkSNKK	SEvK			
msa375805.2{690_H36B}	ESIDLkSNKK	SEv-			
Consensus	*****	***-			

Table 86: Comparative Sequences relating to SAG1393

## SEQ ID NO. 8601

## STRAIN 2603

atgaaaaaattggaattattgtcctcacactactgaccttcttttggatcttgcgga  
 caacaaactaaacaagaaagcactaaaacaactatttctaaaatgcctaaaattgaaggc  
 ttcacctattatggaataattcctgaaaatccgaaaaagtaattatatttcatattct  
 tacactgggtatttataaaactaggtgttaattgtttcaagttacagtttagacttagaa  
 aaagatagcccggtttttggtaaaacaactgaaagaagctaaaaaattaaactgctgatgat  
 acagaagctatttgccgcacaaaaacctgatttaatcatggttttcgatcaagatccaaac  
 atcaatactctgaaaaaaattgcaccaactttagttatataatggtgcacaaaaattat  
 ttagatgatgagccagccttggggaagattcggtaaaagaaaaagaagctaatacagtg  
 gttagccaatggaaaactaaaactctcgctgtcaaaaaagatttacaccatattctaaag  
 cctaactactctttactattatggattttatgataaaaaatattctatttatggtta  
 aattttggacgcggtgggagaactaatctatgattcactaggttatgctgcccagaaaa  
 gtcaaaaagatgtctttaaaaaagggtggtttaccgtttcgcaagaagcaatcggtgat  
 tacgttggagatttatgccttgttaataataacaaaacgactaaaaaagcagcttcatca  
 cttaagaaagtgatgtctggaagaatttaccagctgtcaaaaaagggcacatcatagaa  
 agtaactacgacgtgttttattctctgacccctctattttagaagctcaattaaaaatca  
 ttacaaaaggctatcaagaaaatacaaat

## SEQ ID NO. 8602

## STRAIN 090

GAAGGCTTCACCTATTATGGAAAAATTCCTGAAAATCCGAAAAAGTAAT  
 TAATTTTACATATTCTTACACTGGGTATTATTAAAACTAGGTGTTAATG  
 TTCAAGTTACAGTTTAGACTTAGAAAAAGATAGCCCGTTTTTGGTAAG  
 CAACTGAAAAGACTAAAAAATTAAGTCTGATGATACAGAAGCTATTGTC  
 CGCACAAAACCTGATTTAATCATGGTTTCGATCAAGATCCAAACATCA  
 ATACTCTGAAAAAATTTGCACCAACTTTAGTTATTAAATATGGTGACAA  
 AATTATTTAGATATGATGCCAGCCTTGGGGAAGTATTCGGTAAAGAAA  
 AGAAGCTAATCAGTGGGTAGCCCAATGGAAAACCTAAACTCTCGCTGCCA  
 AAAAAGATTACACCATATCTTAAAGCCTAACACTACTTTTACTATTATG  
 GATTTTATGATAAAAAATCTATTTATATGTTAATAATTTTGGACGCGG  
 tGGAGAATCAATCTATGATTCACTAGGTTATGCTGCCCCagAAAAAGTCA  
 AAAAAGATGTCTTTAAAAAAGGGTGGTTTACCGTTTCgCAAGAAGCAATC  
 GGtGATTACGTTGGAGATTATGCCCTTGTAAATAAAACAAACGACTAA  
 AAAAGCAGCTTCatcACTTAAAGAAAGTGATGTCTGGAAGAATTACCAG  
 CTGTCAAAAAAGGGCACATCATAGAAAGTAAcTACGACGTGTTTTATTTC  
 TCTGACCTCTATCTTTAGAAGCTCAATTAAATCATTTACAAA

## SEQ ID NO. 8603

## STRAIN A909

GAAGGCTTCACCTATTATGGAAAAATTCCTG  
 AAAATCCGAAAAAAGTAATTAATTTTACATATTCTTACACTGGATTTTA  
 TAAAACTAGGAGTTAATGTTTCAAGTTACAGTTTAGACTTAGAAAAAGA  
 TAGCCCGTTTTTGGTAAaCAACTGAAAGGAGCTAAAAAATTAAGTCTG  
 ATGATACAGAAGCTATTGCGCACAAAAACCTGATTTAaTCATGGTTTTT  
 GATCAAGATCCAAACATCAATACTCTGAAAAAATTTGCACCAACTTTAGT  
 TATTAATATGGTGACAAAAATTATTtagATaTGATGCCAGCTTTGGGGA  
 AAGTATTTCGGTAAAGAAAAAGAAGCTAATCAGTGGGTTAGCCaaTGGAAA  
 ACTAAACTCTCGCTGCCAAAAAAGATTACACCATATCTTAAACCTAA  
 CACTACTTTTACCATTATGGATTTTTATGATAAAAAATATCTATTATATG  
 GTAATTAATTTTGGACGCGGTGGAGAACTAATCTATGATTCACTAGGTTAT  
 GCTGCCCCAGAAAAAGTCAAAAAAGATGTCTTTAAAAAAGGGTGGTTTAC  
 CGTTTCGCAAGAAGCAATCGGTgATTACGTTGGAGATTATGCCCTTGTTA  
 ATATAAAACAAACGACTAAAAAAGCAGCTTCATCACTTAAAGAAAGTGAT  
 GTCTGGAAGAATTTACCAGCTGTCAAAAAAGGGCACATCATAGAAAGTAA  
 CTACGACGTGTTTTATTCTCTGACCTCTATCTTTAGAAGCTCAATTAA  
 AATCATTTACAAA

## SEQ ID NO. 8604

## STRAIN H36B

GAAGGCTTCACCTATTATGGAAAA  
 ATTCCTGAAAAATCCGAAAAAAGTAATTAATTTTACATATTCTTACACTGG  
 ATATTTTATTAATACTAGGAGTTAATGTTTCAAGTTACAGTTTAGACTTAG  
 AAAAAAGATagCCCGTTTTTGGTAAGCAACTGAAAGGAGCTAAAAAATTA  
 ACTGCTGATGATACAGAAGCTATTGCGCACAAAAACCTGATTTAaTCAT  
 GGTTTTTGATCAAGATCCAAACATCAATACTCTGAAAAAATTTGCACCAA  
 CTTTAGTTATTAAATATGGTGACAAAAATTATTtagATaTGATGCCAGCT  
 TTGGGGAaAGTATTTCGGTAAAGAAAAAGAAGCTAATCAGTGGGTTAGCCA  
 ATGAAAAACTAAAACTCTCGCTGCCAAAAAAGATTACACCATATCTTAA  
 GGCTaAcACTACTTTTACTATTATAGATTTTTATGATAAAAAATATCTAT  
 TTTATATGTAATAATTTTGGACGCGGTGGAGAACTAATCTATGATGtCACT  
 AGGTTATGCTGCCCCagAAAAAGTCAAAAAAGATGTCTTTAAAAAAGGGT  
 GGTTTACCGTTTCgCAAGAAGCAATCGGTgATTACGTTGGAGATTATGCC  
 CTGTGTAATATAAAACAAACGACTAAAAAAGCAGCTTCaTCACTTAAAGA  
 AAGTGATGTTTGAAGAATTTACCAGCTGTCAAAAAAGGGCACATCATAG  
 AAAGTAACACGACGTGTTTTATTCTCTGACCTCTATCTTTAGAAGCT  
 CAATTAAATCATTTACAAA

Table 86: Comparative Sequences relating to SAG1393

SEQ ID NO. 8605

STRAIN 18RS21

GAAGGCTTCACCTATTATGGA  
 AAAATTCTCGAAAATCCGAAAAAGTAATTAATTTTACATATTCTTACAC  
 TGGGTATTTTATTAATACTAGGTGTTAATGTTTCAAGTTACAGTTTAGACT  
 TAGAAAAAGATAGCCCCGTTTTTGGTAAACAACTGAAAGAAGCTAAAAAA  
 TTAACCTGCTGATGATACAGAAAGCTATTGCCGCACAAAAACCTGATTAAAT  
 CATGGTTTTTCGATCAAGATCCAACATCAATACTCTGAAAAAAATTGCAC  
 CAACTTTAGTTATTAAATATGGTGCACAAAATTATTTAGATaTGATGCCA  
 GCCTTGGGGAAAGTATTCCGGTAAAGAAAAAGAGCTAATCAGTGGGTAG  
 CCAATGGAAAACTAAAACTCTCGCTGTCAAAAAAGATTACACCATATCT  
 TAAAGCCTAACACTACTTTTACTATTATGGATTTTTATGATAAAAAATATC  
 TATTTATATGGTAATAATTTTGGACGCGGTGGAGAATAATCTATGATTC  
 ACTAGGTTATGCTGCCCAgAAAAAGTCAAAAAAGATGTCTTTAAAAAAG  
 GGTGGTTTACCGTTTCGCAAGAAGCAATCGGTGATTACGTTGGAGATTAT  
 GCCCTTGTGTTAATAAACAACAAAGCTAAAAAAGCAGCTTCATCACTTAA  
 AGAAAGTGATGTCTGGAAGAAATTACCAGCTGTCAAAAAAGGGCACATCA  
 TAGAAAGTAACACGACGTGTTTTATTCTCTGACCCCTCTATCTTTAGAA  
 GCTCAATTAATCATTACAAA

SEQ ID NO. 8606

STRAIN M732

GAAGGCTTCACCTATTATGG  
 AAAATTCTCGAAAATCCGAAAAAGTAATTAATTTTACATATTCTTACA  
 CTGGGTATTTTATTAATACTAGGTGTTAATGTTTCAAGTTACAGTTTAGAC  
 TTAGAAAAAGATAGCCCCGTTTTTGGTAAAGCAACTGAAAGAAGCTAAAAA  
 ATTAACCTGCTGATGATACAGAAGCTATTGCCGCACAAAAACCTGATTAA  
 TCATGGTTTTTCGATCAAGATCCAACATCAATACTCTGAAAAAAATTGCA  
 CCAACTTTAGTTATTAAATATGGTGCACAAAATTATTTAGATATGATGCC  
 AGCCTTGGGGAAAGTATTCCGGTAAAGAAAAAGAGCTAATCAGTGGGTAA  
 GCCAATGGAAAACTAAAACTCTCGCTGCCAAAAAGATTACACCATATC  
 TTAAAGCCTAACACTACTTTTACTATTATGGATTTTTATGATAAAAAATAT  
 CTATTTATATGGTAATAATTTTGGACGCGGTGGAGAATAATCTATGATT  
 CACTAGGTTATGCTGCCCAgAAAAAGTCAAAAAAGATGTCTTTAAAAA  
 GGGTGGTTTACCGTTTCGCAAGAAGCAATCGGTGATTACGTTGGAGATT  
 TGCCCTTGTGTTAATAAACAACGACTAAAAAAGCAGCTTCATCACTTA  
 AAGAAAGTGATGTCTGGAAGAAATTACCAGCTGTCAAAAAAGGGCACATC  
 ATAGAAAGTAACACGACGTGTTTTATTCTCTGACCCCTCTATCTTTAGA  
 AGCTCAATTAATCATTACAAA

SEQ ID NO. 8607

STRAIN COH1

GAAGGCTTCACCTATTATG  
 GAAAAATTCCTGAAAATCCGAAAAAGTAATTAATTTTACATATTCTTAC  
 ACTGGGTATTTTATTAATACTAGGTGTTAATGTTTCAAGTTACAGTTTAGA  
 CTTAGAAAAAGATAGCCCCGTTTTTGGTAAAGCAACTGAAAGAAGCTAAAA  
 AATTAACCTGCTGATGATACAGAAGCTATTGCCGCACAAAAACCTGATTAA  
 ATCATGGTTTTTCGATCAAGATCCAACATCAATACTCTGAAAAAAATTGC  
 ACCAACTTTAGTTATTAAATATGGTGCACAAAATTATTTAGATATGATGC  
 CAGCCTTGGGGAAAGTaTTcGGTAAAGAAAAAGAGCTAATCAGTGGGT  
 AGCCAATGGAAAACTAAAACTCTCGCTGCCAAAAAGATTACACCATAT  
 CTTAAAGCCTAACACTACTTTTACTATTATGGATTTTTATGATAAAAAATA  
 TCTATTTATATGGTAATAATTTTGGACGCGGTGGAGAATAATCTATGAT  
 TCACTAGGTTATGCTGCCCAgAAAAAGTCAAAAAAGATGTCTTTAAAAA  
 AGGGTGGTTTACCGTTTCGCAAGAAGCAATCGGTGATTACGTTGGAGATT  
 ATGCCCTTGTGTTAATAAACAACGACTAAAAAAGCAGCTTCATCACTT  
 AAAGAAAGTGATGTCTGGAAGAAATTACCAGCTGTCAAAAAAGGGCACAT  
 CATAGAAAGTAACACGACGTGTTTTATTCTCTGACCCCTCTATCTTTAG  
 AAGCTCAATTAATCATTACAAA

SEQ ID NO. 8608

STRAIN M781

GAAGGCTTCACCTATTATGG  
 AAAAATTCCTGAAAATCCGAAAAAGTAATTAATTTTACATATTCTTACA  
 CTGGGTATTTTATTAATACTAGGTGTTAATGTTTCAAGTTACAGTTTAGAC  
 TTAGAAAAAGATAGCCCCGTTTTTGGTAAAGCAACTGAAAGAAGCTAAAAA  
 ATTAACCTGCTGATGATACAGAAGCTATTGCCGCACAAAAACCTGATTAA  
 TCATGGTTTTTCGATCAAGATCCAACATCAATACTCTGAAAAAAATTGCA  
 CCAACTTTAGTTATTAAATATGGTGCACAAAATTATTTAGATATGATGCC  
 AGCCTTGGGGAAAGTATTCCGGTAAAGAAAAAGAGCTAATCAGTGGGTAA  
 GCCAATGGAAAACTAAAACTCTCGCTGCCAAAAAGATTACACCATATC  
 TTAAAGCCTAACACTACTTTTACTATTATGGATTTTTATGATAAAAAATAT  
 CTATTTATATGGTAATAATTTTGGACGCGGTGGAGAATAATCTATGATT  
 CACTAGGTTATGCTGCCCAgAAAAAGTCAAAAAAGATGTCTTTAAAAA  
 GGGTGGTTTACCGTTTCGCAAGAAGCAATCGGTGATTACGTTGGAGATT  
 TGCCCTTGTGTTAATAAACAACGACTAAAAAAGCAGCTTCATCACTTA  
 TGCCCTTGTGTTAATAAACAACGACTAAAAAAGCAGCTTCATCACTTA

Table 86: Comparative Sequences relating to SAG1393

AAGAAAGTGATGTCTGGAAGAATTTACCAGCTGTCAAAAAAGGGCACATC  
 ATAGAAAGTAACACGACGTGTTTTATTTCTCTGACCCTCTATCTTTAGA  
 AGCTCAATTAAATCATTACAAA

SEQ ID NO. 8609

STRAIN CJB110

GAAGGCTTCACCTATTATGGA

AAAATTCCTGAAAATCCGAAAAAGTAATTAATTTTACATATTCTTACAC  
 TGGGTATTTATTAAACTAGGTGTTAATGTTTCAAGTTACAGTTTAGACT  
 TAGAAAAAGATAGCCCCGTTTTTGGTAAGCAACTGAAAGAAGCTAAAAAA  
 TTAAGTCTGATGATACAGAAGCTATTGCCGCACAAAAACCTGATTTAAT  
 CATGGTTTTCGATCAAGATCCAAACATCAATACTCTGAAAAAAGATTGCAC  
 CAACTTTAGTTATTAAATATGGTGACAAAAATTTATTAATATGATGCCA  
 GCCTTGGGGAAGTATTCCGTAAAGAAAAAGAGCTAATCAGTGGGTTAG  
 CCAATGAAAACTAAACTCTCGCTGCCAAAAAAGATTACACCATATCT  
 TAAAGCCTAACACTACTTTTACTATTATGGATTTTTATGATAAAAAATATC  
 TATTTATATGGTAATAATTTTGGACGCGGTGGAGAACTAATCTATGATTC  
 ACTAGGTTATGCTGCCCCAGAAAAAGTCAAAAAAGATGTCTTTAAAAAAG  
 GGTGGTTTACCGTTTCGCAAGAGCAATCGGTGATTACGTTGGAGATTAT  
 GCCCTTGTAAATATAAAACAAACGACTAAAAAAGCAGCTTCATCACTTAA  
 AGAAAGTGATGTCTGGAAGAATTTACCAGCTGTCAAAAAAGGGCACATCA  
 TAGAAAGTAACACGACGTGTTTTATTTCTCTGACCCTCTATCTTTAGAA  
 GCTCAATTAAATCATTACAAA

SEQ ID NO. 8610

STRAIN 1169NT

GAAGGCTTCACCTATTATGGAATAAT

CCTGAAAATCCGAAAAAGTAATTAATTTTACATATTCTTACACTGGGTA  
 TTTATTAAAACTAGGTGTTAATGTTTCAAGTTACAGTTTAGACTTAGAAA  
 AAGATAGCCCCGTTTTTGGTAAGCAACTGAAAGAAGCTAAAAAATTAAT  
 GCTGATGATACAGAAGCTATTGCCGcACAAaaACCTGATTTAATCATGGT  
 TTTTCGATCAAGATCCAAACATCAATACTCTGAAAAAATTTGCACCAACTT  
 TAGTTATTAAATATGGTGACAAAAATTTTATGATATGATGCCAGCCTTG  
 GGGAAAGTATTCGGTAAGAAAAAGaaGCTAATCAGTGGGTTAGCCAAATG  
 GAAAACTAAAACTCTCGCTGCCAAAAAAGATTACACCATATCTTAAAGC  
 CTAACACTACTTTTACTATTATGGATTTTTATGATAAAAAATATCTATTTA  
 TATGGTAATAATTTTGGACGCGGTGGAGAACTAATCTATGATTCATAGG  
 TTTATGCTGCCCCAgAAAAAGTCAAAAAAGATGTCTTTAAAAAAGGGTGGT  
 TTACCGTTTCgCAAGAAGCAATCGGTGATTACGTTGGAGATTATGCCCTT  
 GTTAATATAAAACAAACGACTAAAAAAGCAGCTTCATCACTTAAAGAAAG  
 TGATGTCTGGAAGAATTTACCAGCTGTCAAAAAAGGGCACATCATAGAAA  
 GTAACACGACGTGTTTTATTTCTCTGACCCTCTATCTTTAGAAAGCTCAA  
 TTAATCATTACAAA

SEQ ID NO. 8611

STRAIN JM9130013

GAAGGCTTCACCTATTATG

GAAAAATTCCTGAAAATCCGAAAAAGTAATTAATTTTACATATTCTTAC  
 ACTGGATATTTATTAAACTAGGAGTTAATGTTTCAAGTTACAGTTTAGA  
 CTTAGAAAAAGATAGCCCCGTTTTTGGTAAGCAACTGAAAGGAGCTAAAA  
 AATTAACCTGCTGATGATACAGAAGCTATTGCCGCACAAAAACCTGATTTA  
 ATCATGGTTTTCGATCAAGATCCAAACATCAATACTCTGAAAAAATTTGC  
 ACCAACTTTAGTTATTAAATATGGTGCAAAAAATTTATTAATATGATGC  
 CAGCTTTGGGGAAGTATTCCGTAAAGAAAAAGAGCTAATCAGTGGGTT  
 AGCCAATGGAAAACTAAACTCTCGCTGCCAAAAAAGATTACACCATAT  
 CTTAAACCTAACACTACTTTTACCATTATGGATTTTTATGATAAAAAATA  
 TCTATTTATATGGTAATAATTTTGGACGCGGTGGAGAACTAATCTATGAT  
 TCACTAGGTTATGCTGCCCCAgAAAAAGTCAAAAAAGATGTCTTTAAAAA  
 AGGGTGGTTTACCGTTTCgCAAGAAGCAATCGGTGATTACGTTGGAGATT  
 ATGCCCTTGTAAATATAAAACAAACGACTAAAAAAGCAGCTTCATCACTT  
 AAAGAAAGTGATGTCTGGAAGAATTTACCAGCTGTCAAAAAAGGGCACAT  
 CATAGAAAGTAACACGACGTGTTTTATTTCTCTGACCCTCTATCTTTAG  
 AAGCTCAATTAAATCATTACAAA

PRETTY of: /biotmp/msa521731.2{\*} April 28, 2003 08:07 ..

	1	50
msa521731.2{691_090}	-----	-----
msa521731.2{691_1169NT}	-----	-----
msa521731.2{691_CJB110}	-----	-----
msa521731.2{691_COH1}	-----	-----
msa521731.2{691_M732}	-----	-----
msa521731.2{691_M781}	-----	-----
msa521731.2{691_18R921}	-----	-----
msa521731.2{691_2603}	atgaaaaaa	ttggaattat tgtcctcaca ctactgacct tctttttggg

Table 86: Comparative Sequences relating to SAG1393

msa521731.2{691_A909}	-----	-----	-----	-----	-----
msa521731.2{691_JM9130013}	-----	-----	-----	-----	-----
msa521731.2{691_H36B}	-----	-----	-----	-----	-----
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
	51				100
msa521731.2{691_090}	-----	-----	-----	-----	-----
msa521731.2{691_1169NT}	-----	-----	-----	-----	-----
msa521731.2{691_CJB110}	-----	-----	-----	-----	-----
msa521731.2{691_COH1}	-----	-----	-----	-----	-----
msa521731.2{691_M732}	-----	-----	-----	-----	-----
msa521731.2{691_M781}	-----	-----	-----	-----	-----
msa521731.2{691_18RS21}	-----	-----	-----	-----	-----
msa521731.2{691_2603}	atcttgcgga	caacaaacta	aacaagaaag	cactaaaaca	actatttcta
msa521731.2{691_A909}	-----	-----	-----	-----	-----
msa521731.2{691_JM9130013}	-----	-----	-----	-----	-----
msa521731.2{691_H36B}	-----	-----	-----	-----	-----
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
	101				150
msa521731.2{691_090}	-----	----GAAGGC	TTCACCTATT	ATGGAAAAAT	TCCTGAAAAAT
msa521731.2{691_1169NT}	-----	----GAAGGC	TTCACCTATT	ATGGAAAAAT	TCCTGAAAAAT
msa521731.2{691_CJB110}	-----	----GAAGGC	TTCACCTATT	ATGGAAAAAT	TCCTGAAAAAT
msa521731.2{691_COH1}	-----	----GAAGGC	TTCACCTATT	ATGGAAAAAT	TCCTGAAAAAT
msa521731.2{691_M732}	-----	----GAAGGC	TTCACCTATT	ATGGAAAAAT	TCCTGAAAAAT
msa521731.2{691_M781}	-----	----GAAGGC	TTCACCTATT	ATGGAAAAAT	TCCTGAAAAAT
msa521731.2{691_18RS21}	-----	----GAAGGC	TTCACCTATT	ATGGAAAAAT	TCCTGAAAAAT
msa521731.2{691_2603}	aaatgcctaa	aattGAAGGC	TTCACCTATT	ATGGAAAAAT	TCCTGAAAAAT
msa521731.2{691_A909}	-----	----GAAGGC	TTCACCTATT	ATGGAAAAAT	TCCTGAAAAAT
msa521731.2{691_JM9130013}	-----	----GAAGGC	TTCACCTATT	ATGGAAAAAT	TCCTGAAAAAT
msa521731.2{691_H36B}	-----	----GAAGGC	TTCACCTATT	ATGGAAAAAT	TCCTGAAAAAT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
	151				200
msa521731.2{691_090}	CCGAAAAAAG	TAATTAATTT	TACATATTCT	TACACTGGgT	ATTTATTAAA
msa521731.2{691_1169NT}	CCGAAAAAAG	TAATTAATTT	TACATATTCT	TACACTGGgT	ATTTATTAAA
msa521731.2{691_CJB110}	CCGAAAAAAG	TAATTAATTT	TACATATTCT	TACACTGGgT	ATTTATTAAA
msa521731.2{691_COH1}	CCGAAAAAAG	TAATTAATTT	TACATATTCT	TACACTGGgT	ATTTATTAAA
msa521731.2{691_M732}	CCGAAAAAAG	TAATTAATTT	TACATATTCT	TACACTGGgT	ATTTATTAAA
msa521731.2{691_M781}	CCGAAAAAAG	TAATTAATTT	TACATATTCT	TACACTGGgT	ATTTATTAAA
msa521731.2{691_18RS21}	CCGAAAAAAG	TAATTAATTT	TACATATTCT	TACACTGGgT	ATTTATTAAA
msa521731.2{691_2603}	CCGAAAAAAG	TAATTAATTT	TACATATTCT	TACACTGGgT	ATTTATTAAA
msa521731.2{691_A909}	CCGAAAAAAG	TAATTAATTT	TACATATTCT	TACACTGGgT	ATTTATTAAA
msa521731.2{691_JM9130013}	CCGAAAAAAG	TAATTAATTT	TACATATTCT	TACACTGGgT	ATTTATTAAA
msa521731.2{691_H36B}	CCGAAAAAAG	TAATTAATTT	TACATATTCT	TACACTGGgT	ATTTATTAAA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
	201				250
msa521731.2{691_090}	ACTAGGtGTT	AATGTTTCAA	GTTACAGTTT	AGACTTAGAA	AAAGATAGCC
msa521731.2{691_1169NT}	ACTAGGtGTT	AATGTTTCAA	GTTACAGTTT	AGACTTAGAA	AAAGATAGCC
msa521731.2{691_CJB110}	ACTAGGtGTT	AATGTTTCAA	GTTACAGTTT	AGACTTAGAA	AAAGATAGCC
msa521731.2{691_COH1}	ACTAGGtGTT	AATGTTTCAA	GTTACAGTTT	AGACTTAGAA	AAAGATAGCC
msa521731.2{691_M732}	ACTAGGtGTT	AATGTTTCAA	GTTACAGTTT	AGACTTAGAA	AAAGATAGCC
msa521731.2{691_M781}	ACTAGGtGTT	AATGTTTCAA	GTTACAGTTT	AGACTTAGAA	AAAGATAGCC
msa521731.2{691_18RS21}	ACTAGGtGTT	AATGTTTCAA	GTTACAGTTT	AGACTTAGAA	AAAGATAGCC
msa521731.2{691_2603}	ACTAGGtGTT	AATGTTTCAA	GTTACAGTTT	AGACTTAGAA	AAAGATAGCC
msa521731.2{691_A909}	ACTAGGtGTT	AATGTTTCAA	GTTACAGTTT	AGACTTAGAA	AAAGATAGCC
msa521731.2{691_JM9130013}	ACTAGGtGTT	AATGTTTCAA	GTTACAGTTT	AGACTTAGAA	AAAGATAGCC
msa521731.2{691_H36B}	ACTAGGtGTT	AATGTTTCAA	GTTACAGTTT	AGACTTAGAA	AAAGATAGCC
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
	251				300
msa521731.2{691_090}	CCGTTTTTGG	TAAgCAACTG	AAAGaAGCTA	AAAAATTAAC	TGCTGATGAT
msa521731.2{691_1169NT}	CCGTTTTTGG	TAAgCAACTG	AAAGaAGCTA	AAAAATTAAC	TGCTGATGAT
msa521731.2{691_CJB110}	CCGTTTTTGG	TAAgCAACTG	AAAGaAGCTA	AAAAATTAAC	TGCTGATGAT
msa521731.2{691_COH1}	CCGTTTTTGG	TAAgCAACTG	AAAGaAGCTA	AAAAATTAAC	TGCTGATGAT
msa521731.2{691_M732}	CCGTTTTTGG	TAAgCAACTG	AAAGaAGCTA	AAAAATTAAC	TGCTGATGAT
msa521731.2{691_M781}	CCGTTTTTGG	TAAgCAACTG	AAAGaAGCTA	AAAAATTAAC	TGCTGATGAT
msa521731.2{691_18RS21}	CCGTTTTTGG	TAAaCAACTG	AAAGaAGCTA	AAAAATTAAC	TGCTGATGAT
msa521731.2{691_2603}	CCGTTTTTGG	TAAaCAACTG	AAAGaAGCTA	AAAAATTAAC	TGCTGATGAT
msa521731.2{691_A909}	CCGTTTTTGG	TAAaCAACTG	AAAGaAGCTA	AAAAATTAAC	TGCTGATGAT
msa521731.2{691_JM9130013}	CCGTTTTTGG	TAAgCAACTG	AAAGaAGCTA	AAAAATTAAC	TGCTGATGAT
msa521731.2{691_H36B}	CCGTTTTTGG	TAAgCAACTG	AAAGaAGCTA	AAAAATTAAC	TGCTGATGAT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
	301				350
msa521731.2{691_090}	ACAGAAGCTA	TTGCCGCACA	AAAACCTGAT	TTAATCATGG	TTTTcGATCA
msa521731.2{691_1169NT}	ACAGAAGCTA	TTGCCGCACA	AAAACCTGAT	TTAATCATGG	TTTTcGATCA



Table 86: Comparative Sequences relating to SAG1393

msa521731.2{691_CJB110}	ACAGAAGCTA	TTGCCGCACA	AAAACCTGAT	TTAATCATGG	TTTTcGATCA
msa521731.2{691_COH1}	ACAGAAGCTA	TTGCCGCACA	AAAACCTGAT	TTAATCATGG	TTTTcGATCA
msa521731.2{691_M732}	ACAGAAGCTA	TTGCCGCACA	AAAACCTGAT	TTAATCATGG	TTTTcGATCA
msa521731.2{691_M781}	ACAGAAGCTA	TTGCCGCACA	AAAACCTGAT	TTAATCATGG	TTTTcGATCA
msa521731.2{691_18RS21}	ACAGAAGCTA	TTGCCGCACA	AAAACCTGAT	TTAATCATGG	TTTTcGATCA
msa521731.2{691_2603}	ACAGAAGCTA	TTGCCGCACA	AAAACCTGAT	TTAATCATGG	TTTTcGATCA
msa521731.2{691_A909}	ACAGAAGCTA	TTGCCGCACA	AAAACCTGAT	TTAATCATGG	TTTTcGATCA
msa521731.2{691_JM9130013}	ACAGAAGCTA	TTGCCGCACA	AAAACCTGAT	TTAATCATGG	TTTTcGATCA
msa521731.2{691_H36B}	ACAGAAGCTA	TTGCCGCACA	AAAACCTGAT	TTAATCATGG	TTTTcGATCA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
351					
msa521731.2{691_090}	AGATCCAAAC	ATCAATACTC	TGAAAAAAT	TGCACCAACT	TTAGTTATTA
msa521731.2{691_1169NT}	AGATCCAAAC	ATCAATACTC	TGAAAAAAT	TGCACCAACT	TTAGTTATTA
msa521731.2{691_CJB110}	AGATCCAAAC	ATCAATACTC	TGAAAAAAT	TGCACCAACT	TTAGTTATTA
msa521731.2{691_COH1}	AGATCCAAAC	ATCAATACTC	TGAAAAAAT	TGCACCAACT	TTAGTTATTA
msa521731.2{691_M732}	AGATCCAAAC	ATCAATACTC	TGAAAAAAT	TGCACCAACT	TTAGTTATTA
msa521731.2{691_M781}	AGATCCAAAC	ATCAATACTC	TGAAAAAAT	TGCACCAACT	TTAGTTATTA
msa521731.2{691_18RS21}	AGATCCAAAC	ATCAATACTC	TGAAAAAAT	TGCACCAACT	TTAGTTATTA
msa521731.2{691_2603}	AGATCCAAAC	ATCAATACTC	TGAAAAAAT	TGCACCAACT	TTAGTTATTA
msa521731.2{691_A909}	AGATCCAAAC	ATCAATACTC	TGAAAAAAT	TGCACCAACT	TTAGTTATTA
msa521731.2{691_JM9130013}	AGATCCAAAC	ATCAATACTC	TGAAAAAAT	TGCACCAACT	TTAGTTATTA
msa521731.2{691_H36B}	AGATCCAAAC	ATCAATACTC	TGAAAAAAT	TGCACCAACT	TTAGTTATTA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
401					
msa521731.2{691_090}	AATATGGTGC	ACAAAATTAT	TTAGATATGA	TGCCAGCcTT	GGGGAAAGTA
msa521731.2{691_1169NT}	AATATGGTGC	ACAAAATTAT	TTAGATATGA	TGCCAGCcTT	GGGGAAAGTA
msa521731.2{691_CJB110}	AATATGGTGC	ACAAAATTAT	TTAGATATGA	TGCCAGCcTT	GGGGAAAGTA
msa521731.2{691_COH1}	AATATGGTGC	ACAAAATTAT	TTAGATATGA	TGCCAGCcTT	GGGGAAAGTA
msa521731.2{691_M732}	AATATGGTGC	ACAAAATTAT	TTAGATATGA	TGCCAGCcTT	GGGGAAAGTA
msa521731.2{691_M781}	AATATGGTGC	ACAAAATTAT	TTAGATATGA	TGCCAGCcTT	GGGGAAAGTA
msa521731.2{691_18RS21}	AATATGGTGC	ACAAAATTAT	TTAGATATGA	TGCCAGCcTT	GGGGAAAGTA
msa521731.2{691_2603}	AATATGGTGC	ACAAAATTAT	TTAGATATGA	TGCCAGCcTT	GGGGAAAGTA
msa521731.2{691_A909}	AATATGGTGC	ACAAAATTAT	TTAGATATGA	TGCCAGCcTT	GGGGAAAGTA
msa521731.2{691_JM9130013}	AATATGGTGC	ACAAAATTAT	TTAGATATGA	TGCCAGCcTT	GGGGAAAGTA
msa521731.2{691_H36B}	AATATGGTGC	ACAAAATTAT	TTAGATATGA	TGCCAGCcTT	GGGGAAAGTA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
451					
msa521731.2{691_090}	TTCGGTAAAG	AAAAAGAAGC	TAATCAGTGG	GTTAGCCAAT	GGAAAACTAA
msa521731.2{691_1169NT}	TTCGGTAAAG	AAAAAGAAGC	TAATCAGTGG	GTTAGCCAAT	GGAAAACTAA
msa521731.2{691_CJB110}	TTCGGTAAAG	AAAAAGAAGC	TAATCAGTGG	GTTAGCCAAT	GGAAAACTAA
msa521731.2{691_COH1}	TTCGGTAAAG	AAAAAGAAGC	TAATCAGTGG	GTTAGCCAAT	GGAAAACTAA
msa521731.2{691_M732}	TTCGGTAAAG	AAAAAGAAGC	TAATCAGTGG	GTTAGCCAAT	GGAAAACTAA
msa521731.2{691_M781}	TTCGGTAAAG	AAAAAGAAGC	TAATCAGTGG	GTTAGCCAAT	GGAAAACTAA
msa521731.2{691_18RS21}	TTCGGTAAAG	AAAAAGAAGC	TAATCAGTGG	GTTAGCCAAT	GGAAAACTAA
msa521731.2{691_2603}	TTCGGTAAAG	AAAAAGAAGC	TAATCAGTGG	GTTAGCCAAT	GGAAAACTAA
msa521731.2{691_A909}	TTCGGTAAAG	AAAAAGAAGC	TAATCAGTGG	GTTAGCCAAT	GGAAAACTAA
msa521731.2{691_JM9130013}	TTCGGTAAAG	AAAAAGAAGC	TAATCAGTGG	GTTAGCCAAT	GGAAAACTAA
msa521731.2{691_H36B}	TTCGGTAAAG	AAAAAGAAGC	TAATCAGTGG	GTTAGCCAAT	GGAAAACTAA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
501					
msa521731.2{691_090}	AACCTCTCGCT	GcCAAAAAAG	ATTACACCA	TATCTTAAag	CCTAACACTA
msa521731.2{691_1169NT}	AACCTCTCGCT	GcCAAAAAAG	ATTACACCA	TATCTTAAag	CCTAACACTA
msa521731.2{691_CJB110}	AACCTCTCGCT	GcCAAAAAAG	ATTACACCA	TATCTTAAag	CCTAACACTA
msa521731.2{691_COH1}	AACCTCTCGCT	GcCAAAAAAG	ATTACACCA	TATCTTAAag	CCTAACACTA
msa521731.2{691_M732}	AACCTCTCGCT	GcCAAAAAAG	ATTACACCA	TATCTTAAag	CCTAACACTA
msa521731.2{691_M781}	AACCTCTCGCT	GcCAAAAAAG	ATTACACCA	TATCTTAAag	CCTAACACTA
msa521731.2{691_18RS21}	AACCTCTCGCT	GtCAAAAAAG	ATTACACCA	TATCTTAAag	CCTAACACTA
msa521731.2{691_2603}	AACCTCTCGCT	GtCAAAAAAG	ATTACACCA	TATCTTAAag	CCTAACACTA
msa521731.2{691_A909}	AACCTCTCGCT	GcCAAAAAAG	ATTACACCA	TATCTTAAaa	CCTAACACTA
msa521731.2{691_JM9130013}	AACCTCTCGCT	GcCAAAAAAG	ATTACACCA	TATCTTAAaa	CCTAACACTA
msa521731.2{691_H36B}	AACCTCTCGCT	GcCAAAAAAG	ATTACACCA	TATCTTAAgg	CCTAACACTA
Consensus	*****	*-*****	*****	*****	*****
551					
msa521731.2{691_090}	CTTTTACTat	TATgGATTTT	TATGATAAAA	ATATCTATTT	ATATGGTAAT
msa521731.2{691_1169NT}	CTTTTACTat	TATgGATTTT	TATGATAAAA	ATATCTATTT	ATATGGTAAT
msa521731.2{691_CJB110}	CTTTTACTat	TATgGATTTT	TATGATAAAA	ATATCTATTT	ATATGGTAAT
msa521731.2{691_COH1}	CTTTTACTat	TATgGATTTT	TATGATAAAA	ATATCTATTT	ATATGGTAAT
msa521731.2{691_M732}	CTTTTACTat	TATgGATTTT	TATGATAAAA	ATATCTATTT	ATATGGTAAT
msa521731.2{691_M781}	CTTTTACTat	TATgGATTTT	TATGATAAAA	ATATCTATTT	ATATGGTAAT
msa521731.2{691_18RS21}	CTTTTACTat	TATgGATTTT	TATGATAAAA	ATATCTATTT	ATATGGTAAT
msa521731.2{691_2603}	CTTTTACTat	TATgGATTTT	TATGATAAAA	ATATCTATTT	ATATGGTAAT
msa521731.2{691_A909}	CTTTTACcAT	TATgGATTTT	TATGATAAAA	ATATCTATTT	ATATGGTAAT
msa521731.2{691_JM9130013}	CTTTTACcAT	TATgGATTTT	TATGATAAAA	ATATCTATTT	ATATGGTAAT

Table 86: Comparative Sequences relating to SAG1393

msa521731.2{691_H36B}	CTTTTACTAT	TATaGATTtT	TATGATAAAA	ATATCTATTT	ATATGGTAAT
Consensus	*****-*	***-*****	*****	*****	*****
601					
msa521731.2{691_090}	AATTTTGGAC	GCGGTGGAGA	ACTAATCTAT	GATTCAC TAG	GTTATGCTGC
msa521731.2{691_1169NT}	AATTTTGGAC	GCGGTGGAGA	ACTAATCTAT	GATTCAC TAG	GTTATGCTGC
msa521731.2{691_CJB110}	AATTTTGGAC	GCGGTGGAGA	ACTAATCTAT	GATTCAC TAG	GTTATGCTGC
msa521731.2{691_COH1}	AATTTTGGAC	GCGGTGGAGA	ACTAATCTAT	GATTCAC TAG	GTTATGCTGC
msa521731.2{691_M732}	AATTTTGGAC	GCGGTGGAGA	ACTAATCTAT	GATTCAC TAG	GTTATGCTGC
msa521731.2{691_M781}	AATTTTGGAC	GCGGTGGAGA	ACTAATCTAT	GATTCAC TAG	GTTATGCTGC
msa521731.2{691_18RS21}	AATTTTGGAC	GCGGTGGAGA	ACTAATCTAT	GATTCAC TAG	GTTATGCTGC
msa521731.2{691_2603}	AATTTTGGAC	GCGGTGGAGA	ACTAATCTAT	GATTCAC TAG	GTTATGCTGC
msa521731.2{691_A909}	AATTTTGGAC	GCGGTGGAGA	ACTAATCTAT	GATTCAC TAG	GTTATGCTGC
msa521731.2{691_JM9130013}	AATTTTGGAC	GCGGTGGAGA	ACTAATCTAT	GATTCAC TAG	GTTATGCTGC
msa521731.2{691_H36B}	AATTTTGGAC	GCGGTGGAGA	ACTAATCTAT	GATTCAC TAG	GTTATGCTGC
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
651					
msa521731.2{691_090}	CCCAGAAAAA	GTCAAAAAAG	ATGTCCTTAA	AAAAGGGTGG	TTTACCGTTT
msa521731.2{691_1169NT}	CCCAGAAAAA	GTCAAAAAAG	ATGTCCTTAA	AAAAGGGTGG	TTTACCGTTT
msa521731.2{691_CJB110}	CCCAGAAAAA	GTCAAAAAAG	ATGTCCTTAA	AAAAGGGTGG	TTTACCGTTT
msa521731.2{691_COH1}	CCCAGAAAAA	GTCAAAAAAG	ATGTCCTTAA	AAAAGGGTGG	TTTACCGTTT
msa521731.2{691_M732}	CCCAGAAAAA	GTCAAAAAAG	ATGTCCTTAA	AAAAGGGTGG	TTTACCGTTT
msa521731.2{691_M781}	CCCAGAAAAA	GTCAAAAAAG	ATGTCCTTAA	AAAAGGGTGG	TTTACCGTTT
msa521731.2{691_18RS21}	CCCAGAAAAA	GTCAAAAAAG	ATGTCCTTAA	AAAAGGGTGG	TTTACCGTTT
msa521731.2{691_2603}	CCCAGAAAAA	GTCAAAAAAG	ATGTCCTTAA	AAAAGGGTGG	TTTACCGTTT
msa521731.2{691_A909}	CCCAGAAAAA	GTCAAAAAAG	ATGTCCTTAA	AAAAGGGTGG	TTTACCGTTT
msa521731.2{691_JM9130013}	CCCAGAAAAA	GTCAAAAAAG	ATGTCCTTAA	AAAAGGGTGG	TTTACCGTTT
msa521731.2{691_H36B}	CCCAGAAAAA	GTCAAAAAAG	ATGTCCTTAA	AAAAGGGTGG	TTTACCGTTT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
701					
msa521731.2{691_090}	CGCAAGAAGC	AATCGGTGAT	TACGTTGGAG	ATTATGCCCT	TGTTAATATA
msa521731.2{691_1169NT}	CGCAAGAAGC	AATCGGTGAT	TACGTTGGAG	ATTATGCCCT	TGTTAATATA
msa521731.2{691_CJB110}	CGCAAGAAGC	AATCGGTGAT	TACGTTGGAG	ATTATGCCCT	TGTTAATATA
msa521731.2{691_COH1}	CGCAAGAAGC	AATCGGTGAT	TACGTTGGAG	ATTATGCCCT	TGTTAATATA
msa521731.2{691_M732}	CGCAAGAAGC	AATCGGTGAT	TACGTTGGAG	ATTATGCCCT	TGTTAATATA
msa521731.2{691_M781}	CGCAAGAAGC	AATCGGTGAT	TACGTTGGAG	ATTATGCCCT	TGTTAATATA
msa521731.2{691_18RS21}	CGCAAGAAGC	AATCGGTGAT	TACGTTGGAG	ATTATGCCCT	TGTTAATATA
msa521731.2{691_2603}	CGCAAGAAGC	AATCGGTGAT	TACGTTGGAG	ATTATGCCCT	TGTTAATATA
msa521731.2{691_A909}	CGCAAGAAGC	AATCGGTGAT	TACGTTGGAG	ATTATGCCCT	TGTTAATATA
msa521731.2{691_JM9130013}	CGCAAGAAGC	AATCGGTGAT	TACGTTGGAG	ATTATGCCCT	TGTTAATATA
msa521731.2{691_H36B}	CGCAAGAAGC	AATCGGTGAT	TACGTTGGAG	ATTATGCCCT	TGTTAATATA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
751					
msa521731.2{691_090}	AACAAAACGA	CTAAAAAAGC	AGCTTCATCA	CTTAAAGAAA	GTGATGTCtG
msa521731.2{691_1169NT}	AACAAAACGA	CTAAAAAAGC	AGCTTCATCA	CTTAAAGAAA	GTGATGTCtG
msa521731.2{691_CJB110}	AACAAAACGA	CTAAAAAAGC	AGCTTCATCA	CTTAAAGAAA	GTGATGTCtG
msa521731.2{691_COH1}	AACAAAACGA	CTAAAAAAGC	AGCTTCATCA	CTTAAAGAAA	GTGATGTCtG
msa521731.2{691_M732}	AACAAAACGA	CTAAAAAAGC	AGCTTCATCA	CTTAAAGAAA	GTGATGTCtG
msa521731.2{691_M781}	AACAAAACGA	CTAAAAAAGC	AGCTTCATCA	CTTAAAGAAA	GTGATGTCtG
msa521731.2{691_18RS21}	AACAAAACGA	CTAAAAAAGC	AGCTTCATCA	CTTAAAGAAA	GTGATGTCtG
msa521731.2{691_2603}	AACAAAACGA	CTAAAAAAGC	AGCTTCATCA	CTTAAAGAAA	GTGATGTCtG
msa521731.2{691_A909}	AACAAAACGA	CTAAAAAAGC	AGCTTCATCA	CTTAAAGAAA	GTGATGTCtG
msa521731.2{691_JM9130013}	AACAAAACGA	CTAAAAAAGC	AGCTTCATCA	CTTAAAGAAA	GTGATGTCtG
msa521731.2{691_H36B}	AACAAAACGA	CTAAAAAAGC	AGCTTCATCA	CTTAAAGAAA	GTGATGTCtG
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
801					
msa521731.2{691_090}	GAAGAATTTA	CCAGCTGTCA	AAAAAGGGCA	CATCATAGAA	AGTAACTACG
msa521731.2{691_1169NT}	GAAGAATTTA	CCAGCTGTCA	AAAAAGGGCA	CATCATAGAA	AGTAACTACG
msa521731.2{691_CJB110}	GAAGAATTTA	CCAGCTGTCA	AAAAAGGGCA	CATCATAGAA	AGTAACTACG
msa521731.2{691_COH1}	GAAGAATTTA	CCAGCTGTCA	AAAAAGGGCA	CATCATAGAA	AGTAACTACG
msa521731.2{691_M732}	GAAGAATTTA	CCAGCTGTCA	AAAAAGGGCA	CATCATAGAA	AGTAACTACG
msa521731.2{691_M781}	GAAGAATTTA	CCAGCTGTCA	AAAAAGGGCA	CATCATAGAA	AGTAACTACG
msa521731.2{691_18RS21}	GAAGAATTTA	CCAGCTGTCA	AAAAAGGGCA	CATCATAGAA	AGTAACTACG
msa521731.2{691_2603}	GAAGAATTTA	CCAGCTGTCA	AAAAAGGGCA	CATCATAGAA	AGTAACTACG
msa521731.2{691_A909}	GAAGAATTTA	CCAGCTGTCA	AAAAAGGGCA	CATCATAGAA	AGTAACTACG
msa521731.2{691_JM9130013}	GAAGAATTTA	CCAGCTGTCA	AAAAAGGGCA	CATCATAGAA	AGTAACTACG
msa521731.2{691_H36B}	GAAGAATTTA	CCAGCTGTCA	AAAAAGGGCA	CATCATAGAA	AGTAACTACG
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
851					
msa521731.2{691_090}	ACGTGTTTTA	TTTCTCTGAC	CCTCTATCTT	TAGAAGCTCA	ATTAAAATCA
msa521731.2{691_1169NT}	ACGTGTTTTA	TTTCTCTGAC	CCTCTATCTT	TAGAAGCTCA	ATTAAAATCA
msa521731.2{691_CJB110}	ACGTGTTTTA	TTTCTCTGAC	CCTCTATCTT	TAGAAGCTCA	ATTAAAATCA
msa521731.2{691_COH1}	ACGTGTTTTA	TTTCTCTGAC	CCTCTATCTT	TAGAAGCTCA	ATTAAAATCA

Table 86: Comparative Sequences relating to SAG1393

msa521731.2{691_M732}	ACGTGTTTTA	TTTCTCTGAC	CCTCTATCTT	TAGAAGCTCA	ATTAAAAATCA
msa521731.2{691_M781}	ACGTGTTTTA	TTTCTCTGAC	CCTCTATCTT	TAGAAGCTCA	ATTAAAAATCA
msa521731.2{691_18RS21}	ACGTGTTTTA	TTTCTCTGAC	CCTCTATCTT	TAGAAGCTCA	ATTAAAAATCA
msa521731.2{691_2603}	ACGTGTTTTA	TTTCTCTGAC	CCTCTATCTT	TAGAAGCTCA	ATTAAAAATCA
msa521731.2{691_A909}	ACGTGTTTTA	TTTCTCTGAC	CCTCTATCTT	TAGAAGCTCA	ATTAAAAATCA
msa521731.2{691_JM9130013}	ACGTGTTTTA	TTTCTCTGAC	CCTCTATCTT	TAGAAGCTCA	ATTAAAAATCA
msa521731.2{691_H36B}	ACGTGTTTTA	TTTCTCTGAC	CCTCTATCTT	TAGAAGCTCA	ATTAAAAATCA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****

	901		930
msa521731.2{691_090}	TTTACAAA--	-----	-----
msa521731.2{691_1169NT}	TTTACAAA--	-----	-----
msa521731.2{691_CJB110}	TTTACAAA--	-----	-----
msa521731.2{691_COH1}	TTTACAAA--	-----	-----
msa521731.2{691_M732}	TTTACAAA--	-----	-----
msa521731.2{691_M781}	TTTACAAA--	-----	-----
msa521731.2{691_18RS21}	TTTACAAA--	-----	-----
msa521731.2{691_2603}	TTTACAAAgg	ctatcaaaga	aaatacaaat
msa521731.2{691_A909}	TTTACAAA--	-----	-----
msa521731.2{691_JM9130013}	TTTACAAA--	-----	-----
msa521731.2{691_H36B}	TTTACAAA--	-----	-----
Consensus	*****	*****	*****

## SEQ ID NO. 8612

STRAIN 2603 frame: 1

MKIGIIVLTLLTFFLVSCGQQTQBSTKTTISKMPKIEGFTYYGKIPENPKKVINFYTS  
 YTG YLLKLG VNVSSYSLDLEKDS PVFGKQLKEAKKLTADDTEAIAAQKPDLMVFDQDPN  
 INTLKKIAPT LVIKYGAQNYLDMM PALGKVFGKEKEANQWVSQWKT KT LAVKKDLHHILK  
 PNTTFTIMDFYDKNIYLYGNNFGRGGELIYDSLGYAAP EKVKKDVFKKGWFTVSQEAIGD  
 YVGDYALVNINKTTT KAASSLKE SDVWKNLPAVKKGHI IESNYDVFFYSDPLSLEAQLKS  
 FTKAIKENTN

## SEQ ID NO. 8613

STRAIN 090 frame: 1

EGFTYYGKIPENPKKVINFYTSYTG YLLKLG VNVSSYSLDLEKDS PVFGKQLKEAKKLT  
 DDTEAIAAQKPDLMVFDQDPNINTLKKIAPT LVIKYGAQNYLDMM PALGKVFGKEKEAN  
 QWVSQWKT KT LAAKDLHHILK PNTTFTIMDFYDKNIYLYGNNFGRGGELIYDSLGYAAP  
 EKVKKDVFKKGWFTVSQEAIGD YVGDYALVNINKTTT KAASSLKE SDVWKNLPAVKKGHI  
 IESNYDVFFYSDPLSLEAQLKSFT

## SEQ ID NO. 8614

STRAIN A909 frame: 1

EGFTYYGKIPENPKKVINFYTSYTG YLLKLG VNVSSYSLDLEKDS PVFGKQLKEAKKLT  
 DDTEAIAAQKPDLMVFDQDPNINTLKKIAPT LVIKYGAQNYLDMM PALGKVFGKEKEAN  
 QWVSQWKT KT LAAKDLHHILK PNTTFTIMDFYDKNIYLYGNNFGRGGELIYDSLGYAAP  
 EKVKKDVFKKGWFTVSQEAIGD YVGDYALVNINKTTT KAASSLKE SDVWKNLPAVKKGHI  
 IESNYDVFFYSDPLSLEAQLKSFT

## SEQ ID NO. 8615

STRAIN H36B frame: 1

EGFTYYGKIPENPKKVINFYTSYTG YLLKLG VNVSSYSLDLEKDS PVFGKQLKEAKKLT  
 DDTEAIAAQKPDLMVFDQDPNINTLKKIAPT LVIKYGAQNYLDMM PALGKVFGKEKEAN  
 QWVSQWKT KT LAAKDLHHILK PNTTFTIMDFYDKNIYLYGNNFGRGGELIYDSLGYAAP  
 EKVKKDVFKKGWFTVSQEAIGD YVGDYALVNINKTTT KAASSLKE SDVWKNLPAVKKGHI  
 IESNYDVFFYSDPLSLEAQLKSFT

## SEQ ID NO. 8616

STRAIN 18RS21 frame: 1

EGFTYYGKIPENPKKVINFYTSYTG YLLKLG VNVSSYSLDLEKDS PVFGKQLKEAKKLT  
 DDTEAIAAQKPDLMVFDQDPNINTLKKIAPT LVIKYGAQNYLDMM PALGKVFGKEKEAN  
 QWVSQWKT KT LAVKKDLHHILK PNTTFTIMDFYDKNIYLYGNNFGRGGELIYDSLGYAAP  
 EKVKKDVFKKGWFTVSQEAIGD YVGDYALVNINKTTT KAASSLKE SDVWKNLPAVKKGHI  
 IESNYDVFFYSDPLSLEAQLKSFT

## SEQ ID NO. 8617

STRAIN M732 frame: 1

EGFTYYGKIPENPKKVINFYTSYTG YLLKLG VNVSSYSLDLEKDS PVFGKQLKEAKKLT  
 DDTEAIAAQKPDLMVFDQDPNINTLKKIAPT LVIKYGAQNYLDMM PALGKVFGKEKEAN  
 QWVSQWKT KT LAAKDLHHILK PNTTFTIMDFYDKNIYLYGNNFGRGGELIYDSLGYAAP  
 EKVKKDVFKKGWFTVSQEAIGD YVGDYALVNINKTTT KAASSLKE SDVWKNLPAVKKGHI  
 IESNYDVFFYSDPLSLEAQLKSFT

## SEQ ID NO. 8618

STRAIN COH1 frame: 1

EGFTYYGKIPENPKKVINFYTSYTG YLLKLG VNVSSYSLDLEKDS PVFGKQLKEAKKLT  
 DDTEAIAAQKPDLMVFDQDPNINTLKKIAPT LVIKYGAQNYLDMM PALGKVFGKEKEAN

Table 86: Comparative Sequences relating to SAG1393

QWVSQWKTKTLAAKKDLHHILKPNTTFTIMDFYDKNIYLYGNNFGRGGELIYDSLGYAAP  
 EKVKKDVFKKGWFTVSQEAIGDYVGDYALVNINKTTTCCAASSLKESDVWKNLPAVKKGHI  
 IESNYDVFFYFSDPLSLEAQLKSFT

SEQ ID NO. 8619

STRAIN M781 frame: 1

EGFTYYGKIPENPKKVINFYTSYTGYYLLKLG VNVSSYSLDLEKDS PVFGKQLKEAKKLT  
 DDTEAIAAQKPD LIMVFDQDPNINTLKKIAPT LVIKYGAQNYLDMMPALGKVFGEKEAN  
 QWVSQWKTKTLAAKKDLHHILKPNTTFTIMDFYDKNIYLYGNNFGRGGELIYDSLGYAAP  
 EKVKKDVFKKGWFTVSQEAIGDYVGDYALVNINKTTTCCAASSLKESDVWKNLPAVKKGHI  
 IESNYDVFFYFSDPLSLEAQLKSFT

SEQ ID NO. 8620

STRAIN CJB110 frame: 1

EGFTYYGKIPENPKKVINFYTSYTGYYLLKLG VNVSSYSLDLEKDS PVFGKQLKEAKKLT  
 DDTEAIAAQKPD LIMVFDQDPNINTLKKIAPT LVIKYGAQNYLDMMPALGKVFGEKEAN  
 QWVSQWKTKTLAAKKDLHHILKPNTTFTIMDFYDKNIYLYGNNFGRGGELIYDSLGYAAP  
 EKVKKDVFKKGWFTVSQEAIGDYVGDYALVNINKTTTCCAASSLKESDVWKNLPAVKKGHI  
 IESNYDVFFYFSDPLSLEAQLKSFT

SEQ ID NO. 8621

STRAIN 1169NT frame: 1

EGFTYYGKIPENPKKVINFYTSYTGYYLLKLG VNVSSYSLDLEKDS PVFGKQLKEAKKLT  
 DDTEAIAAQKPD LIMVFDQDPNINTLKKIAPT LVIKYGAQNYLDMMPALGKVFGEKEAN  
 QWVSQWKTKTLAAKKDLHHILKPNTTFTIMDFYDKNIYLYGNNFGRGGELIYDSLGYAAP  
 EKVKKDVFKKGWFTVSQEAIGDYVGDYALVNINKTTTCCAASSLKESDVWKNLPAVKKGHI  
 IESNYDVFFYFSDPLSLEAQLKSFT

SEQ ID NO. 8622

STRAIN JM9130013 frame: 1

EGFTYYGKIPENPKKVINFYTSYTGYYLLKLG VNVSSYSLDLEKDS PVFGKQLKEAKKLT  
 DDTEAIAAQKPD LIMVFDQDPNINTLKKIAPT LVIKYGAQNYLDMMPALGKVFGEKEAN  
 QWVSQWKTKTLAAKKDLHHILKPNTTFTIMDFYDKNIYLYGNNFGRGGELIYDSLGYAAP  
 EKVKKDVFKKGWFTVSQEAIGDYVGDYALVNINKTTTCCAASSLKESDVWKNLPAVKKGHI  
 IESNYDVFFYFSDPLSLEAQLKSFT

PRETTY of: /biotmp/msa522124.2{\*} April 28, 2003 08:17 ..

	1				50
msa522124.2{691_090}	-----	-----	-----	-----	EG FTYYGKIPEN
msa522124.2{691_1169NT}	-----	-----	-----	-----	EG FTYYGKIPEN
msa522124.2{691_CJB110}	-----	-----	-----	-----	EG FTYYGKIPEN
msa522124.2{691_COH1}	-----	-----	-----	-----	EG FTYYGKIPEN
msa522124.2{691_M732}	-----	-----	-----	-----	EG FTYYGKIPEN
msa522124.2{691_M781}	-----	-----	-----	-----	EG FTYYGKIPEN
msa522124.2{691_18RS21}	-----	-----	-----	-----	EG FTYYGKIPEN
msa522124.2{691_2603}	mkkigivlt	lltfflvscg	qgtkgestkt	tiskmpkieg	FTYYGKIPEN
msa522124.2{691_A909}	-----	-----	-----	-----	EG FTYYGKIPEN
msa522124.2{691_JM9130013}	-----	-----	-----	-----	EG FTYYGKIPEN
msa522124.2{691_H36B}	-----	-----	-----	-----	EG FTYYGKIPEN
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****

	51				100
msa522124.2{691_090}	PKKVINFYTS	YTGYYLLKLG	VNVSSYSLDLE	KDSPVFGKQL	KeAKKLTADD
msa522124.2{691_1169NT}	PKKVINFYTS	YTGYYLLKLG	VNVSSYSLDLE	KDSPVFGKQL	KeAKKLTADD
msa522124.2{691_CJB110}	PKKVINFYTS	YTGYYLLKLG	VNVSSYSLDLE	KDSPVFGKQL	KeAKKLTADD
msa522124.2{691_COH1}	PKKVINFYTS	YTGYYLLKLG	VNVSSYSLDLE	KDSPVFGKQL	KeAKKLTADD
msa522124.2{691_M732}	PKKVINFYTS	YTGYYLLKLG	VNVSSYSLDLE	KDSPVFGKQL	KeAKKLTADD
msa522124.2{691_M781}	PKKVINFYTS	YTGYYLLKLG	VNVSSYSLDLE	KDSPVFGKQL	KeAKKLTADD
msa522124.2{691_18RS21}	PKKVINFYTS	YTGYYLLKLG	VNVSSYSLDLE	KDSPVFGKQL	KeAKKLTADD
msa522124.2{691_2603}	PKKVINFYTS	YTGYYLLKLG	VNVSSYSLDLE	KDSPVFGKQL	KeAKKLTADD
msa522124.2{691_A909}	PKKVINFYTS	YTGYYLLKLG	VNVSSYSLDLE	KDSPVFGKQL	KgAKKLTADD
msa522124.2{691_JM9130013}	PKKVINFYTS	YTGYYLLKLG	VNVSSYSLDLE	KDSPVFGKQL	KgAKKLTADD
msa522124.2{691_H36B}	PKKVINFYTS	YTGYYLLKLG	VNVSSYSLDLE	KDSPVFGKQL	KgAKKLTADD
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****

	101				150
msa522124.2{691_090}	TEAIAAQKPD	LIMVFDQDPN	INTLKKIAPT	LVIKYGAQNY	LDMPALGKV
msa522124.2{691_1169NT}	TEAIAAQKPD	LIMVFDQDPN	INTLKKIAPT	LVIKYGAQNY	LDMPALGKV
msa522124.2{691_CJB110}	TEAIAAQKPD	LIMVFDQDPN	INTLKKIAPT	LVIKYGAQNY	LDMPALGKV
msa522124.2{691_COH1}	TEAIAAQKPD	LIMVFDQDPN	INTLKKIAPT	LVIKYGAQNY	LDMPALGKV
msa522124.2{691_M732}	TEAIAAQKPD	LIMVFDQDPN	INTLKKIAPT	LVIKYGAQNY	LDMPALGKV
msa522124.2{691_M781}	TEAIAAQKPD	LIMVFDQDPN	INTLKKIAPT	LVIKYGAQNY	LDMPALGKV
msa522124.2{691_18RS21}	TEAIAAQKPD	LIMVFDQDPN	INTLKKIAPT	LVIKYGAQNY	LDMPALGKV
msa522124.2{691_2603}	TEAIAAQKPD	LIMVFDQDPN	INTLKKIAPT	LVIKYGAQNY	LDMPALGKV
msa522124.2{691_A909}	TEAIAAQKPD	LIMVFDQDPN	INTLKKIAPT	LVIKYGAQNY	LDMPALGKV
msa522124.2{691_JM9130013}	TEAIAAQKPD	LIMVFDQDPN	INTLKKIAPT	LVIKYGAQNY	LDMPALGKV

Table 86: Comparative Sequences relating to SAG1393

msa522124.2{691_H36B}	TEAIAAQKPD	LIMVFDQDPN	INTLKKIAPT	LVIKYGAQNY	LDMMPALGKV
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
151					
msa522124.2{691_090}	FGKEKEANQW	VSQWTKTTLA	AKKDLHHILK	PNTTFTImDF	YDKNIYLYGN
msa522124.2{691_1169NT}	FGKEKEANQW	VSQWTKTTLA	AKKDLHHILK	PNTTFTImDF	YDKNIYLYGN
msa522124.2{691_CJB110}	FGKEKEANQW	VSQWTKTTLA	AKKDLHHILK	PNTTFTImDF	YDKNIYLYGN
msa522124.2{691_COH1}	FGKEKEANQW	VSQWTKTTLA	AKKDLHHILK	PNTTFTImDF	YDKNIYLYGN
msa522124.2{691_M732}	FGKEKEANQW	VSQWTKTTLA	AKKDLHHILK	PNTTFTImDF	YDKNIYLYGN
msa522124.2{691_M781}	FGKEKEANQW	VSQWTKTTLA	AKKDLHHILK	PNTTFTImDF	YDKNIYLYGN
msa522124.2{691_18RS21}	FGKEKEANQW	VSQWTKTTLA	VKKDLHHILK	PNTTFTImDF	YDKNIYLYGN
msa522124.2{691_2603}	FGKEKEANQW	VSQWTKTTLA	VKKDLHHILK	PNTTFTImDF	YDKNIYLYGN
msa522124.2{691_A909}	FGKEKEANQW	VSQWTKTTLA	AKKDLHHILK	PNTTFTImDF	YDKNIYLYGN
msa522124.2{691_JM9130013}	FGKEKEANQW	VSQWTKTTLA	AKKDLHHILK	PNTTFTImDF	YDKNIYLYGN
msa522124.2{691_H36B}	FGKEKEANQW	VSQWTKTTLA	AKKDLHHILr	PNTTFTIIdF	YDKNIYLYGN
Consensus	*****	*****	-*****-	*****-*	*****
201					
msa522124.2{691_090}	NFGRGGELIY	DSLGYAAPEK	VKKDVFKKGW	FTVSQEAIGD	YVG DYALVNI
msa522124.2{691_1169NT}	NFGRGGELIY	DSLGYAAPEK	VKKDVFKKGW	FTVSQEAIGD	YVG DYALVNI
msa522124.2{691_CJB110}	NFGRGGELIY	DSLGYAAPEK	VKKDVFKKGW	FTVSQEAIGD	YVG DYALVNI
msa522124.2{691_COH1}	NFGRGGELIY	DSLGYAAPEK	VKKDVFKKGW	FTVSQEAIGD	YVG DYALVNI
msa522124.2{691_M732}	NFGRGGELIY	DSLGYAAPEK	VKKDVFKKGW	FTVSQEAIGD	YVG DYALVNI
msa522124.2{691_M781}	NFGRGGELIY	DSLGYAAPEK	VKKDVFKKGW	FTVSQEAIGD	YVG DYALVNI
msa522124.2{691_18RS21}	NFGRGGELIY	DSLGYAAPEK	VKKDVFKKGW	FTVSQEAIGD	YVG DYALVNI
msa522124.2{691_2603}	NFGRGGELIY	DSLGYAAPEK	VKKDVFKKGW	FTVSQEAIGD	YVG DYALVNI
msa522124.2{691_A909}	NFGRGGELIY	DSLGYAAPEK	VKKDVFKKGW	FTVSQEAIGD	YVG DYALVNI
msa522124.2{691_JM9130013}	NFGRGGELIY	DSLGYAAPEK	VKKDVFKKGW	FTVSQEAIGD	YVG DYALVNI
msa522124.2{691_H36B}	NFGRGGELIY	DSLGYAAPEK	VKKDVFKKGW	FTVSQEAIGD	YVG DYALVNI
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
251					
msa522124.2{691_090}	NKTTTKAASS	LKESDVWKNL	PAVKKGHIIE	SNYDVFFYFSD	PLSLEAQLKS
msa522124.2{691_1169NT}	NKTTTKAASS	LKESDVWKNL	PAVKKGHIIE	SNYDVFFYFSD	PLSLEAQLKS
msa522124.2{691_CJB110}	NKTTTKAASS	LKESDVWKNL	PAVKKGHIIE	SNYDVFFYFSD	PLSLEAQLKS
msa522124.2{691_COH1}	NKTTTKAASS	LKESDVWKNL	PAVKKGHIIE	SNYDVFFYFSD	PLSLEAQLKS
msa522124.2{691_M732}	NKTTTKAASS	LKESDVWKNL	PAVKKGHIIE	SNYDVFFYFSD	PLSLEAQLKS
msa522124.2{691_M781}	NKTTTKAASS	LKESDVWKNL	PAVKKGHIIE	SNYDVFFYFSD	PLSLEAQLKS
msa522124.2{691_18RS21}	NKTTTKAASS	LKESDVWKNL	PAVKKGHIIE	SNYDVFFYFSD	PLSLEAQLKS
msa522124.2{691_2603}	NKTTTKAASS	LKESDVWKNL	PAVKKGHIIE	SNYDVFFYFSD	PLSLEAQLKS
msa522124.2{691_A909}	NKTTTKAASS	LKESDVWKNL	PAVKKGHIIE	SNYDVFFYFSD	PLSLEAQLKS
msa522124.2{691_JM9130013}	NKTTTKAASS	LKESDVWKNL	PAVKKGHIIE	SNYDVFFYFSD	PLSLEAQLKS
msa522124.2{691_H36B}	NKTTTKAASS	LKESDVWKNL	PAVKKGHIIE	SNYDVFFYFSD	PLSLEAQLKS
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
301 310					
msa522124.2{691_090}	FT-----				
msa522124.2{691_1169NT}	FT-----				
msa522124.2{691_CJB110}	FT-----				
msa522124.2{691_COH1}	FT-----				
msa522124.2{691_M732}	FT-----				
msa522124.2{691_M781}	FT-----				
msa522124.2{691_18RS21}	FT-----				
msa522124.2{691_2603}	FTkaikentn				
msa522124.2{691_A909}	FT-----				
msa522124.2{691_JM9130013}	FT-----				
msa522124.2{691_H36B}	FT-----				
Consensus	*****				

Table 87: Comparative Sequences relating to SAG0645

SEQ ID NO. 8701

STRAIN 2603

ATGAAATTATCGAAGAAGTTATGTGTTTTCGGCTGCTGTT  
 TTAACAATGGTGGCGGGGCAACTGTTGAACAGTAGCTCAGTTTGGCGACTGGAATGAGT  
 ATTGTAAGAGCTGCAGAAAGTGTCAAGAAGCGCCAGCGAAAAACAACAGTAAATATCTAT  
 AAATTACAAGCTGATAGTTATAAATCGGAAATTACTTCTAATGGTGGTATCGAGAATAAA  
 GACGGCGAAGTAATATCTAACTATGCTAAACTTGGTGACAATGTAAAGGTTTGCAGGT  
 GTACAGTTTAAACGTTTAAAGTCAAGACGGATATTCTGTTGATGAATTGAAAAAATTG  
 ACAACAGTTGAGAGCAGCAGATGCAAAAGTTGGAACGATTCTTGAAGAAGGTGTCAGTCTA  
 CCTCAAAAACTAATGCTCAAGGTTTGGTCTGCGATGCTCTGGATTCAAAAAGTAATGTG  
 AGATACTTGTATGTAGAAGATTAAAGAATTCACCTTCAAAACATTACCAAGCTTATGCT  
 GTACGTTTGTGTTGGAATTACCAAGTTGCTAACTCTACAGGTACAGGTTTCTTTCTGAA  
 ATTAATATTACCTTAAACCGTTGTAACGTGATGAACCAAAAACAGATAAAGATGTTAA  
 AAATTAGGTTCAGGACGATGTCAGGTTATACGATTGGTGAAGAATTCAAATGGTTCTTGAAA  
 TCTACAATCCCTGCCAATTAGGTGACTATGAAAAATTGAAATTAATGATAAATTGCA  
 GATGGCTTGACTTATAAATCTGTTGGAATAAATCAAGATTGGTTGCAAAACACTGAATAGA  
 GATGAGCTACACTATTGATGAACCAACAGTTGATAACCAAAATACATTAATAAATTACG  
 TTTAAACCAAGAAATTTAAAGAAATTGCTGAGCTACTTAAAGGAATGACCCCTGTTAA  
 AATCAAGATGCTCTGATAAAGCTACTGCAAAATACAGATGATGCGGCATTTTGGAAATT  
 CCAGTTGCATCACTATTAAAGAAAGCAGTTTAAAGAAAGCAATTGAAATACITTTT  
 GAACCTTCAATATGACCATACTCTGATAAAGCTGACAATCCAAACCATCTAATCCTCCA  
 AGAAACCAAGAAATTCATCTGTTGGGAAACGATTGTAAGAAAGAACTCAACAGAAACA  
 CAAACACTAGGTGGTGGTCTGAGTTTGAATTGTTGGCTTCTGATGGGACAGCAGTAAATGG  
 ACAGATGCTCTTATAAAGCGAATACTAATAAAACATATATTGCTGGAGAAGCTGTTACT  
 GGGCAACCAATCAAATTGAAATCACATACAGACGGTACGTTTGAAGATTAAAGGTTTGGCT  
 TATGCAAGTTGATGCGAATGTCAGAGGGTACAGCAGTAACCTTACAAATTAAAGAAACAAAA  
 GCACCAAGAGGTTATGTAATCCCTGATAAAGAAATCGAGTTTACAGTATCACAAACATCT  
 TATAATACAAACCAACTGACATCAACGTTGATAGTCTGATGCAACACCTGATACAAAT  
 AAAAAACAACAAAGCTCTTCAATCCCTAATACTGGTGGTATTGGTACGGCTATCTTTGTC  
 GCTATCGGTGCTGCGGTGATGGCTTTTGTCTGTTAAGGGGATGAAGCGTCTACAAAGAT  
 AAC

SEQ ID NO. 8702

STRAIN 090

GCAGAAGTGTCAAGAAGCGCCAGCGAAAAAC  
 AGCAGTAAATATCTATAAATTACAAGCTGATAGTTATAAATCGGAATTA  
 CTTCTAATGGTGGTATCGAGAATAAAGACGGCGAAGTAATATCTAACTAT  
 GCTAAACTTGGTGACAAATGTAAAGGTTTGAAGGTTGACAGTTTAAACG  
 TTATAAGTCAAGACGGATATTTCTGTTGATGAATTGAAAAAATTGACAA  
 CAGTTGAAGCAGCAGATGCAAAAGTTGGAACGATTCTTGAAGAAGGTGTC  
 AGTCTACCTCAAAAACTAATGCTCAAGGTTTGGTCTGCGATGCTCTGGA  
 TTCAAAAAGTAATGTGAGATACTTGTATGTAGAAGATTAAAGAAATTCAC  
 CTTCAAACTATACCAAGCTTATGCTGTACCGTTTGTGTTGGAATTACCA  
 GTTGCTTAACCTACAGGTACAGGTTTCTCTTCTGAAATTAAATATTACCC  
 TAAAAACGTTGTAATGATGAACCAAAAAACAGATAAAGATGTTAAAAAAT  
 TAGGTGAGGACGATGAGGTTATACGATTGGTGAAGAATTCAAATGGTTC  
 TTGAAATCTACAATCCCTGCCAATTAGGTGACTATGAAAAAATTGAAAT  
 TACTGATAAATTGTCAGATGGCTTGAATATAAATCTGTTGGAATAATCA  
 AGATTGGTTGCAAAACACTGAATAGAGATGAGCACTACACTATTGATGAA  
 CCAACAGTTGATAACCAAAATACATTAAAAATTACGTTTAAACAGAGAA  
 ATTTAAAGAAATGCTGAGCTACTTAAAGGAATGACCCCTGTTAAAGAAAT  
 AAGATGCTCTTGATAAAGCTACTGCAAAATACAGATGATGCGGCATTTTGG  
 GAAATTCCAGTTGCATCACTATTAAATGAAAAAGCAGTTTAAAGAAAGC  
 AATTGAAAAATACITTTGAACTTCAATATGAACCTACTCTGATAAAGCTG  
 ACAATCCAAACCATCTAATCCTCCAAGAAACCAGAAAGTTCTACTGGT  
 GGGAAACGATTGTAAGAAAGAACTCAACAGAAACACAAACACTAGGTGG  
 TGCTGAGTTTGAATTGTTGGCTTCTGATGGGACAGCAGTAAATGGACAG  
 ATGCTCTTATAAAGCGAATACTAATAAAAACTATATTGCTGGAGAAGCT  
 GTTACTGGGCAACCAATCAAATTGAAATCACATACAGACGGTACGTTTGA  
 GATTAAAGGTTTGGCTTATGCAAGTTGATGCGAATGCAAGGGTACAGCAG  
 TAACTTACAAATTAAAGAAACAAAGCACCAGAAAGTTATGTAATCCCT  
 GATAAAGAAATCGAGTTTACAGTATCAAAACATCTTATAATACAAACCC  
 AACTGACATCAGGTTGATAGTCTGATGCAACACCTGATACAATTAAAA  
 ACAACAAACGCTCTTCA

SEQ ID NO. 8703

STRAIN A909

GCAGAAGTGTCAAGAAGCGCCAGCGAA  
 AACCAACAGTAAATATCTATAAATTACAAGCTGATAGTTATAAATCGGAA  
 TTACTTCTAATGGTGGTATCGAGAATAAAGACGGCGAAGTAATATCTAAC  
 TATGCTAAACTTGGTGACAATGTAAAGGTTTGAAGGTTGACAGTTTAA  
 ACGTTATAAAGTCAAGACGGATATTCTGTTGATGAATTGAAAAAATTGA  
 CAACAGTTGAAGCAGCAGATGCAAAAGTTGGAACGATTCTTGAAGAAGGT  
 GTCAGTCTACCTCAAAAACTAATGCTCAAGGTTTGGTCTGCGATGCTCT  
 GGATTCAAAAAGTAATGTGAGATACTTGTATGTAGAAGATTAAAGAATT  
 CACCTTCAAAACATTACCAAGCTTATGCTGTACCGTTTGTGTTGGAATTA  
 CCAGTTGCTAACTCTACAGGTACAGGTTCTCTTCTGAAATTAAATATTTA  
 CCTTAAACCGTTGTAATGATGAACCAAAAAACAGATAAAGATGTTAAAA  
 AATTAGGTGAGGACGATGTCAGGTTATACGATTGGTGAAGAATTCAAATGG  
 TTCTTGAATCTACAATCCCTGCCAATTAGGTGACTATGAAAAATTGGA  
 AATTACTGATAAATTGTCAGATGGCTTGAATATAAATCTGTTGGAATAA  
 TCAAGATTGGTTGGAACCACTGAATAGAGATGAGCACTACACTATTGAT  
 GAACCAACAGTTGATAACCAAAATACATTAAAAATTACGTTTAAACCAAG

Table 87: Comparative Sequences relating to SAG0645

GAAATTTAAAGAAATTGCTGAGCTACTTAAAGGAATGACCCCTTGTTAAAA  
 ATCAAGATGCTCTTGATAAAGCTACTGCAAAATACAGATGATGCGGCATT  
 TTGGAAATTCAGTTGTCATCACTATTAAATGAAAAAGCAGTTTATAGAAA  
 AGCAATTGAAAACTCTTTGAACTTCAATATGACCATACTCTGATAAAG  
 CTGACAATCCAAAACCATCTAATCTCCAAAGAAAACAGAAAGTTCACT  
 GGTGGGAAACGATTTGTAAAGAAAGACTCAACAGAAAACAAACACTAGG  
 TGGTCTGAGTTTGATTGTGTGGCTTCTGATGGGACAGCAGTAAATGGA  
 CAGATGCTCTTATTAAAGCGAATACTAATAAAAACTATATTGCTGGAGAA  
 GCTGTTACTGGGCAACCAATCAAATGAAATCAGATACAGACGGTACGTT  
 TGAGATTAAGGTTTGGCTTATGCAAGTTGATGCGAATGCAGAGGGTACAG  
 CAGTAACCTACAAATTAAGAAACAAAGCACCAGAGGTTATGTAATC  
 CCTGATAAAGAAATCGAGTTTACAGTATCACAACATCTTATAATACAAA  
 ACCAATCGACATCAGGTTGATAGTCTGATGCAACACCTGATACAATTA  
 AAAACACAA

SEQ ID NO. 8704

STRAIN 18RS21

GCAGAAGTGTCAAGAACGCCAGCGAAAAAC  
 AGCAGTAAATATCTATAAATACAGCTGATAGTTATAAATCGGAAATTA  
 CTTCTAATGGTGGTATCGAGAATAAAGACGGCGAAGTAATATCTAACTAT  
 GCTAAACTTGGTGACAATGTAAAAGGTTTGCAAGGTGTACAGTTTAAACG  
 TTATAAAGTCAAGACGGATATTTCTGTTGATGAATGAAAAAATTGACAA  
 CAGTTGAAGCAGCAGATGCAAAAGTTGGAACGATTCTTGAAGAAGGTGTC  
 AGTCTACCTCAAAAACTAATGCTCAAGGTTTGGTCTGATGCTCTGGA  
 TTTCAAAAGTAATGTGAGATCTTGTATGTAGAAGATTAAAGAATTAC  
 CTTCAAACTTACCAAGCTTATGCTGTACCGTTTGTGTTGGAAATTACCA  
 GTTGTCTAAGTCTACAGGTACAGGTTTCTTCTGAAATTAATTTACCC  
 TAAAAACGTTGTAAGTGTGAACCAAAAAACAGATAAAGATGTTAAATAAT  
 TAGGTGAGGACGATGCGAGTTTATACGATTGGTGAAGAATTCAAATGGTTC  
 TTGAAATCTACAATCCCTGCCAATTTAGGTGACTATGAAAAATTTGAAAT  
 TACTGATAAATTTGCAGATGGCTTGACTTATAAATCTGTTGAAAAATCA  
 AGATTGGTTGAAAAACACTGAATAGAGATGAGCACTACACTATTGATGAA  
 CCAACAGTTGATAACCAAAATACATTAAAAATTTACGTTTAAACCAAGAGAA  
 ATTTAAAGAAATTTGCTGAGCTACTTAAAGGAATGACCCCTTGTTAAAAATC  
 AAGATGCTCTTGATAAAGCTACTGCAAAATACAGATGATGCGGCATTTTTG  
 GAAATTCAGTTGTCATCAACTATTAAATGAAAAAGCAGTTTATAGGAAAGC  
 AATTGAAAAATACTTTTGAACCTTCAATATGACCATACTCTGATAAAGCTG  
 ACAATCCAAAACCATCTAATCTCCAAAGAAAACAGAAAGTTTCACTAGT  
 GGGAAACGATTTGTAAAGAAAGACTCAACAGAAAACACAAACACTAGGTGG  
 TGCTGAGTTTGATTGTGTGGCTTCTGATGGGACAGCAGTAAATGGAACAG  
 ATGCTCTTATTAAAGCGAATACTAATAAAAACTATATTGCTGGAGAAGCT  
 GTTACTGGGCAACCAATCAAATGAAATCAGATACAGACGGTACGTTTGA  
 GATTAAAGGTTTGGCTTATGCAAGTTGATGCGAATGCAGAGGGTACAGCAG  
 TAACTTACAAATTAAGAAACAAAGCACCAGAGGTTATGTAATCCCT  
 GATAAAGAAATCGAGTTTACAGTATCACAACATCTTATAATACAAACC  
 AACTGACATCAGGTTGATAGTCTGATGCAACACCTGATACAATTAATA  
 ACAACAAACGCTTCA

SEQ ID NO. 8705

STRAIN M732

GCAGAAGTGTCAAGAACGCCAGCGAAAAACACAGT  
 AAATATCTATAAATTAAGCTGATAGTTATAAATCGGAAATTAATCTTA  
 ATGGTGGTATCGAGAATAAAGACGGCGAAGTAATATCTAACTATGCTAAA  
 CTTGGTGACAATGTAAAAGGTTTGCAAGGTGTACAGTTTAAACGTTATAA  
 AGTCAAGACGGATATTTCTGTTGATGAATGAAAAAATTGACACAGCTG  
 AAGCAGCAGATGCAAAAGTTGGAACGATTCTTGAAGAAGGTGTGAGTCTA  
 CCTCAAAAACTAATGCTCAAGGTTTGGTCTGATGCTCTGGATTCAAA  
 AAGTAATGTGAGATCTTGTATGTAGAAGATTAAAGAATTACCTTCAA  
 ACATTACCAAGCTTATGCTGTACCGTTTGTGTTGGAATTACAGTTGCT  
 AACTCTACAGGTACAGGTTTCTTCTGAAATTAATATTACCCTAAAAA  
 CGTTGTAAGTATGAAACCAAAACAGATAAAGATGTTAAAAAATTAGGTC  
 AGGACGATGACGTTTATACGATTGGTGAAGAATTCAAATGGTTCTTGA  
 TCTACAATCCCTGCCAATTTAGGTGACTATGAAAAATTTGAAATTAAGTGA  
 TAAATTTGAGATGGCTTGACTTATAAATCTGTTGGAAAAATCAAGATTG  
 GTTCGAAAACTGAAATAGAGATGAGCACTACACTATTGATGAACCAACA  
 GTTGATAACCAAAATACATTAAAAATACGTTTAAACAGAGAAATTTAA  
 AGAAATTTGCTGAGCTACTTAAAGGAATGACCCCTTGTTAAAAATCAAGATG  
 CTCTTGATAAAGCTACTGCAAAATACAGATGATGCGGCATTTTTGAAAT  
 CCAAGTTGATCAACTATTAAATGAAAAAGCAGTTTATAGGAAAGCAATTGA  
 AAATCTTTTGAACCTTCAATATGACCATCTCTGATAAAGCTGACAAATC  
 CAAAACCATCTAATCTCCAAAGAAAACAGAAAGTTTCACTGTTGGGAAA  
 CGATTGTAAAGAAAGACTCAACAGAAAACCAACACTAGGTGGTGTGTA  
 GTTTGATTGTTGGCTTCTGATGGGACAGCAGTAAATGGACAGATGCTC  
 TTATTAAGCGAATACTAATAAAAACTATATTGCTGGAGAAGCTGTTACT  
 GGGCAACCAATCAAATGAAATCAGATACAGACGGTACGTTTGAAGATTAA  
 AGGTTTGGCTTATGCAAGTTGATGCGAATGCAGAGGGTACAGCAGTAACCT  
 ACAATTAAGAAACAAAGCACCAGAGGTTATGTAATCCCTGATATAA  
 GAAATCGAGTTTACAGTATCACAACATCTTATAATACAAACCAACTGA  
 CATCAGGTTGATAGTCTGATGCAACACCTGATACAATTAATAACAA  
 AACGTCCTTCA

SEQ ID NO. 8706

STRAIN COH1

Table 87: Comparative Sequences relating to SAG0645

GCAGAAGTGTCAAGAACGCCAGCGAAAAAC  
 AGCAGTAAATATCTATAAATTACAAGCTGATAGTTATAAATCGGAAATTA  
 CTThTAATGGTGGTATCGAGAATAAAGACGGCGAAGTAATATCTAACTAT  
 GCTAAACTTGGTGACAATGTAAAAGGTTTGCAAGGTGTACAGTTTAAACG  
 TTATAAAGTCAAGACGGATATTCTGTGTGATGAATTGAAAAAATTGACAA  
 CAGTTGAAGCAGCAGATGCAAAAGTTGGAACGATTCTTGAAGAAGGTGTC  
 AGTCTACCTCAAAAACTAATGCTCAAGGTTTGGTCGTGATGCTCTGGA  
 TTCAAAAAGTAATGTGAGATACCTGTATGTAGAAGATTAAAGAATTAC  
 CTTCAAACTTACCAAGCTTATGTGTACCGTTTGTGTTGGAATTACCA  
 GTTGCTAACTCTACAGGTACAGGTTTCCCTTCTGAAATTAATATTTACCC  
 TAAAAACGTTGTAAGTGAACCAAAAAACAGATAAAGATGTTAAAAAAT  
 TAGGTGAGGACGATGACAGGTATACGATTGGTGAAGAATTCAAATGGTTC  
 TTGAATCTACAATCCCTGCCAATTTAGGTGACTATGAAAAAATTGAAAT  
 TACTGATAAATTTGAGATGGCTTGACTTATAAATCTGTTGGAAAAATCA  
 AGATTGGTTGAAAAACACTGAATAGAGATGAGCACTACACTATTGATGAA  
 CCAACAGTTGATAACCAAAATACATTAAAAATTACGTTTAAACCAAGAA  
 ATTAAAGAAATTGCTGAGCTACTTAAAGGAATGACCCCTTGTAAAAATC  
 AAGATGCTCTTGATAAAGCTACTGCAAAATACAGATGATGCGGCATTTTGG  
 GAAATTCAGTTGATCAACTATTAATGAAAAAGCAGTTTATAGGAAAAAGC  
 AATTGAAAAATACCTTTGAACTTCAATATGACCATACTCTGATAAAGCTG  
 ACAATCCAAACCACTCTAATCTCCAGAAAAACAGAAAGTTTACACTGGT  
 GCGAAACGATTTGTAAGAAAGACTCAACAGAAACACAAACACTAGGTGG  
 TGTGAGTTTGAATTGTTGGCTTCTGATGGGACAGCAGTAAATGGACAG  
 ATGCTCTTATAAAGCGAATACTAATAAAACTATATTGCTGAGAGAGCT  
 GTTACTGGGCAACCAATCAAATGAAATCACATACAGACGGTACGTTTGA  
 GATTAAAGTTTGGCTTATGCAAGTTGATGCGAATGCAGAGGGTACAGCAG  
 TAACTTACAAATTAAGAAACAAAGCACCAGAGGTTATGTAATCCCT  
 GATAAAGAAATCGAGTTTACAGTATCACAAACATCTTATAATACAAACCC  
 AACTGACATCACGGTTGATAGTGTGATGCAACACCTGATACAATTAAAA  
 ACAACAAACGTCCTTCA

SEQ ID NO. 8707

STRAIN M781

GCAGAAGTGTCAAGAACGCCAGCGAAAAACAG  
 CAGTAAATATCTATAAATTACAAGCTGATAGTTATAAATCGGAAATTA  
 CTAAATGGTGGTATCGAGAATAAAGACGGCGAAGTAATATCTAACTATGC  
 TAAACTTGGTGACAATGTAAAAGGTTTGCAAGGTGTACAGTTTAAACGTT  
 ATAAAGTCAAGACGGATATTCTGTGTGATGAATTGAAAAAATTGACAACA  
 GTTGAAGCAGCAGATGCAAAAGTTGGAACGATTCTTGAAGAAGGTGTCAG  
 TCTACCTCAAAAACTAATGCTCAAGGTTTGGTCGTGATGCTCTGGATT  
 CAAAAAGTAAATGTGAGATACCTGTATGTAGAAGATTAAAGAATTACCT  
 TCAAACTTACCAAGCTTATGCTGTACCGTTTGTGTTGAATTAACAGT  
 TGCTAACTCTACAGGTACAGGTTTCCCTTCTGAAATTAAATTTACCCCTA  
 AAAACGTTGTAACTGATGAACCAAAACAGATAAAGATGTTAAAAAATTGA  
 GGTGAGACGATGACAGGTTATACGATTGGTGAAGAATTCAAATGGTCTT  
 GAAATCTCAATCCCTGCCAATTTAGGTGACTATGAAAAATTGAAATTA  
 CTGATAAATTTGAGATGGCTTGACTTATAAATCTGTTGAAAAATCAAG  
 ATTGGTTGAAAAACACTGAATAGAGATGAGCACTACACTATTGATGAACC  
 AACAGTTGATAACCAAAATACATTAAAAATTACGTTTAAACCAAGAAAT  
 TTAAGAAAAATTGCTGAGCTACTTAAAGGAATGACCCTTGTAAAAAATCAA  
 GATGCTCTTGATAAAGCTACTGCAAAATACAGATGATGCGGCATTTTGGGA  
 AATTCCAGTTGCATCAACTATTAAATGAAAAAGCAGTTTATAGGAAAAAGCAA  
 TTGAAAAATACTTTTGAACCTCAATATGACCATACTCCTGATAAAGCTGAC  
 AATCCAAAAACCATCTAATCCCTCAAGAAAAACAGAAAGTTTACACTGGTGG  
 GAAACGATTTGTAAGAAAGACTCAACAGAAACACAAACACTAGGTGGTG  
 CTGAGTTTGAATTGTTGGCTTCTGATGGGACAGCAGTAAATGGACAGAT  
 GCTCTTATTAAAGCGAATACTAATAAAAACTATATTGCTGGAGAAGCTGT  
 TACTGGGCAACCAATCAAATTGAAATCACATACAGACGGTACGTTTGAAGA  
 TTAAGAGTTTGGCTTATGCAAGTTGATGCGAATGCAGAGGGTACAGCAGTA  
 ACTTACAAATTAAGAAACAAAGCACCAGAGGTTATGTAATCCCTGA  
 TAAAGAAATCGAGTTTACAGTATCACAAACATCTTATAATACAAACCAAC  
 CTGACATCACGGTTGATAGTGTGATGCAACACCTGATACAATTAAAAAC  
 AACAAACGT

SEQ ID NO. 8708

STRAIN CJB110

GCAGAAGTGTCAAGAACGCCAGCGAA  
 AACAGCAGTAAATATCTATAAATTACAAGCTGATAGTTATAAATGGGAAA  
 TTACTTCTAATGGTGGTATCGAGAATAAAGACGGCGAAGTAATATCTAAC  
 TATGCTAAACTTGGTGACAATGTAAAAGGTTTGCAAGGTGTACAGTTTAA  
 ACGTTATAAAGTCAAGACGGATATTCTGTGTGATGAATTGAAAAAATTGA  
 CAACAGTTGAAGCAGCAGATGCAAAAGTTGGAACGATTCTTGAAGAAGGT  
 GTCAGTCTACCTCAAAAACTAATGCTCAAGGTTTGGTCGTGATGCTCT  
 GGTTCAAAAAGTAAATGTGAGATACCTGTATGTAGAAGATTAAAGAAAT  
 CACCTTCAAAACATTACCAAGCTTATGCTGTACCGTTTGTGTTGAATTA  
 CCAGTTGCTAACTCTACAGGTACAGGTTTCCCTTCTGAAATTAATATTTA  
 CCCTAAAAACGTTGTAAGTGAACCAAAAAACAGATAAAGATGTTAAAA  
 AATTAGGTGAGACGATGACAGTTTATAOGATTGGTGAAGAATTCAAATGG  
 TTCTTGAATCTACAATCCCTGCCAATTTAGGTGACTATGAAAAAATTGA  
 AATTACTGATAAATTTGAGATGGCTTGACTTATAAATCTGTTGAAAAA  
 TCAAGATTGGTTGAAAAACACTGAATAGAGATGAGCACTACACTATTGAT  
 GAACCAACAGTTGATAACCAAAATACATTAAAAATTACGTTTAAACCAAGA  
 GAAATTTAAAGAAATTTGCTGAGCTACTTAAAGGAATGACCCCTTGTAAAA



Table 87: Comparative Sequences relating to SAG0645

ATCAAGATGCTCTTGATAAAGCTACTGCAATACAGATGATGCGGCATT  
 TTGGAAATTCAGTTGCATCAACTATTAATGAAAAAGCAGTTTATGAAAA  
 AGCAATTGAAAAATCTTTGAACTTCAATATGACCACTACTCTGATAAAG  
 CTGACAATCAAAACCATCTAATCTCCAGAAAACAGAAAGTTTCACTACT  
 GGTGGGAAACGATTTGTAAAGAAAGACTCAACAGAAACACAAACACTAGG  
 TGGTGCTGAGTTTGATTTGTGGCTTCTGATGGGACAGCAGTAAATGGA  
 CAGATGCTCTTATTAAGCGAATACTAATAAAAACTATATTGCTGGAGAA  
 GCTGTACTGGGCAACCAATCAAATTGAATTCACATACAGACGGTACGTT  
 TGAGATTAAAGGTTTGGCTTATGCAGTTGATGCGAATGCAGAGGGTACAG  
 CAGTAACCTACAAATTAAAGAAACAAAGCACCAGAGGTTATGTAATC  
 CCTGATAAAGAAATCGAGTTTACAGTATCAAAACATCTTATAATCCAAA  
 ACCAAGTACATCAAGGTTGATAGTGTGATGCAACACCTGATACAAATTA  
 AAAACACAAACGTCCTTCA

SEQ ID NO. 8709

STRAIN JM9130013

GCAGAAAGTGTCAAGAAGCGCCAGCGAAAAACAGCAGTA

AATATCTATAAATTACAAGCTGATAGTTATAAATCGGAAATTAATTCTAA  
 TGGTGGTATCGAGAATAAGAGCGGCGAAGTAAATCTAACTATGCTAAAC  
 TTGGTGACAATGTAAAGGTTTGCAGGTTGACAGTTTAAACGTTATAAA  
 GTCAAGACGGATATTTCTGTTGATGAATGAAAAAATTGACAAACAGTTGA  
 AGCAGCAGATGCAAAAGTTGGAACGATTCTTGAAGAGGTTGTCAGTCTAC  
 CTCAAAAAATAATGCTCAAGGTTTGGTGGTGGTGGTCTGCTGGATTCAAAA  
 AGTAATGTGAGATCTTGTATGTAGAAGATTTAAAGAATTCACCTTCAAA  
 CATTACCAAAGCTTATGCTGTACCGTTTGTGTTGGAATTAACAGTTGCTA  
 ACTCTACAGGTACAGGTTTCTTTCTGAAATTAATATTACCTTAAAAAC  
 GTTGTAACTGATGAACCAAAACAGATAAAGATGTTAAAAAATTAGGTCA  
 GGACGATGAGGTTATACGATGGTGAAGAATTCAAATGGTTCTTGAAT  
 CTACAATCCCTGCCAATTTAGGTGACTATGAAAAATTTGAAATTAAGTAT  
 AAATTTGCAGATGGCTTGAATTTATAAATCTGTTGGAATAATCAAGATTGG  
 TTGAAAAACACTGAATAGAGATGAGCACTACACTATTGATGAACCAACAG  
 TTGATAACCAAAATACATTAATAAATTCAGTTTAAACAGAGAAATTTAAA  
 GAAATGTGAGCTACTTAAAGGAATGACCCCTGTTAAAAATCAAGATGC  
 TCTTGATAAAGCTACTGCAATACAGATGATGCGGCATTTTGGAAATTC  
 CAGTTGCATCAACTATTAAATGAAAAAGCAGTTTATGGAAGCAATTTGAA  
 AATACTTTTGAACCTCAATATGACCATACTCTGATAAAGCTGACAAATCC  
 AAAACCATCTAATCTCTCAAGAAAACAGAAAGTTCACTACTGGTGGGAAAC  
 GATTTGTAAAGAAAGACTCAACAGAAACACAAACACTAGGTGGTGTGAG  
 TTGATTTGTTGGCTTCTGATGGGACAGCAGTAAATGGACAGATGCTCT  
 TATTAAGCGAATACTAATAAAAACTATATGCTGGAGAAGCTGTTACTG  
 GGCAACCAATCAAAATTGAAATCACATACAGACGGTACGTTTGAATTA  
 GGTGTTGGCTTATGCAAGTTGATGCGAATGCAGAGGTACAGCAGTAACCTA  
 CAAATTAAGAAACAAAGCACCAGAGGTTATGTAATCCCTGATAAAG  
 AAATCGAGTTTACAGTATCAAAACATCTTATAATCAAAACCAACTGAC  
 ATCAGGTTGATAGTGTGATGCAACACCTGATACAATTAATAACCAACA  
 ACGTCCTTCA

PRETTY of: /biotmp/msa123961.2{\*} April 30, 2003 07:17 ..

	1				50
msa123961.2(80_2603}	atgaaattat	cgaagaagtt	attgttttctg	gctgctgttt	taacaatggt
msa123961.2(80_A909}	-----	-----	-----	-----	-----
msa123961.2(80_M732}	-----	-----	-----	-----	-----
msa123961.2(80_090}	-----	-----	-----	-----	-----
msa123961.2(80_COH1}	-----	-----	-----	-----	-----
msa123961.2(80_M781}	-----	-----	-----	-----	-----
msa123961.2(801_JM9130013}	-----	-----	-----	-----	-----
msa123961.2(80_18RS21}	-----	-----	-----	-----	-----
msa123961.2(80h_CJB110}	-----	-----	-----	-----	-----
Consensus	-----	-----	-----	-----	-----
	51				100
msa123961.2(80_2603}	ggcgggggtca	actgttgaac	cagtagctca	gtttgcgact	ggaatgagta
msa123961.2(80_A909}	-----	-----	-----	-----	-----
msa123961.2(80_M732}	-----	-----	-----	-----	-----
msa123961.2(80_090}	-----	-----	-----	-----	-----
msa123961.2(80_COH1}	-----	-----	-----	-----	-----
msa123961.2(80_M781}	-----	-----	-----	-----	-----
msa123961.2(801_JM9130013}	-----	-----	-----	-----	-----
msa123961.2(80_18RS21}	-----	-----	-----	-----	-----
msa123961.2(80h_CJB110}	-----	-----	-----	-----	-----
Consensus	-----	-----	-----	-----	-----
	101				150
msa123961.2(80_2603}	ttgtaagagc	tGCAGAAGTG	TCACAAGAAC	GCCCAGCGAA	AACAaCAGTA
msa123961.2(80_A909}	-----	-GCAGAAGTG	TCACAAGAAC	GCCCAGCGAA	AACAaCAGTA
msa123961.2(80_M732}	-----	-GCAGAAGTG	TCACAAGAAC	GCCCAGCGAA	AACAaCAGTA
msa123961.2(80_090}	-----	-GCAGAAGTG	TCACAAGAAC	GCCCAGCGAA	AACAaCAGTA
msa123961.2(80_COH1}	-----	-GCAGAAGTG	TCACAAGAAC	GCCCAGCGAA	AACAaCAGTA
msa123961.2(80_M781}	-----	-GCAGAAGTG	TCACAAGAAC	GCCCAGCGAA	AACAaCAGTA
msa123961.2(801_JM9130013}	-----	-GCAGAAGTG	TCACAAGAAC	GCCCAGCGAA	AACAaCAGTA
msa123961.2(80_18RS21}	-----	-GCAGAAGTG	TCACAAGAAC	GCCCAGCGAA	AACAaCAGTA

Table 87: Comparative Sequences relating to SAG0645

msa123961.2{80h_CJB110}	-----	-GCAGAAAGTG	TCACAAGAAC	GCCCAGCGAA	AACAgCAGTA
Consensus	-----	*****	*****	*****	*****
msa123961.2{80_2603}	151	AATATCTATA	AATTACAAGC	TGATAGTTAT	AAATcGGAAA
msa123961.2{80_A909}		AATATCTATA	AATTACAAGC	TGATAGTTAT	AAATcGGAAA
msa123961.2{80_M732}		AATATCTATA	AATTACAAGC	TGATAGTTAT	AAATcGGAAA
msa123961.2{80_090}		AATATCTATA	AATTACAAGC	TGATAGTTAT	AAATcGGAAA
msa123961.2{80_COH1}		AATATCTATA	AATTACAAGC	TGATAGTTAT	AAATcGGAAA
msa123961.2{80_M781}		AATATCTATA	AATTACAAGC	TGATAGTTAT	AAATcGGAAA
msa123961.2{801_JM9130013}		AATATCTATA	AATTACAAGC	TGATAGTTAT	AAATcGGAAA
msa123961.2{80_18RS21}		AATATCTATA	AATTACAAGC	TGATAGTTAT	AAATcGGAAA
msa123961.2{80h_CJB110}		AATATCTATA	AATTACAAGC	TGATAGTTAT	AAATcGGAAA
Consensus		*****	*****	*****	*****
msa123961.2{80_2603}	201	TGGTGGTATC	GAGAATAAAG	ACGGCGAAGT	AATATCTAAC
msa123961.2{80_A909}		TGGTGGTATC	GAGAATAAAG	ACGGCGAAGT	AATATCTAAC
msa123961.2{80_M732}		TGGTGGTATC	GAGAATAAAG	ACGGCGAAGT	AATATCTAAC
msa123961.2{80_090}		TGGTGGTATC	GAGAATAAAG	ACGGCGAAGT	AATATCTAAC
msa123961.2{80_COH1}		TGGTGGTATC	GAGAATAAAG	ACGGCGAAGT	AATATCTAAC
msa123961.2{80_M781}		TGGTGGTATC	GAGAATAAAG	ACGGCGAAGT	AATATCTAAC
msa123961.2{801_JM9130013}		TGGTGGTATC	GAGAATAAAG	ACGGCGAAGT	AATATCTAAC
msa123961.2{80_18RS21}		TGGTGGTATC	GAGAATAAAG	ACGGCGAAGT	AATATCTAAC
msa123961.2{80h_CJB110}		TGGTGGTATC	GAGAATAAAG	ACGGCGAAGT	AATATCTAAC
Consensus		*****	*****	*****	*****
msa123961.2{80_2603}	251	TTGGTGACAA	TGTAAAAGGT	TTGCAAGGTG	TACAGTTTAA
msa123961.2{80_A909}		TTGGTGACAA	TGTAAAAGGT	TTGCAAGGTG	TACAGTTTAA
msa123961.2{80_M732}		TTGGTGACAA	TGTAAAAGGT	TTGCAAGGTG	TACAGTTTAA
msa123961.2{80_090}		TTGGTGACAA	TGTAAAAGGT	TTGCAAGGTG	TACAGTTTAA
msa123961.2{80_COH1}		TTGGTGACAA	TGTAAAAGGT	TTGCAAGGTG	TACAGTTTAA
msa123961.2{80_M781}		TTGGTGACAA	TGTAAAAGGT	TTGCAAGGTG	TACAGTTTAA
msa123961.2{801_JM9130013}		TTGGTGACAA	TGTAAAAGGT	TTGCAAGGTG	TACAGTTTAA
msa123961.2{80_18RS21}		TTGGTGACAA	TGTAAAAGGT	TTGCAAGGTG	TACAGTTTAA
msa123961.2{80h_CJB110}		TTGGTGACAA	TGTAAAAGGT	TTGCAAGGTG	TACAGTTTAA
Consensus		*****	*****	*****	*****
msa123961.2{80_2603}	301	GTCAAGACGG	ATATTCTGT	TGATGAATTG	AAAAAATTGA
msa123961.2{80_A909}		GTCAAGACGG	ATATTCTGT	TGATGAATTG	AAAAAATTGA
msa123961.2{80_M732}		GTCAAGACGG	ATATTCTGT	TGATGAATTG	AAAAAATTGA
msa123961.2{80_090}		GTCAAGACGG	ATATTCTGT	TGATGAATTG	AAAAAATTGA
msa123961.2{80_COH1}		GTCAAGACGG	ATATTCTGT	TGATGAATTG	AAAAAATTGA
msa123961.2{80_M781}		GTCAAGACGG	ATATTCTGT	TGATGAATTG	AAAAAATTGA
msa123961.2{801_JM9130013}		GTCAAGACGG	ATATTCTGT	TGATGAATTG	AAAAAATTGA
msa123961.2{80_18RS21}		GTCAAGACGG	ATATTCTGT	TGATGAATTG	AAAAAATTGA
msa123961.2{80h_CJB110}		GTCAAGACGG	ATATTCTGT	TGATGAATTG	AAAAAATTGA
Consensus		*****	*****	*****	*****
msa123961.2{80_2603}	351	AGCAGCAGAT	GCAAAAGTTG	GAACGATTCT	TGAAGAAGGT
msa123961.2{80_A909}		AGCAGCAGAT	GCAAAAGTTG	GAACGATTCT	TGAAGAAGGT
msa123961.2{80_M732}		AGCAGCAGAT	GCAAAAGTTG	GAACGATTCT	TGAAGAAGGT
msa123961.2{80_090}		AGCAGCAGAT	GCAAAAGTTG	GAACGATTCT	TGAAGAAGGT
msa123961.2{80_COH1}		AGCAGCAGAT	GCAAAAGTTG	GAACGATTCT	TGAAGAAGGT
msa123961.2{80_M781}		AGCAGCAGAT	GCAAAAGTTG	GAACGATTCT	TGAAGAAGGT
msa123961.2{801_JM9130013}		AGCAGCAGAT	GCAAAAGTTG	GAACGATTCT	TGAAGAAGGT
msa123961.2{80_18RS21}		AGCAGCAGAT	GCAAAAGTTG	GAACGATTCT	TGAAGAAGGT
msa123961.2{80h_CJB110}		AGCAGCAGAT	GCAAAAGTTG	GAACGATTCT	TGAAGAAGGT
Consensus		*****	*****	*****	*****
msa123961.2{80_2603}	401	CTCAAAAAAC	TAATGCTCAA	GGTTTGGTCG	TCGATGCTCT
msa123961.2{80_A909}		CTCAAAAAAC	TAATGCTCAA	GGTTTGGTCG	TCGATGCTCT
msa123961.2{80_M732}		CTCAAAAAAC	TAATGCTCAA	GGTTTGGTCG	TCGATGCTCT
msa123961.2{80_090}		CTCAAAAAAC	TAATGCTCAA	GGTTTGGTCG	TCGATGCTCT
msa123961.2{80_COH1}		CTCAAAAAAC	TAATGCTCAA	GGTTTGGTCG	TCGATGCTCT
msa123961.2{80_M781}		CTCAAAAAAC	TAATGCTCAA	GGTTTGGTCG	TCGATGCTCT
msa123961.2{801_JM9130013}		CTCAAAAAAC	TAATGCTCAA	GGTTTGGTCG	TCGATGCTCT
msa123961.2{80_18RS21}		CTCAAAAAAC	TAATGCTCAA	GGTTTGGTCG	TCGATGCTCT
msa123961.2{80h_CJB110}		CTCAAAAAAC	TAATGCTCAA	GGTTTGGTCG	TCGATGCTCT
Consensus		*****	*****	*****	*****
msa123961.2{80_2603}	451	AGTAATGTGA	GATACTTGTA	TGTAGAAGAT	TAAAGAATT
msa123961.2{80_A909}		AGTAATGTGA	GATACTTGTA	TGTAGAAGAT	TAAAGAATT
msa123961.2{80_M732}		AGTAATGTGA	GATACTTGTA	TGTAGAAGAT	TAAAGAATT
msa123961.2{80_090}		AGTAATGTGA	GATACTTGTA	TGTAGAAGAT	TAAAGAATT
msa123961.2{80_COH1}		AGTAATGTGA	GATACTTGTA	TGTAGAAGAT	TAAAGAATT
msa123961.2{80_M781}		AGTAATGTGA	GATACTTGTA	TGTAGAAGAT	TAAAGAATT
msa123961.2{801_JM9130013}		AGTAATGTGA	GATACTTGTA	TGTAGAAGAT	TAAAGAATT

Table 87: Comparative Sequences relating to SAG0645

msa123961.2{80_18RS21}	AGTAATGTGA	GATACTTGTA	TGTAGAAGAT	TTAAAGAAAT	CACCTTCAAA		
msa123961.2{80h_CJB110}	AGTAATGTGA	GATACTTGTA	TGTAGAAGAT	TTAAAGAAAT	CACCTTCAAA		
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****		
msa123961.2{80_2603}	501	CATTACCAA	GCTTATGCTG	TACCGTTTGT	GTTGGAATTA	CCAGTTGCTA	550
msa123961.2{80_A909}	CATTACCAA	GCTTATGCTG	TACCGTTTGT	GTTGGAATTA	CCAGTTGCTA		
msa123961.2{80_M732}	CATTACCAA	GCTTATGCTG	TACCGTTTGT	GTTGGAATTA	CCAGTTGCTA		
msa123961.2{80_090}	CATTACCAA	GCTTATGCTG	TACCGTTTGT	GTTGGAATTA	CCAGTTGCTA		
msa123961.2{80_COH1}	CATTACCAA	GCTTATGCTG	TACCGTTTGT	GTTGGAATTA	CCAGTTGCTA		
msa123961.2{80_M781}	CATTACCAA	GCTTATGCTG	TACCGTTTGT	GTTGGAATTA	CCAGTTGCTA		
msa123961.2{801_JM9130013}	CATTACCAA	GCTTATGCTG	TACCGTTTGT	GTTGGAATTA	CCAGTTGCTA		
msa123961.2{80_18RS21}	CATTACCAA	GCTTATGCTG	TACCGTTTGT	GTTGGAATTA	CCAGTTGCTA		
msa123961.2{80h_CJB110}	CATTACCAA	GCTTATGCTG	TACCGTTTGT	GTTGGAATTA	CCAGTTGCTA		
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****		
msa123961.2{80_2603}	551	ACTCTACAGG	TACAGGTTTC	CTTTCTGAAA	TTAATATTTA	CCCTAAAAAC	600
msa123961.2{80_A909}	ACTCTACAGG	TACAGGTTTC	CTTTCTGAAA	TTAATATTTA	CCCTAAAAAC		
msa123961.2{80_M732}	ACTCTACAGG	TACAGGTTTC	CTTTCTGAAA	TTAATATTTA	CCCTAAAAAC		
msa123961.2{80_090}	ACTCTACAGG	TACAGGTTTC	CTTTCTGAAA	TTAATATTTA	CCCTAAAAAC		
msa123961.2{80_COH1}	ACTCTACAGG	TACAGGTTTC	CTTTCTGAAA	TTAATATTTA	CCCTAAAAAC		
msa123961.2{80_M781}	ACTCTACAGG	TACAGGTTTC	CTTTCTGAAA	TTAATATTTA	CCCTAAAAAC		
msa123961.2{801_JM9130013}	ACTCTACAGG	TACAGGTTTC	CTTTCTGAAA	TTAATATTTA	CCCTAAAAAC		
msa123961.2{80_18RS21}	ACTCTACAGG	TACAGGTTTC	CTTTCTGAAA	TTAATATTTA	CCCTAAAAAC		
msa123961.2{80h_CJB110}	ACTCTACAGG	TACAGGTTTC	CTTTCTGAAA	TTAATATTTA	CCCTAAAAAC		
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****		
msa123961.2{80_2603}	601	GTGTGTAAC	ATGAACCAA	AACAGATAAA	GATGTTAAa	AATTAGGTCA	650
msa123961.2{80_A909}	GTGTGTAAC	ATGAACCAA	AACAGATAAA	GATGTTAAa	AATTAGGTCA		
msa123961.2{80_M732}	GTGTGTAAC	ATGAACCAA	AACAGATAAA	GATGTTAAa	AATTAGGTCA		
msa123961.2{80_090}	GTGTGTAAC	ATGAACCAA	AACAGATAAA	GATGTTAAa	AATTAGGTCA		
msa123961.2{80_COH1}	GTGTGTAAC	ATGAACCAA	AACAGATAAA	GATGTTAAa	AATTAGGTCA		
msa123961.2{80_M781}	GTGTGTAAC	ATGAACCAA	AACAGATAAA	GATGTTAAa	AATTAGGTCA		
msa123961.2{801_JM9130013}	GTGTGTAAC	ATGAACCAA	AACAGATAAA	GATGTTAAa	AATTAGGTCA		
msa123961.2{80_18RS21}	GTGTGTAAC	ATGAACCAA	AACAGATAAA	GATGTTAAa	AATTAGGTCA		
msa123961.2{80h_CJB110}	GTGTGTAAC	ATGAACCAA	AACAGATAAA	GATGTTAAa	AATTAGGTCA		
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****		
msa123961.2{80_2603}	651	GGACGATGCA	GTTTATACGA	TTGGTGAAGA	ATTCAAATGG	TTCTTGAAAT	700
msa123961.2{80_A909}	GGACGATGCA	GTTTATACGA	TTGGTGAAGA	ATTCAAATGG	TTCTTGAAAT		
msa123961.2{80_M732}	GGACGATGCA	GTTTATACGA	TTGGTGAAGA	ATTCAAATGG	TTCTTGAAAT		
msa123961.2{80_090}	GGACGATGCA	GTTTATACGA	TTGGTGAAGA	ATTCAAATGG	TTCTTGAAAT		
msa123961.2{80_COH1}	GGACGATGCA	GTTTATACGA	TTGGTGAAGA	ATTCAAATGG	TTCTTGAAAT		
msa123961.2{80_M781}	GGACGATGCA	GTTTATACGA	TTGGTGAAGA	ATTCAAATGG	TTCTTGAAAT		
msa123961.2{801_JM9130013}	GGACGATGCA	GTTTATACGA	TTGGTGAAGA	ATTCAAATGG	TTCTTGAAAT		
msa123961.2{80_18RS21}	GGACGATGCA	GTTTATACGA	TTGGTGAAGA	ATTCAAATGG	TTCTTGAAAT		
msa123961.2{80h_CJB110}	GGACGATGCA	GTTTATACGA	TTGGTGAAGA	ATTCAAATGG	TTCTTGAAAT		
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****		
msa123961.2{80_2603}	701	CTACAATCCC	TGCCAATTTA	GGTGACTATG	AAAAATTGGA	AATTACTGAT	750
msa123961.2{80_A909}	CTACAATCCC	TGCCAATTTA	GGTGACTATG	AAAAATTGGA	AATTACTGAT		
msa123961.2{80_M732}	CTACAATCCC	TGCCAATTTA	GGTGACTATG	AAAAATTGGA	AATTACTGAT		
msa123961.2{80_090}	CTACAATCCC	TGCCAATTTA	GGTGACTATG	AAAAATTGGA	AATTACTGAT		
msa123961.2{80_COH1}	CTACAATCCC	TGCCAATTTA	GGTGACTATG	AAAAATTGGA	AATTACTGAT		
msa123961.2{80_M781}	CTACAATCCC	TGCCAATTTA	GGTGACTATG	AAAAATTGGA	AATTACTGAT		
msa123961.2{801_JM9130013}	CTACAATCCC	TGCCAATTTA	GGTGACTATG	AAAAATTGGA	AATTACTGAT		
msa123961.2{80_18RS21}	CTACAATCCC	TGCCAATTTA	GGTGACTATG	AAAAATTGGA	AATTACTGAT		
msa123961.2{80h_CJB110}	CTACAATCCC	TGCCAATTTA	GGTGACTATG	AAAAATTGGA	AATTACTGAT		
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****		
msa123961.2{80_2603}	751	AAATTTCGAG	ATGGCTTGAC	TTATAAATCT	GTTGGAAAAA	TCAAGATTGG	800
msa123961.2{80_A909}	AAATTTCGAG	ATGGCTTGAC	TTATAAATCT	GTTGGAAAAA	TCAAGATTGG		
msa123961.2{80_M732}	AAATTTCGAG	ATGGCTTGAC	TTATAAATCT	GTTGGAAAAA	TCAAGATTGG		
msa123961.2{80_090}	AAATTTCGAG	ATGGCTTGAC	TTATAAATCT	GTTGGAAAAA	TCAAGATTGG		
msa123961.2{80_COH1}	AAATTTCGAG	ATGGCTTGAC	TTATAAATCT	GTTGGAAAAA	TCAAGATTGG		
msa123961.2{80_M781}	AAATTTCGAG	ATGGCTTGAC	TTATAAATCT	GTTGGAAAAA	TCAAGATTGG		
msa123961.2{801_JM9130013}	AAATTTCGAG	ATGGCTTGAC	TTATAAATCT	GTTGGAAAAA	TCAAGATTGG		
msa123961.2{80_18RS21}	AAATTTCGAG	ATGGCTTGAC	TTATAAATCT	GTTGGAAAAA	TCAAGATTGG		
msa123961.2{80h_CJB110}	AAATTTCGAG	ATGGCTTGAC	TTATAAATCT	GTTGGAAAAA	TCAAGATTGG		
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****		
msa123961.2{80_2603}	801	TTGAAAAACA	CTGAATAGAG	ATGAGCACTA	CACATTTGAT	GAACCAACAG	850
msa123961.2{80_A909}	TTGAAAAACA	CTGAATAGAG	ATGAGCACTA	CACATTTGAT	GAACCAACAG		
msa123961.2{80_M732}	TTGAAAAACA	CTGAATAGAG	ATGAGCACTA	CACATTTGAT	GAACCAACAG		
msa123961.2{80_090}	TTGAAAAACA	CTGAATAGAG	ATGAGCACTA	CACATTTGAT	GAACCAACAG		
msa123961.2{80_COH1}	TTGAAAAACA	CTGAATAGAG	ATGAGCACTA	CACATTTGAT	GAACCAACAG		
msa123961.2{80_M781}	TTGAAAAACA	CTGAATAGAG	ATGAGCACTA	CACATTTGAT	GAACCAACAG		

Table 87: Comparative Sequences relating to SAG0645

msa123961.2{801_JM9130013}	TTGAAAAACA	CTGAATAGAG	ATGAGCACTA	CACTATTGAT	GAACCAACAG
msa123961.2{80_18RS21}	TTGAAAAACA	CTGAATAGAG	ATGAGCACTA	CACTATTGAT	GAACCAACAG
msa123961.2{80h_CJB110}	TTGAAAAACA	CTGAATAGAG	ATGAGCACTA	CACTATTGAT	GAACCAACAG
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
	851				900
msa123961.2{80_2603}	TTGATAACCA	AAATACATTA	AAAATTACGT	TAAACCAGA	GAAATTAA
msa123961.2{80_A909}	TTGATAACCA	AAATACATTA	AAAATTACGT	TAAACCAGA	GAAATTAA
msa123961.2{80_M732}	TTGATAACCA	AAATACATTA	AAAATTACGT	TAAACCAGA	GAAATTAA
msa123961.2{80_090}	TTGATAACCA	AAATACATTA	AAAATTACGT	TAAACCAGA	GAAATTAA
msa123961.2{80_COH1}	TTGATAACCA	AAATACATTA	AAAATTACGT	TAAACCAGA	GAAATTAA
msa123961.2{80_M781}	TTGATAACCA	AAATACATTA	AAAATTACGT	TAAACCAGA	GAAATTAA
msa123961.2{801_JM9130013}	TTGATAACCA	AAATACATTA	AAAATTACGT	TAAACCAGA	GAAATTAA
msa123961.2{80_18RS21}	TTGATAACCA	AAATACATTA	AAAATTACGT	TAAACCAGA	GAAATTAA
msa123961.2{80h_CJB110}	TTGATAACCA	AAATACATTA	AAAATTACGT	TAAACCAGA	GAAATTAA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
	901				950
msa123961.2{80_2603}	GAAATTGCTG	AGCTACTTAA	AGGAATGACC	CTTGTTAAAA	ATCAAGATGC
msa123961.2{80_A909}	GAAATTGCTG	AGCTACTTAA	AGGAATGACC	CTTGTTAAAA	ATCAAGATGC
msa123961.2{80_M732}	GAAATTGCTG	AGCTACTTAA	AGGAATGACC	CTTGTTAAAA	ATCAAGATGC
msa123961.2{80_090}	GAAATTGCTG	AGCTACTTAA	AGGAATGACC	CTTGTTAAAA	ATCAAGATGC
msa123961.2{80_COH1}	GAAATTGCTG	AGCTACTTAA	AGGAATGACC	CTTGTTAAAA	ATCAAGATGC
msa123961.2{80_M781}	GAAATTGCTG	AGCTACTTAA	AGGAATGACC	CTTGTTAAAA	ATCAAGATGC
msa123961.2{801_JM9130013}	GAAATTGCTG	AGCTACTTAA	AGGAATGACC	CTTGTTAAAA	ATCAAGATGC
msa123961.2{80_18RS21}	GAAATTGCTG	AGCTACTTAA	AGGAATGACC	CTTGTTAAAA	ATCAAGATGC
msa123961.2{80h_CJB110}	GAAATTGCTG	AGCTACTTAA	AGGAATGACC	CTTGTTAAAA	ATCAAGATGC
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
	951				1000
msa123961.2{80_2603}	TCTTGATAAA	GCTACTGCAA	ATACAGATGA	TGCGGCATT	TTGGAAATTC
msa123961.2{80_A909}	TCTTGATAAA	GCTACTGCAA	ATACAGATGA	TGCGGCATT	TTGGAAATTC
msa123961.2{80_M732}	TCTTGATAAA	GCTACTGCAA	ATACAGATGA	TGCGGCATT	TTGGAAATTC
msa123961.2{80_090}	TCTTGATAAA	GCTACTGCAA	ATACAGATGA	TGCGGCATT	TTGGAAATTC
msa123961.2{80_COH1}	TCTTGATAAA	GCTACTGCAA	ATACAGATGA	TGCGGCATT	TTGGAAATTC
msa123961.2{80_M781}	TCTTGATAAA	GCTACTGCAA	ATACAGATGA	TGCGGCATT	TTGGAAATTC
msa123961.2{801_JM9130013}	TCTTGATAAA	GCTACTGCAA	ATACAGATGA	TGCGGCATT	TTGGAAATTC
msa123961.2{80_18RS21}	TCTTGATAAA	GCTACTGCAA	ATACAGATGA	TGCGGCATT	TTGGAAATTC
msa123961.2{80h_CJB110}	TCTTGATAAA	GCTACTGCAA	ATACAGATGA	TGCGGCATT	TTGGAAATTC
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
	1001				1050
msa123961.2{80_2603}	CAGTTGCATC	AACATTAAAT	GAAAAAGCAG	TTTTAGGAAA	AGCAATTGAA
msa123961.2{80_A909}	CAGTTGCATC	AACATTAAAT	GAAAAAGCAG	TTTTAGGAAA	AGCAATTGAA
msa123961.2{80_M732}	CAGTTGCATC	AACATTAAAT	GAAAAAGCAG	TTTTAGGAAA	AGCAATTGAA
msa123961.2{80_090}	CAGTTGCATC	AACATTAAAT	GAAAAAGCAG	TTTTAGGAAA	AGCAATTGAA
msa123961.2{80_COH1}	CAGTTGCATC	AACATTAAAT	GAAAAAGCAG	TTTTAGGAAA	AGCAATTGAA
msa123961.2{80_M781}	CAGTTGCATC	AACATTAAAT	GAAAAAGCAG	TTTTAGGAAA	AGCAATTGAA
msa123961.2{801_JM9130013}	CAGTTGCATC	AACATTAAAT	GAAAAAGCAG	TTTTAGGAAA	AGCAATTGAA
msa123961.2{80_18RS21}	CAGTTGCATC	AACATTAAAT	GAAAAAGCAG	TTTTAGGAAA	AGCAATTGAA
msa123961.2{80h_CJB110}	CAGTTGCATC	AACATTAAAT	GAAAAAGCAG	TTTTAGGAAA	AGCAATTGAA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
	1051				1100
msa123961.2{80_2603}	AATACCTTTG	AACCTCAATA	TGACCATACT	CCTGATAAAG	CTGACAATCC
msa123961.2{80_A909}	AATACCTTTG	AACCTCAATA	TGACCATACT	CCTGATAAAG	CTGACAATCC
msa123961.2{80_M732}	AATACCTTTG	AACCTCAATA	TGACCATACT	CCTGATAAAG	CTGACAATCC
msa123961.2{80_090}	AATACCTTTG	AACCTCAATA	TGACCATACT	CCTGATAAAG	CTGACAATCC
msa123961.2{80_COH1}	AATACCTTTG	AACCTCAATA	TGACCATACT	CCTGATAAAG	CTGACAATCC
msa123961.2{80_M781}	AATACCTTTG	AACCTCAATA	TGACCATACT	CCTGATAAAG	CTGACAATCC
msa123961.2{801_JM9130013}	AATACCTTTG	AACCTCAATA	TGACCATACT	CCTGATAAAG	CTGACAATCC
msa123961.2{80_18RS21}	AATACCTTTG	AACCTCAATA	TGACCATACT	CCTGATAAAG	CTGACAATCC
msa123961.2{80h_CJB110}	AATACCTTTG	AACCTCAATA	TGACCATACT	CCTGATAAAG	CTGACAATCC
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
	1101				1150
msa123961.2{80_2603}	AAAACCATCT	AATCCTCCAA	GAAAAACCAGA	AGTTCATACT	GGTGGGAAAC
msa123961.2{80_A909}	AAAACCATCT	AATCCTCCAA	GAAAAACCAGA	AGTTCATACT	GGTGGGAAAC
msa123961.2{80_M732}	AAAACCATCT	AATCCTCCAA	GAAAAACCAGA	AGTTCATACT	GGTGGGAAAC
msa123961.2{80_090}	AAAACCATCT	AATCCTCCAA	GAAAAACCAGA	AGTTCATACT	GGTGGGAAAC
msa123961.2{80_COH1}	AAAACCATCT	AATCCTCCAA	GAAAAACCAGA	AGTTCATACT	GGTGGGAAAC
msa123961.2{80_M781}	AAAACCATCT	AATCCTCCAA	GAAAAACCAGA	AGTTCATACT	GGTGGGAAAC
msa123961.2{801_JM9130013}	AAAACCATCT	AATCCTCCAA	GAAAAACCAGA	AGTTCATACT	GGTGGGAAAC
msa123961.2{80_18RS21}	AAAACCATCT	AATCCTCCAA	GAAAAACCAGA	AGTTCATACT	GGTGGGAAAC
msa123961.2{80h_CJB110}	AAAACCATCT	AATCCTCCAA	GAAAAACCAGA	AGTTCATACT	GGTGGGAAAC
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
	1151				1200
msa123961.2{80_2603}	GATTGTGAAA	GAAAGACTCA	ACAGAAACAC	AAACACTAGG	TGGTGCTGAG
msa123961.2{80_A909}	GATTGTGAAA	GAAAGACTCA	ACAGAAACAC	AAACACTAGG	TGGTGCTGAG
msa123961.2{80_M732}	GATTGTGAAA	GAAAGACTCA	ACAGAAACAC	AAACACTAGG	TGGTGCTGAG
msa123961.2{80_090}	GATTGTGAAA	GAAAGACTCA	ACAGAAACAC	AAACACTAGG	TGGTGCTGAG
msa123961.2{80_COH1}	GATTGTGAAA	GAAAGACTCA	ACAGAAACAC	AAACACTAGG	TGGTGCTGAG

Table 87: Comparative Sequences relating to SAG0645

msa123961.2{80_M781}	GATTGTGAAA	GAAAGACTCA	ACAGAAACAC	AAACACTAGG	TGGTGCTGAG
msa123961.2{801_JM9130013}	GATTGTGAAA	GAAAGACTCA	ACAGAAACAC	AAACACTAGG	TGGTGCTGAG
msa123961.2{80_18RS21}	GATTGTGAAA	GAAAGACTCA	ACAGAAACAC	AAACACTAGG	TGGTGCTGAG
msa123961.2{80h_CJB110}	GATTGTGAAA	GAAAGACTCA	ACAGAAACAC	AAACACTAGG	TGGTGCTGAG
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa123961.2{80_2603}	TTTGATTGTG	TGGCTTCTGA	TGGGACAGCA	GTAAAATGGA	CAGATGCTCT
msa123961.2{80_A909}	TTTGATTGTG	TGGCTTCTGA	TGGGACAGCA	GTAAAATGGA	CAGATGCTCT
msa123961.2{80_M732}	TTTGATTGTG	TGGCTTCTGA	TGGGACAGCA	GTAAAATGGA	CAGATGCTCT
msa123961.2{80_090}	TTTGATTGTG	TGGCTTCTGA	TGGGACAGCA	GTAAAATGGA	CAGATGCTCT
msa123961.2{80_COH1}	TTTGATTGTG	TGGCTTCTGA	TGGGACAGCA	GTAAAATGGA	CAGATGCTCT
msa123961.2{80_M781}	TTTGATTGTG	TGGCTTCTGA	TGGGACAGCA	GTAAAATGGA	CAGATGCTCT
msa123961.2{801_JM9130013}	TTTGATTGTG	TGGCTTCTGA	TGGGACAGCA	GTAAAATGGA	CAGATGCTCT
msa123961.2{80_18RS21}	TTTGATTGTG	TGGCTTCTGA	TGGGACAGCA	GTAAAATGGA	CAGATGCTCT
msa123961.2{80h_CJB110}	TTTGATTGTG	TGGCTTCTGA	TGGGACAGCA	GTAAAATGGA	CAGATGCTCT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa123961.2{80_2603}	TATTAAAGCG	AATACTAATA	AAAACATATAT	TGCTGGAGAA	GCTGTTACTG
msa123961.2{80_A909}	TATTAAAGCG	AATACTAATA	AAAACATATAT	TGCTGGAGAA	GCTGTTACTG
msa123961.2{80_M732}	TATTAAAGCG	AATACTAATA	AAAACATATAT	TGCTGGAGAA	GCTGTTACTG
msa123961.2{80_090}	TATTAAAGCG	AATACTAATA	AAAACATATAT	TGCTGGAGAA	GCTGTTACTG
msa123961.2{80_COH1}	TATTAAAGCG	AATACTAATA	AAAACATATAT	TGCTGGAGAA	GCTGTTACTG
msa123961.2{80_M781}	TATTAAAGCG	AATACTAATA	AAAACATATAT	TGCTGGAGAA	GCTGTTACTG
msa123961.2{801_JM9130013}	TATTAAAGCG	AATACTAATA	AAAACATATAT	TGCTGGAGAA	GCTGTTACTG
msa123961.2{80_18RS21}	TATTAAAGCG	AATACTAATA	AAAACATATAT	TGCTGGAGAA	GCTGTTACTG
msa123961.2{80h_CJB110}	TATTAAAGCG	AATACTAATA	AAAACATATAT	TGCTGGAGAA	GCTGTTACTG
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa123961.2{80_2603}	GGCAACCAAT	CAAATTGAAA	TCACATACAG	ACGGTACGTT	TGAGATTAAA
msa123961.2{80_A909}	GGCAACCAAT	CAAATTGAAA	TCACATACAG	ACGGTACGTT	TGAGATTAAA
msa123961.2{80_M732}	GGCAACCAAT	CAAATTGAAA	TCACATACAG	ACGGTACGTT	TGAGATTAAA
msa123961.2{80_090}	GGCAACCAAT	CAAATTGAAA	TCACATACAG	ACGGTACGTT	TGAGATTAAA
msa123961.2{80_COH1}	GGCAACCAAT	CAAATTGAAA	TCACATACAG	ACGGTACGTT	TGAGATTAAA
msa123961.2{80_M781}	GGCAACCAAT	CAAATTGAAA	TCACATACAG	ACGGTACGTT	TGAGATTAAA
msa123961.2{801_JM9130013}	GGCAACCAAT	CAAATTGAAA	TCACATACAG	ACGGTACGTT	TGAGATTAAA
msa123961.2{80_18RS21}	GGCAACCAAT	CAAATTGAAA	TCACATACAG	ACGGTACGTT	TGAGATTAAA
msa123961.2{80h_CJB110}	GGCAACCAAT	CAAATTGAAA	TCACATACAG	ACGGTACGTT	TGAGATTAAA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa123961.2{80_2603}	GGTTTGGCTT	ATGCAGTTGA	TGCGAATGCA	GAGGGTACAG	CAGTAACTTA
msa123961.2{80_A909}	GGTTTGGCTT	ATGCAGTTGA	TGCGAATGCA	GAGGGTACAG	CAGTAACTTA
msa123961.2{80_M732}	GGTTTGGCTT	ATGCAGTTGA	TGCGAATGCA	GAGGGTACAG	CAGTAACTTA
msa123961.2{80_090}	GGTTTGGCTT	ATGCAGTTGA	TGCGAATGCA	GAGGGTACAG	CAGTAACTTA
msa123961.2{80_COH1}	GGTTTGGCTT	ATGCAGTTGA	TGCGAATGCA	GAGGGTACAG	CAGTAACTTA
msa123961.2{80_M781}	GGTTTGGCTT	ATGCAGTTGA	TGCGAATGCA	GAGGGTACAG	CAGTAACTTA
msa123961.2{801_JM9130013}	GGTTTGGCTT	ATGCAGTTGA	TGCGAATGCA	GAGGGTACAG	CAGTAACTTA
msa123961.2{80_18RS21}	GGTTTGGCTT	ATGCAGTTGA	TGCGAATGCA	GAGGGTACAG	CAGTAACTTA
msa123961.2{80h_CJB110}	GGTTTGGCTT	ATGCAGTTGA	TGCGAATGCA	GAGGGTACAG	CAGTAACTTA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa123961.2{80_2603}	CAAATTAAAA	GAAACAAAAG	CACCAGAAGG	TTATGTAATC	CCTGATAAAG
msa123961.2{80_A909}	CAAATTAAAA	GAAACAAAAG	CACCAGAAGG	TTATGTAATC	CCTGATAAAG
msa123961.2{80_M732}	CAAATTAAAA	GAAACAAAAG	CACCAGAAGG	TTATGTAATC	CCTGATAAAG
msa123961.2{80_090}	CAAATTAAAA	GAAACAAAAG	CACCAGAAGG	TTATGTAATC	CCTGATAAAG
msa123961.2{80_COH1}	CAAATTAAAA	GAAACAAAAG	CACCAGAAGG	TTATGTAATC	CCTGATAAAG
msa123961.2{80_M781}	CAAATTAAAA	GAAACAAAAG	CACCAGAAGG	TTATGTAATC	CCTGATAAAG
msa123961.2{801_JM9130013}	CAAATTAAAA	GAAACAAAAG	CACCAGAAGG	TTATGTAATC	CCTGATAAAG
msa123961.2{80_18RS21}	CAAATTAAAA	GAAACAAAAG	CACCAGAAGG	TTATGTAATC	CCTGATAAAG
msa123961.2{80h_CJB110}	CAAATTAAAA	GAAACAAAAG	CACCAGAAGG	TTATGTAATC	CCTGATAAAG
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa123961.2{80_2603}	AAATCGAGTT	TACAGTATCA	CAAACATCTT	ATAATaCAAA	ACCAACTGAC
msa123961.2{80_A909}	AAATCGAGTT	TACAGTATCA	CAAACATCTT	ATAATaCAAA	ACCAACTGAC
msa123961.2{80_M732}	AAATCGAGTT	TACAGTATCA	CAAACATCTT	ATAATaCAAA	ACCAACTGAC
msa123961.2{80_090}	AAATCGAGTT	TACAGTATCA	CAAACATCTT	ATAATaCAAA	ACCAACTGAC
msa123961.2{80_COH1}	AAATCGAGTT	TACAGTATCA	CAAACATCTT	ATAATaCAAA	ACCAACTGAC
msa123961.2{80_M781}	AAATCGAGTT	TACAGTATCA	CAAACATCTT	ATAATaCAAA	ACCAACTGAC
msa123961.2{801_JM9130013}	AAATCGAGTT	TACAGTATCA	CAAACATCTT	ATAATaCAAA	ACCAACTGAC
msa123961.2{80_18RS21}	AAATCGAGTT	TACAGTATCA	CAAACATCTT	ATAATaCAAA	ACCAACTGAC
msa123961.2{80h_CJB110}	AAATCGAGTT	TACAGTATCA	CAAACATCTT	ATAATcCAAA	ACCAACTGAC
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa123961.2{80_2603}	ATCACGGTTG	ATAGTGCTGA	TGCAACACCT	GATACAATTA	AAAACAACAA
msa123961.2{80_A909}	ATCACGGTTG	ATAGTGCTGA	TGCAACACCT	GATACAATTA	AAAACAACAA
msa123961.2{80_M732}	ATCACGGTTG	ATAGTGCTGA	TGCAACACCT	GATACAATTA	AAAACAACAA
msa123961.2{80_090}	ATCACGGTTG	ATAGTGCTGA	TGCAACACCT	GATACAATTA	AAAACAACAA

Table 87: Comparative Sequences relating to SAG0645

msa123961.2{80_COH1}	ATCACGGTTG	ATAGTGCTGA	TGCAACACCT	GATACAATTA	AAAACAACAA
msa123961.2{80_M781}	ATCACGGTTG	ATAGTGCTGA	TGCAACACCT	GATACAATTA	AAAACAACAA
msa123961.2{801_JM9130013}	ATCACGGTTG	ATAGTGCTGA	TGCAACACCT	GATACAATTA	AAAACAACAA
msa123961.2{80_18RS21}	ATCACGGTTG	ATAGTGCTGA	TGCAACACCT	GATACAATTA	AAAACAACAA
msa123961.2{80h_CJB110}	ATCACGGTTG	ATAGTGCTGA	TGCAACACCT	GATACAATTA	AAAACAACAA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****

	1551			1600
msa123961.2{80_2603}	acgtccttca	atccctaata	ctgggtggtat	tggtacggct
msa123961.2{80_A909}	acgtccttca	-----	-----	-----
msa123961.2{80_M732}	acgtccttca	-----	-----	-----
msa123961.2{80_090}	acgtccttca	-----	-----	-----
msa123961.2{80_COH1}	acgtccttca	-----	-----	-----
msa123961.2{80_M781}	acgtccttca	-----	-----	-----
msa123961.2{801_JM9130013}	acgtccttca	-----	-----	-----
msa123961.2{80_18RS21}	acgtccttca	-----	-----	-----
msa123961.2{80h_CJB110}	acgtccttca	-----	-----	-----
Consensus	-----	-----	-----	-----

	1601			1650
msa123961.2{80_2603}	ctatcgggtgc	tgccggtgatg	gctttttgctg	ttaaggggat
msa123961.2{80_A909}	-----	-----	-----	-----
msa123961.2{80_M732}	-----	-----	-----	-----
msa123961.2{80_090}	-----	-----	-----	-----
msa123961.2{80_COH1}	-----	-----	-----	-----
msa123961.2{80_M781}	-----	-----	-----	-----
msa123961.2{801_JM9130013}	-----	-----	-----	-----
msa123961.2{80_18RS21}	-----	-----	-----	-----
msa123961.2{80h_CJB110}	-----	-----	-----	-----
Consensus	-----	-----	-----	-----

	1651	1662
msa123961.2{80_2603}	acaaaagata	ac
msa123961.2{80_A909}	-----	-----
msa123961.2{80_M732}	-----	-----
msa123961.2{80_090}	-----	-----
msa123961.2{80_COH1}	-----	-----
msa123961.2{80_M781}	-----	-----
msa123961.2{801_JM9130013}	-----	-----
msa123961.2{80_18RS21}	-----	-----
msa123961.2{80h_CJB110}	-----	-----
Consensus	-----	-----

## SEQ ID NO. 8710

STRAIN 2603 frame: 1

MKLSKLLFSAAVLTMVAGSTVEPVAQFATGMSIVRAAEVVSQERPAKTTVNIYKLQADSY  
 KSEITSNGGIENKDGEVISNYAKLGDNVKGLQGVQFKRYKVKTDISVDELKCLTTVEAAD  
 AKVGTILEEGVSLPQKTNAGLVVDALDSKSNVRYLYVEDLKNPSNITKAYAVPFVLEL  
 PVANSTGTGFLSEINIYPKNVVTTDEPKTDKDVKKLGQDDAGYTI GEEFKWFLKSTIPANL  
 GDYKFEITDKFADGLTYKSVGKIKIGSKTLNRDEHYTIDEPTVDNQNTLKITFKPEKFK  
 EIAELLKGMTLVKNQDALDKATANTDDAFLIIPVASTINEKAVLGKAIENITFELQYDHT  
 PDKADNPKPSNPPRKPEVHTGGKRFVKKOSTETQTLGGAEFDLLASDGTAVKWTDALIKA  
 NTNKNYIAGEAVTGQPIKLKSHTDGTTFEIKGLAYAVDANAEGTAVTYKLKETKAPEGYVI  
 PDKEIEFTVSQTSYNTKPTDITVDSADATPDTIKNNKRPSPINTGGIGTAIFVAIGAAMV  
 AFAVKGMRRTKDN

## SEQ ID NO. 8711

STRAIN 090 frame: 1

AEVSQERPAKTAVNIYKLQADSYKSEITSNGGIENKDGEVISNYAKLGDNVKGLQGVQFK  
 RYKVKTDISVDELKCLTTVEAADAKVGTILEEGVSLPQKTNAGLVVDALDSKSNVRYLY  
 VEDLKNPSNITKAYAVPFVLEL PVANSTGTGFLSEINIYPKNVVTTDEPKTDKDVKKLGQ  
 DDAGYTI GEEFKWFLKSTIPANLGDYKFEITDKFADGLTYKSVGKIKIGSKTLNRDEHY  
 TIDEPTVDNQNTLKITFKPEKFK EIAELLKGMTLVKNQDALDKATANTDDAFLIIPVAS  
 TINEKAVLGKAIENITFELQYDHTPDKADNPKPSNPPRKPEVHTGGKRFVKKOSTETQTLG  
 GAEFDLLASDGTAVKWTDALIKANTNKNYIAGEAVTGQPIKLKSHTDGTTFEIKGLAYAVD  
 ANAEGTAVTYKLKETKAPEGYVIPDKEIEFTVSQTSYNTKPTDITVDSADATPDTIKNNK  
 RPS

## SEQ ID NO. 8712

STRAIN 18RS21 frame: 1

AEVSQERPAKTAVNIYKLQADSYKSEITSNGGIENKDGEVISNYAKLGDNVKGLQGVQFK  
 RYKVKTDISVDELKCLTTVEAADAKVGTILEEGVSLPQKTNAGLVVDALDSKSNVRYLY  
 VEDLKNPSNITKAYAVPFVLEL PVANSTGTGFLSEINIYPKNVVTTDEPKTDKDVKKLGQ  
 DDAGYTI GEEFKWFLKSTIPANLGDYKFEITDKFADGLTYKSVGKIKIGSKTLNRDEHY  
 TIDEPTVDNQNTLKITFKPEKFK EIAELLKGMTLVKNQDALDKATANTDDAFLIIPVAS  
 TINEKAVLGKAIENITFELQYDHTPDKADNPKPSNPPRKPEVHTGGKRFVKKOSTETQTLG  
 GAEFDLLASDGTAVKWTDALIKANTNKNYIAGEAVTGQPIKLKSHTDGTTFEIKGLAYAVD  
 ANAEGTAVTYKLKETKAPEGYVIPDKEIEFTVSQTSYNTKPTDITVDSADATPDTIKNNK  
 RPS

## SEQ ID NO. 8713

STRAIN M732 frame: 1

AEVSQERPAKTAVNIYKLQADSYKSEITSNGGIENKDGEVISNYAKLGDNVKGLQGVQFK

Table 87: Comparative Sequences relating to SAG0645

RYKVKTDISVDELKLLTVEAADAKVGTILEEGVSLPQKTNAQGLVVDALDSKSNVRYLY  
VEDLKNSPSNITKAYAVPFVLELPVANSTGTGFLSEINIYPKNVVTDEPKTDKDVKKLGQ  
DDAGYTTIGEEFKWFLKSTIPANLGDYKFEITDKFADGLTYKSVGKI KIGSKTLNRDEHY  
TIDEPTVDNQNTLKITFKPEKFKBLAELLKGMTLVKNQDALDKATANTDDAAFLAIPVAS  
TINEKAVLGKAIENTFELQYDHTPDKADNPKPSNPPRKPEVHTGGKRFVKKDSTETQTLG  
GAEPDLLASDGTAVKWTDALIKANTNKNYIAGEAVTGQPIKLKSHDTGTFEIKGLAYAVD  
ANAGTAVTYKLETKAPEGYVDPKKEIEFTVSQTSYNTKPTDITVDSADATPDTIKNNK  
RPS

## SEQ ID NO. 8714

STRAIN M781 frame: 1

AEVSQERPAKTAVNIYKLQADSYKSEITSNGGIENKDGGEVISNYAKLGDNVKGLQGVQFK  
RYKVKTDISVDELKLLTVEAADAKVGTILEEGVSLPQKTNAQGLVVDALDSKSNVRYLY  
VEDLKNSPSNITKAYAVPFVLELPVANSTGTGFLSEINIYPKNVVTDEPKTDKDVKKLGQ  
DDAGYTTIGEEFKWFLKSTIPANLGDYKFEITDKFADGLTYKSVGKI KIGSKTLNRDEHY  
TIDEPTVDNQNTLKITFKPEKFKBLAELLKGMTLVKNQDALDKATANTDDAAFLAIPVAS  
TINEKAVLGKAIENTFELQYDHTPDKADNPKPSNPPRKPEVHTGGKRFVKKDSTETQTLG  
GAEPDLLASDGTAVKWTDALIKANTNKNYIAGEAVTGQPIKLKSHDTGTFEIKGLAYAVD  
ANAGTAVTYKLETKAPEGYVDPKKEIEFTVSQTSYNTKPTDITVDSADATPDTIKNNK  
R

## SEQ ID NO. 8715

STRAIN COH1 frame: 1

AEVSQERPAKTAVNIYKLQADSYKSEITSNGGIENKDGGEVISNYAKLGDNVKGLQGVQFK  
RYKVKTDISVDELKLLTVEAADAKVGTILEEGVSLPQKTNAQGLVVDALDSKSNVRYLY  
VEDLKNSPSNITKAYAVPFVLELPVANSTGTGFLSEINIYPKNVVTDEPKTDKDVKKLGQ  
DDAGYTTIGEEFKWFLKSTIPANLGDYKFEITDKFADGLTYKSVGKI KIGSKTLNRDEHY  
TIDEPTVDNQNTLKITFKPEKFKBLAELLKGMTLVKNQDALDKATANTDDAAFLAIPVAS  
TINEKAVLGKAIENTFELQYDHTPDKADNPKPSNPPRKPEVHTGGKRFVKKDSTETQTLG  
GAEPDLLASDGTAVKWTDALIKANTNKNYIAGEAVTGQPIKLKSHDTGTFEIKGLAYAVD  
ANAGTAVTYKLETKAPEGYVDPKKEIEFTVSQTSYNTKPTDITVDSADATPDTIKNNK  
RPS

## SEQ ID NO. 8716

STRAIN CJB110 frame: 1

AEVSQERPAKTAVNIYKLQADSYKSEITSNGGIENKDGGEVISNYAKLGDNVKGLQGVQFK  
RYKVKTDISVDELKLLTVEAADAKVGTILEEGVSLPQKTNAQGLVVDALDSKSNVRYLY  
VEDLKNSPSNITKAYAVPFVLELPVANSTGTGFLSEINIYPKNVVTDEPKTDKDVKKLGQ  
DDAGYTTIGEEFKWFLKSTIPANLGDYKFEITDKFADGLTYKSVGKI KIGSKTLNRDEHY  
TIDEPTVDNQNTLKITFKPEKFKBLAELLKGMTLVKNQDALDKATANTDDAAFLAIPVAS  
TINEKAVLGKAIENTFELQYDHTPDKADNPKPSNPPRKPEVHTGGKRFVKKDSTETQTLG  
GAEPDLLASDGTAVKWTDALIKANTNKNYIAGEAVTGQPIKLKSHDTGTFEIKGLAYAVD  
ANAGTAVTYKLETKAPEGYVDPKKEIEFTVSQTSYNTKPTDITVDSADATPDTIKNNK  
RPS

## SEQ ID NO. 8717

STRAIN JM9130013 frame: 1

AEVSQERPAKTAVNIYKLQADSYKSEITSNGGIENKDGGEVISNYAKLGDNVKGLQGVQFK  
RYKVKTDISVDELKLLTVEAADAKVGTILEEGVSLPQKTNAQGLVVDALDSKSNVRYLY  
VEDLKNSPSNITKAYAVPFVLELPVANSTGTGFLSEINIYPKNVVTDEPKTDKDVKKLGQ  
DDAGYTTIGEEFKWFLKSTIPANLGDYKFEITDKFADGLTYKSVGKI KIGSKTLNRDEHY  
TIDEPTVDNQNTLKITFKPEKFKBLAELLKGMTLVKNQDALDKATANTDDAAFLAIPVAS  
TINEKAVLGKAIENTFELQYDHTPDKADNPKPSNPPRKPEVHTGGKRFVKKDSTETQTLG  
GAEPDLLASDGTAVKWTDALIKANTNKNYIAGEAVTGQPIKLKSHDTGTFEIKGLAYAVD  
ANAGTAVTYKLETKAPEGYVDPKKEIEFTVSQTSYNTKPTDITVDSADATPDTIKNNK  
RPS

## SEQ ID NO. 8718

STRAIN A909 frame: 1

AEVSQERPAKTAVNIYKLQADSYKSEITSNGGIENKDGGEVISNYAKLGDNVKGLQGVQFK  
RYKVKTDISVDELKLLTVEAADAKVGTILEEGVSLPQKTNAQGLVVDALDSKSNVRYLY  
VEDLKNSPSNITKAYAVPFVLELPVANSTGTGFLSEINIYPKNVVTDEPKTDKDVKKLGQ  
DDAGYTTIGEEFKWFLKSTIPANLGDYKFEITDKFADGLTYKSVGKI KIGSKTLNRDEHY  
TIDEPTVDNQNTLKITFKPEKFKBLAELLKGMTLVKNQDALDKATANTDDAAFLAIPVAS  
TINEKAVLGKAIENTFELQYDHTPDKADNPKPSNPPRKPEVHTGGKRFVKKDSTETQTLG  
GAEPDLLASDGTAVKWTDALIKANTNKNYIAGEAVTGQPIKLKSHDTGTFEIKGLAYAVD  
ANAGTAVTYKLETKAPEGYVDPKKEIEFTVSQTSYNTKPTDITVDSADATPDTIKNNK

PRETTY of: /biotmp/msa124060.2{\*} April 30, 2003 07:19 ..

	1				50
msa124060.2{80_2603}	mklskklfls	aavltmvags	tvepvagfat	gmsivraAEV	SQERPAKtV
msa124060.2{80_M732}	-----	-----	-----	-----AEV	SQERPAKtV
msa124060.2{80_A909}	-----	-----	-----	-----AEV	SQERPAKtV
msa124060.2{80_090}	-----	-----	-----	-----AEV	SQERPAKtV
msa124060.2{80_M781}	-----	-----	-----	-----AEV	SQERPAKtV
msa124060.2{80_COH1}	-----	-----	-----	-----AEV	SQERPAKtV
msa124060.2{801_JM9130013}	-----	-----	-----	-----AEV	SQERPAKtV
msa124060.2{80_18RS21}	-----	-----	-----	-----AEV	SQERPAKtV
msa124060.2{80h_CJB110}	-----	-----	-----	-----AEV	SQERPAKtV
Consensus	-----	-----	-----	-----***	*****..*

Table 87: Comparative Sequences relating to SAG0645

msa124060.2{80_2603}	51	NIYKLQADSY	KsEITaNGGI	ENKDG EVISN	YAKLGDNVKG	LQGVQFKRYK	100
msa124060.2{80_M732}		NIYKLQADSY	KsEITaNGGI	ENKDG EVISN	YAKLGDNVKG	LQGVQFKRYK	
msa124060.2{80_A909}		NIYKLQADSY	KsEITaNGGI	ENKDG EVISN	YAKLGDNVKG	LQGVQFKRYK	
msa124060.2{80_090}		NIYKLQADSY	KsEITaNGGI	ENKDG EVISN	YAKLGDNVKG	LQGVQFKRYK	
msa124060.2{80_M781}		NIYKLQADSY	KsEITaNGGI	ENKDG EVISN	YAKLGDNVKG	LQGVQFKRYK	
msa124060.2{80_COH1}		NIYKLQADSY	KsEITaNGGI	ENKDG EVISN	YAKLGDNVKG	LQGVQFKRYK	
msa124060.2{801_JM9130013}		NIYKLQADSY	KsEITaNGGI	ENKDG EVISN	YAKLGDNVKG	LQGVQFKRYK	
msa124060.2{80_18RS21}		NIYKLQADSY	KsEITaNGGI	ENKDG EVISN	YAKLGDNVKG	LQGVQFKRYK	
msa124060.2{80h_CJB110}		NIYKLQADSY	KsEITaNGGI	ENKDG EVISN	YAKLGDNVKG	LQGVQFKRYK	
Consensus		*****	*..*..*	*****	*****	*****	
msa124060.2{80_2603}	101	VKTDISVDEL	KKLTTVEAAD	AKVGTILEEG	VSLPQKTNAQ	GLVVDALDSK	150
msa124060.2{80_M732}		VKTDISVDEL	KKLTTVEAAD	AKVGTILEEG	VSLPQKTNAQ	GLVVDALDSK	
msa124060.2{80_A909}		VKTDISVDEL	KKLTTVEAAD	AKVGTILEEG	VSLPQKTNAQ	GLVVDALDSK	
msa124060.2{80_090}		VKTDISVDEL	KKLTTVEAAD	AKVGTILEEG	VSLPQKTNAQ	GLVVDALDSK	
msa124060.2{80_M781}		VKTDISVDEL	KKLTTVEAAD	AKVGTILEEG	VSLPQKTNAQ	GLVVDALDSK	
msa124060.2{80_COH1}		VKTDISVDEL	KKLTTVEAAD	AKVGTILEEG	VSLPQKTNAQ	GLVVDALDSK	
msa124060.2{801_JM9130013}		VKTDISVDEL	KKLTTVEAAD	AKVGTILEEG	VSLPQKTNAQ	GLVVDALDSK	
msa124060.2{80_18RS21}		VKTDISVDEL	KKLTTVEAAD	AKVGTILEEG	VSLPQKTNAQ	GLVVDALDSK	
msa124060.2{80h_CJB110}		VKTDISVDEL	KKLTTVEAAD	AKVGTILEEG	VSLPQKTNAQ	GLVVDALDSK	
Consensus		*****	*****	*****	*****	*****	
msa124060.2{80_2603}	151	SNVRILYVED	LKNSPSNITK	AYAVPFVLEL	PVANSTGTGF	LSEINIYPKN	200
msa124060.2{80_M732}		SNVRILYVED	LKNSPSNITK	AYAVPFVLEL	PVANSTGTGF	LSEINIYPKN	
msa124060.2{80_A909}		SNVRILYVED	LKNSPSNITK	AYAVPFVLEL	PVANSTGTGF	LSEINIYPKN	
msa124060.2{80_090}		SNVRILYVED	LKNSPSNITK	AYAVPFVLEL	PVANSTGTGF	LSEINIYPKN	
msa124060.2{80_M781}		SNVRILYVED	LKNSPSNITK	AYAVPFVLEL	PVANSTGTGF	LSEINIYPKN	
msa124060.2{80_COH1}		SNVRILYVED	LKNSPSNITK	AYAVPFVLEL	PVANSTGTGF	LSEINIYPKN	
msa124060.2{801_JM9130013}		SNVRILYVED	LKNSPSNITK	AYAVPFVLEL	PVANSTGTGF	LSEINIYPKN	
msa124060.2{80_18RS21}		SNVRILYVED	LKNSPSNITK	AYAVPFVLEL	PVANSTGTGF	LSEINIYPKN	
msa124060.2{80h_CJB110}		SNVRILYVED	LKNSPSNITK	AYAVPFVLEL	PVANSTGTGF	LSEINIYPKN	
Consensus		*****	*****	*****	*****	*****	
msa124060.2{80_2603}	201	VVTDEPKTDK	DVKKLGQDDA	GYTIGEEFKW	FLKSTIPANL	GDYEKFEITD	250
msa124060.2{80_M732}		VVTDEPKTDK	DVKKLGQDDA	GYTIGEEFKW	FLKSTIPANL	GDYEKFEITD	
msa124060.2{80_A909}		VVTDEPKTDK	DVKKLGQDDA	GYTIGEEFKW	FLKSTIPANL	GDYEKFEITD	
msa124060.2{80_090}		VVTDEPKTDK	DVKKLGQDDA	GYTIGEEFKW	FLKSTIPANL	GDYEKFEITD	
msa124060.2{80_M781}		VVTDEPKTDK	DVKKLGQDDA	GYTIGEEFKW	FLKSTIPANL	GDYEKFEITD	
msa124060.2{80_COH1}		VVTDEPKTDK	DVKKLGQDDA	GYTIGEEFKW	FLKSTIPANL	GDYEKFEITD	
msa124060.2{801_JM9130013}		VVTDEPKTDK	DVKKLGQDDA	GYTIGEEFKW	FLKSTIPANL	GDYEKFEITD	
msa124060.2{80_18RS21}		VVTDEPKTDK	DVKKLGQDDA	GYTIGEEFKW	FLKSTIPANL	GDYEKFEITD	
msa124060.2{80h_CJB110}		VVTDEPKTDK	DVKKLGQDDA	GYTIGEEFKW	FLKSTIPANL	GDYEKFEITD	
Consensus		*****	*****	*****	*****	*****	
msa124060.2{80_2603}	251	KFADGLTYKS	VGKIKIGSKT	LNRDEHYTID	EPTVDNQNTL	KITFKPEKFK	300
msa124060.2{80_M732}		KFADGLTYKS	VGKIKIGSKT	LNRDEHYTID	EPTVDNQNTL	KITFKPEKFK	
msa124060.2{80_A909}		KFADGLTYKS	VGKIKIGSKT	LNRDEHYTID	EPTVDNQNTL	KITFKPEKFK	
msa124060.2{80_090}		KFADGLTYKS	VGKIKIGSKT	LNRDEHYTID	EPTVDNQNTL	KITFKPEKFK	
msa124060.2{80_M781}		KFADGLTYKS	VGKIKIGSKT	LNRDEHYTID	EPTVDNQNTL	KITFKPEKFK	
msa124060.2{80_COH1}		KFADGLTYKS	VGKIKIGSKT	LNRDEHYTID	EPTVDNQNTL	KITFKPEKFK	
msa124060.2{801_JM9130013}		KFADGLTYKS	VGKIKIGSKT	LNRDEHYTID	EPTVDNQNTL	KITFKPEKFK	
msa124060.2{80_18RS21}		KFADGLTYKS	VGKIKIGSKT	LNRDEHYTID	EPTVDNQNTL	KITFKPEKFK	
msa124060.2{80h_CJB110}		KFADGLTYKS	VGKIKIGSKT	LNRDEHYTID	EPTVDNQNTL	KITFKPEKFK	
Consensus		*****	*****	*****	*****	*****	
msa124060.2{80_2603}	301	EIAELLKGMT	LVKNQDALDK	ATANTDDAAF	LEIPVASTIN	EKAVLGKAIK	350
msa124060.2{80_M732}		EIAELLKGMT	LVKNQDALDK	ATANTDDAAF	LEIPVASTIN	EKAVLGKAIK	
msa124060.2{80_A909}		EIAELLKGMT	LVKNQDALDK	ATANTDDAAF	LEIPVASTIN	EKAVLGKAIK	
msa124060.2{80_090}		EIAELLKGMT	LVKNQDALDK	ATANTDDAAF	LEIPVASTIN	EKAVLGKAIK	
msa124060.2{80_M781}		EIAELLKGMT	LVKNQDALDK	ATANTDDAAF	LEIPVASTIN	EKAVLGKAIK	
msa124060.2{80_COH1}		EIAELLKGMT	LVKNQDALDK	ATANTDDAAF	LEIPVASTIN	EKAVLGKAIK	
msa124060.2{801_JM9130013}		EIAELLKGMT	LVKNQDALDK	ATANTDDAAF	LEIPVASTIN	EKAVLGKAIK	
msa124060.2{80_18RS21}		EIAELLKGMT	LVKNQDALDK	ATANTDDAAF	LEIPVASTIN	EKAVLGKAIK	
msa124060.2{80h_CJB110}		EIAELLKGMT	LVKNQDALDK	ATANTDDAAF	LEIPVASTIN	EKAVLGKAIK	
Consensus		*****	*****	*****	*****	*****	
msa124060.2{80_2603}	351	NTFELQYDHT	PKADNPCKPS	NPPRKPEVHT	GGKRFVKKDS	TETQTLGGAE	400
msa124060.2{80_M732}		NTFELQYDHT	PKADNPCKPS	NPPRKPEVHT	GGKRFVKKDS	TETQTLGGAE	
msa124060.2{80_A909}		NTFELQYDHT	PKADNPCKPS	NPPRKPEVHT	GGKRFVKKDS	TETQTLGGAE	
msa124060.2{80_090}		NTFELQYDHT	PKADNPCKPS	NPPRKPEVHT	GGKRFVKKDS	TETQTLGGAE	
msa124060.2{80_M781}		NTFELQYDHT	PKADNPCKPS	NPPRKPEVHT	GGKRFVKKDS	TETQTLGGAE	
msa124060.2{80_COH1}		NTFELQYDHT	PKADNPCKPS	NPPRKPEVHT	GGKRFVKKDS	TETQTLGGAE	
msa124060.2{801_JM9130013}		NTFELQYDHT	PKADNPCKPS	NPPRKPEVHT	GGKRFVKKDS	TETQTLGGAE	
msa124060.2{80_18RS21}		NTFELQYDHT	PKADNPCKPS	NPPRKPEVHT	GGKRFVKKDS	TETQTLGGAE	
msa124060.2{80h_CJB110}		NTFELQYDHT	PKADNPCKPS	NPPRKPEVHT	GGKRFVKKDS	TETQTLGGAE	
Consensus		*****	*****	*****	*****	*****	



Table 87: Comparative Sequences relating to SAG0645

	401			450	
msa124060.2{80_2603}	FDLLASDGTA	VKWTDALIKA	NTNKNYIAGE	AVTGQPIKLK	SHTDGTFEIK
msa124060.2{80_M732}	FDLLASDGTA	VKWTDALIKA	NTNKNYIAGE	AVTGQPIKLK	SHTDGTFEIK
msa124060.2{80_A909}	FDLLASDGTA	VKWTDALIKA	NTNKNYIAGE	AVTGQPIKLK	SHTDGTFEIK
msa124060.2{80_090}	FDLLASDGTA	VKWTDALIKA	NTNKNYIAGE	AVTGQPIKLK	SHTDGTFEIK
msa124060.2{80_M781}	FDLLASDGTA	VKWTDALIKA	NTNKNYIAGE	AVTGQPIKLK	SHTDGTFEIK
msa124060.2{80_COH1}	FDLLASDGTA	VKWTDALIKA	NTNKNYIAGE	AVTGQPIKLK	SHTDGTFEIK
msa124060.2{801_JM9130013}	FDLLASDGTA	VKWTDALIKA	NTNKNYIAGE	AVTGQPIKLK	SHTDGTFEIK
msa124060.2{80_18RS21}	FDLLASDGTA	VKWTDALIKA	NTNKNYIAGE	AVTGQPIKLK	SHTDGTFEIK
msa124060.2{80h_CJB110}	FDLLASDGTA	VKWTDALIKA	NTNKNYIAGE	AVTGQPIKLK	SHTDGTFEIK
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
	451			500	
msa124060.2{80_2603}	GLAYAVDANA	EGTAVTYKLK	ETKAPEGYVI	PDKEIEFTVS	QTSYNTKPTD
msa124060.2{80_M732}	GLAYAVDANA	EGTAVTYKLK	ETKAPEGYVI	PDKEIEFTVS	QTSYNTKPTD
msa124060.2{80_A909}	GLAYAVDANA	EGTAVTYKLK	ETKAPEGYVI	PDKEIEFTVS	QTSYNTKPTD
msa124060.2{80_090}	GLAYAVDANA	EGTAVTYKLK	ETKAPEGYVI	PDKEIEFTVS	QTSYNTKPTD
msa124060.2{80_M781}	GLAYAVDANA	EGTAVTYKLK	ETKAPEGYVI	PDKEIEFTVS	QTSYNTKPTD
msa124060.2{80_COH1}	GLAYAVDANA	EGTAVTYKLK	ETKAPEGYVI	PDKEIEFTVS	QTSYNTKPTD
msa124060.2{801_JM9130013}	GLAYAVDANA	EGTAVTYKLK	ETKAPEGYVI	PDKEIEFTVS	QTSYNTKPTD
msa124060.2{80_18RS21}	GLAYAVDANA	EGTAVTYKLK	ETKAPEGYVI	PDKEIEFTVS	QTSYNTKPTD
msa124060.2{80h_CJB110}	GLAYAVDANA	EGTAVTYKLK	ETKAPEGYVI	PDKEIEFTVS	QTSYNpKPTD
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****_****
	501			550	
msa124060.2{80_2603}	ITVDSADATP	DTIKNNkrps	ipntggigta	ifvaigaavm	afavkgmkr
msa124060.2{80_M732}	ITVDSADATP	DTIKNNkrps	-----	-----	-----
msa124060.2{80_A909}	ITVDSADATP	DTIKNN-----	-----	-----	-----
msa124060.2{80_090}	ITVDSADATP	DTIKNNkrps	-----	-----	-----
msa124060.2{80_M781}	ITVDSADATP	DTIKNNkr--	-----	-----	-----
msa124060.2{80_COH1}	ITVDSADATP	DTIKNNkrps	-----	-----	-----
msa124060.2{801_JM9130013}	ITVDSADATP	DTIKNNkrps	-----	-----	-----
msa124060.2{80_18RS21}	ITVDSADATP	DTIKNNkrps	-----	-----	-----
msa124060.2{80h_CJB110}	ITVDSADATP	DTIKNNkrps	-----	-----	-----
Consensus	*****	*****	-----	-----	-----
	551				
msa124060.2{80_2603}	tkdn				
msa124060.2{80_M732}	----				
msa124060.2{80_A909}	----				
msa124060.2{80_090}	----				
msa124060.2{80_M781}	----				
msa124060.2{80_COH1}	----				
msa124060.2{801_JM9130013}	----				
msa124060.2{80_18RS21}	----				
msa124060.2{80h_CJB110}	----				
Consensus	----				

Table 88: Comparative Sequences relating to SAG0477

SEQ ID NO. 8801

STRAIN 2603

ATGCCTAAGAAGAAATCAGATACCCAGAAAAAGAAGAAGTTGTCTTAACGGAATGGCAA  
 AAGCGTAACCTTGAATTTTAAAAAAACGCAAGAAGATGAAGAAGAACAAAAACGTATT  
 AACGAAAAATTACGCTTAGATAAAAAGAAGTAAATTAATATTTCTCTCTGAAGAACCT  
 CAAAATACTACTAAAAATTAAGAAGCTTCATTTTCCAAGATTCAAGACCTAAGATTGAA  
 AAGAAACAGAAAAAAGAAAAATAGTCAACAGCTTAGCCAAAACCTAATCGCATTAGAACT  
 GCACCTATATTTGTAGTAGCATTCCCTAGTCATTTAGTTTCCGTTTCTCTACTAATCCT  
 TTTAGTAAGCAAAAAACAATAACAGTTAGTGGAAATCAGCATACACCTGATGATATTTTG  
 ATAGAGAAAACGAATATTTCAAAAAACGATTATTTCTTTCTTTAATTTTAAACATAAA  
 GCTATTGAACAACGTTTAGCTGCAGAAGATGTATGGGTAAAAACAGCTCAGATGACTTAT  
 CAATTTCCCAATAAGTTTCATATTCAAGTTCAAGAAATAAGATTATTCATATGCAAT  
 ACAGAGCAAGGATATCAACCTGTCTTGGAACTGGAAGAAAGGCTGATCCTGTAAATAGT  
 TCAGAGCTACCAAGCACTTCTTAACAATTAACCTTGATAAGGAAGATAGTATTAAGCTA  
 TTAATTAAGATTAAAGGCTTTAGACCTGTATTAAATAGTGAGATTCAAGGTGATAAGT  
 TTAGCTGATTCTAAAACGACACCTGACCTCCTGCTGTAGATATGCAGATGGAATAGT  
 ATTAGAATACCATTTATCTAAATTTAAAGAAAGACTTCCCTTTTACAAACAAATTAAGAAG  
 AACCTTAAGGAACCTTCTATTGTGATATGGAAGTGGGAGTTTACACAACAACAAATACC  
 ATTGAATCAACCCCTGTTAAAGCAGAAGATACAAAAATAATCAACTGATAAAACCAA  
 ACACAAAATGGTCAGGTTGCGGAAAATAGTCAAGGACAAACAAATAACTCAAATACTAAT  
 CAACAGGACAAACAGATAGCAACAGAGCAGGCACCTAACCTCAAATGTTAAT

SEQ ID NO. 8802

STRAIN H36B

CCTAAGAAGAAATCAGATACCCAGAAAAAGAAGAAGTT  
 GTCTTAACGGAATGGCAAAAGCGTAACCTTGAATTTTAAAAAAACGCAA  
 AGAAGATGAAGAAGAACAAAAACGTATTACGAAAAATTACGCTTAGATA  
 AAAGAAGTAAATTAATATTTCTCTCTCTGAAGAACCTCAAATACTACT  
 AAAATTAAGAAGCTTCATTTTCCAAGATTCAAGACCTAAGATTGAAAA  
 GAAACAGAAAAAAGAAAAAATAGTCAACAGCTTAGCCAAAACCTAATCGCA  
 TTAGAAGTGCACCTATATTTGTAGTAGCATTCTAGTCATTTTAGTTTCC  
 GTTTTCTCTACTAATCCTTTTAGTAAGCAAAAAACAATAACAGTTAGTGG  
 AAATCAGCATACACCTGATGATATTTGATAGAGAAAACGAATATTCAAA  
 AAAACGATTATTTCTTTCTTTAATTTTAAACATAAAGCTATTGAACAA  
 CGTTTAGCTGCAGAAGATGTATGGGTAAAAACAGCTCAGATGACTTATCA  
 ATTTCCCAATAAGTTTCATATTCAAGTTCAAGAAATAAGATTATTGCAT  
 ATGCACATACAAAGCAAGGATATCAACCTGTCTTGGAACTGGAAAAAAG  
 GCTGATCCTGTAAATAGTTTCAAGAGCTACCAAGCACTTCTTAACAATTAA  
 CCTTGATAAGGAAGATAGTATTAAAGCTATTAAATTAAGATTAAAGGCTT  
 TAGACCTGATTTAATAAGTGAGATTCAAGGTGATAAGTTTAGCTGATTCT  
 AAAACGACACCTGACCTCCTGCTGTAGATATGCACGATGGAATAGTAT  
 TAGAATACCATTTATCTAAATTTAAAGAAAGACTTCCCTTTTACAAACAAA  
 TTAAGAAGAACCTTAAGGAACCTTCTATTGTGATATGGAAGTGGGAGTT  
 TACACAACAACAAATACCATTTGAATCAACCCCTGTTAAAGCAGAAGATAC  
 AAAAAATAATCAACTGATAAAACACAAACACAAAATGGTCAGGTTGCGG  
 AAAATAGTCAAGGACAAACAAATAACTCAATACTAATCAACAGGACAA  
 CAGATAGCAACAGAGCAGGCACCTAACCTCAAATGTTAAT

SEQ ID NO. 8803

STRAIN 18RS21

CCTAAGAAGAAATCAGATACCCAGAAAAAGAAGAAGTT  
 GTCTTAACGGAATGGCAAAAGCGTAACCTTGAATTTTAAAAAAACGCAA  
 AGAAGATGAAGAAGAACAAAAACGTATTACGAAAAATTACGCTTAGATA  
 AAAGAAGTAAATTAATATTTCTCTCTCTGAAGAACCTCAAATACTACT  
 AAAATTAAGAAGCTTCATTTTCCAAGATTCAAGACCTAAGATTGAAAA  
 GAAACAGAAAAAAGAAAAAATAGTCAACAGCTTAGCCAAAACCTAATCGCA  
 TTAGAAGTGCACCTATATTTGTAGTAGCATTCTAGTCATTTTAGTTTCC  
 GTTTTCTCTACTAATCCTTTTAGTAAGCAAAAAACAATAACAGTTAGTGG  
 AAATCAGCATACACCTGATGATATTTGATAGAGAAAACGAATATTCAAA  
 AAAACGATTATTTCTTTCTTTAATTTTAAACATAAAGCTATTGAACAA  
 CGTTTAGCTGCAGAAGATGTATGGGTAAAAACAGCTCAGATGACTTATCA  
 ATTTCCCAATAAGTTTCATATTCAAGTTCAAGAAATAAGATTATTGCAT  
 ATGCACATACAAAGCAAGGATATCAACCTGTCTTGGAACTGGAAAAAAG  
 GCTGATCCTGTAAATAGTTTCAAGAGCTACCAAGCACTTCTTAACAATTAA  
 CCTTGATAAGGAAGATAGTATTAAAGCTATTAAATTAAGATTAAAGGCTT  
 TAGACCTGATTTAATAAGTGAGATTCAAGGTGATAAGTTTAGCTGATTCT  
 AAAACGACACCTGACCTCCTGCTGTAGATATGCACGATGGAATAGTAT  
 TAGAATACCATTTATCTAAATTTAAAGAAAGACTTCCCTTTTACAAACAAA  
 TTAAGAAGAACCTTAAGGAACCTTCTATTGTGATATGGAAGTGGGAGTT  
 TACACAACAACAAATACCATTTGAATCAACCCCTGTTAAAGCAGAAGATAC  
 AAAAAATAATCAACTGATAAAACACAAACACAAAATGGTCAGGTTGCGG  
 AAAATAGTCAAGGACAAACAAATAACTCAATACTAATCAACAGGACAA  
 CAGATAGCAACAGAGCAGGCACCTAACCTCAAATGTTAAT

SEQ ID NO. 8804

STRAIN M732

CCTAAGAAGAAATCAGATACCCAGAAAAAGAAGAAG  
 TTGCTTTAACGGAATGGCAAAAGCGTAACCTTGAATTTTAAAAAAACGCG  
 AAAGAAGATGAAGAAGAACAAAAACGTATTACGAAAAATTACGCTTAGA  
 TAAAAGAGTAAATTAATATTTCTCTCTCTGAAGAACCTCAAATACTA  
 CTAATAATTAAGAAGCTTCATTTTCCAAGATTCAAAACCTAAGATTGAA  
 AAGAAACAGAAAAAAGAAAAAATAGTCAACAGCTTAGCCAAAACCTAATCG  
 CATTAGAAGTGCACCTATATTTGTAGTAGCATTCTAGTCATTTTAGTTT

Table 88: Comparative Sequences relating to SAG0477

CCGTTTTCTACTAAGTCTTTTAGTAAGCAAAAAACAATAACAGTTAGT  
 GGAAATCAGCATACACCTGATGATATTTTGATAGAAAAACGAATATTCA  
 AAAAAACGATTATTTCTTTCTTTAATTTTAAACATAAAGCTATTGAAC  
 AACGTTTAGCTGCAGAAGATGTATGGGTAAAAACAGCTCAGATGACTTAT  
 CAATTTCCCAATAAGTTTCATATTCAAGTTCAAGAAAAATAAGATTATTGC  
 ATATGCACATACAAAGCAAGGATATCAGCCTGTCTTGGAACTGGAAAAA  
 AGGCTGATCCTGTAAATAGTTTCAGAGCTACCAAGCACTTCTTAACAATT  
 AACCTTGATAAGGAAGATAGTATTAGCTATTAAATTAAGATTTAAAGGC  
 TTTAGACCTGATTAAATAAGTGAGATTGAGGTGATAAGTTTAGCTGATT  
 CTAAACGACACCTGACCTCCTGCTGTAGATATGCATGATGGAAATAGT  
 ATTAGAATACCATTTATCTAAATTTAAAGAAAGACTTCTTTTACAAACA  
 AATTAAGAAGAACCTTAAGGAACCTTCTATTGTGATATGGAAGTGGAG  
 TTTACACAACAAGTACTATTGAATCAACCCCTGTGAAAGCGGAAGAT  
 AAAAAAATAAATCACTGATAAAACACAAACAAAAATGGTCAGGTTGC  
 GGAAATAGTCAAGGACAAACAAATAAATCAATACTAATCAACAAGGAC  
 AACAGATAGCAACAGAGCAGGCACCCACCTCAAAATGTTAAT

SEQ ID NO. 8805

STRAIN COH1

CCTAAGAAGAAATCAGATACCCAGAAAAAGAAGTT  
 GTCTTAACGGAATGGCAAAAGCGTAACCTTGAATTTTAAAAAACGCAA  
 AGAAGATGAAGAAGAACAAAAACGTTAAGCAAAAAATTACGCTTAGATA  
 AAAGAAGTAAATTAATATTCTTCTCCTGAAGAACCTCAAAATACTACT  
 AAAATTAAGAAGCTTCATTTTCCAAAGATTTCAAAACCTAAGATTGAAA  
 GAAACAGAAAAAAGAAAAAATAGTCAACAGCTTAGCCAAAATAATCGCA  
 TTAGAAGTGCACCTATATTTGTAGTAGCATTCTAGTCATTTTAGTTTCC  
 GTTTTCTACTAAGTCTTTTAGTAAGCAAAAAACAATAACAGTTTAGTGG  
 AAATCAGCATACACCTGATGATATTTTGATAGAAAAACGAATATTCAAA  
 AAAACGATTATTTCTTTCTTTAATTTTAAACATAAAGCTATTGAACAA  
 CGTTTAGCTGCAGAAGATGTATGGGTAAAAACAGCTCAGATGACTTATCA  
 ATTTCCCAATAAGTTTCATATTCAAGTTCAAGAAAAATAAGATTATTGCAT  
 ATGCACATACAAAGCAAGGATATCAGCCTGTCTTGGAACTGGAAAAAAG  
 GCTGATCCTGTAAATAGTTTCAGAGCTACCAAGCACTTCTTAACAATTAA  
 CCTTGATAAGGAAGATAGTATTAGCTATTAAATTAAGATTTAAAGGCTT  
 TAGACCTGATTAAATAAGTGAGATTGAGGTGATAAGTTTAGCTGATTCT  
 AAAACGACACCTGACCTCCTGCTGTAGATATGCATGATGGAAATAGTAT  
 TAGAATACCATTTATCTAAATTTAAAGAAAGACTTCTTTTACAAACAAA  
 TTAAGAAGAACCTTAAGGAACCTTCTATTGTGATATGGAAGTGGAGTT  
 TACACAACAACAGTACTATTGAATCAACCCCTGTGAAAGCGGAAGATAC  
 AAAAAATAAATCACTGATAAAACACAAACAAAAATGGTCAGGTTGCGG  
 AAAATAGTCAAGGACAAACAAATAAATCAATACTAATCAACAAGGACAA  
 CAGATAGCAACAGAGCAGGCACCCACCTCAAAATGTTAAT

SEQ ID NO. 8806

STRAIN M781

CCTAAGAAGAAATCAGATACCCAGAAAAAGAAG  
 TTGTCTTAACGGAATGGCAAAAGCGTAACCTTGAATTTTAAAAAACGCG  
 AAAGAAGATGAAGAAGAACAAAAACGTTAAGCAAAAAATTACGCTTAGA  
 TAAAGAAGTAAATTAATATTCTTCTCCTGAAGAACCTCAAAATACTA  
 CTAAATTAAGAAGCTTCATTTTCCAAAGATTTCAAAACCTAAGATTGAA  
 AAGAAACAGAAAAAAGAAAAAATAGTCAACAGCTTAGCCAAAATAATCG  
 CATTAGAAGTGCACCTATATTTGTAGTAGCATTCTAGTCATTTTAGTTT  
 CCGTTTCTACTAAGTCTTTTAGTAAGCAAAAAACAATAACAGTTAGT  
 GGAAATCAGCATACACCTGATGATATTTTGATAGAAAAACGAATATTCA  
 AAAAAACGATTATTTCTTTCTTTAATTTTAAACATAAAGCTATTGAAC  
 AACGTTTAGCTGCAGAAGATGTATGGGTAAAAACAGCTCAGATGACTTAT  
 CAATTTCCCAATAAGTTTCATATTCAAGTTCAAGAAAAATAAGATTATTGC  
 ATATGCACATACAAAGCAAGGATATCAGCCTGTCTTGGAACTGGAAAAA  
 AGGCTGATCCTGTAAATAGTTTCAGAGCTACCAAGCACTTCTTAACAATT  
 AACCTTGATAAGGAAGATAGTATTAGCTATTAAATTAAGATTTAAAGGC  
 TTTAGACCTGATTAAATAAGTGAGATTGAGGTGATAAGTTTAGCTGATT  
 CTAAACGACACCTGACCTCCTGCTGTAGATATGCATGATGGAAATAGT  
 ATTAGAATACCATTTATCTAAATTTAAAGAAAGACTTCTTTTACAAACA  
 AATTAAGAAGAACCTTAAGGAACCTTCTATTGTGATATGGAAGTGGAG  
 TTTACACAACAACAGTACTATTGAATCAACCCCTGTGAAAGCGGAAGAT  
 AAAAAAATAAATCACTGATAAAACACAAACAAAAATGGTCAGGTTGCGG  
 GGAAATAGTCAAGGACAAACAAATAAATCAATACTAATCAACAAGGAC  
 AACAGATAGCAACAGAGCAGGCACCCACCTCAAAATGTTAAT

SEQ ID NO. 8807

STRAIN CJB110

CCTAAGAAGAAATCAGATACCCAGAAAAAGAAG  
 TTGTCTTAACGGAATGGCAAAAGCGTAACCTTGAATTTTAAAAAACGCG  
 AAAGAAGATGAAGAAGAACAAAAACGTTAAGCAAAAAATTACGCTTAGA  
 TAAAGAAGTAAATTAATATTCTTCTCCTGAAGAACCTCAAAATACTA  
 CTAAATTAAGAAGCTTCATTTTCCAAAGATTTCAAAACCTAAGATTGAA  
 AAGAAACAGAAAAAAGAAAAAATAGTCAACAGCTTAGCCAAAATAATCG  
 CATTAGAAGTGCACCTATATTTGTAGTAGCATTCTAGTCATTTTAGTTT  
 CCGTTTCTACTAAGTCTTTTAGTAAGCAAAAAACAATAACAGTTAGT  
 GGAAATCAGCATACACCTGATGATATTTTGATAGAAAAACGAATATTCA  
 AAAAAACGATTATTTCTTTCTTTAATTTTAAACATAAAGCTATTGAAC  
 AACGTTTAGCTGCAGAAGATGTATGGGTAAAAACAGCTCAGATGACTTAT  
 CAATTTCCCAATAAGTTTCATATTCAAGTTCAAGAAAAATAAGATTATTGC

Table 88: Comparative Sequences relating to SAG0477

ATATGTCACATACAAAGCAAGGATATCAGCCTGTCTTGGAAGCTGGAAAAA  
 AGGCTGATCCTGTAAATAGTTTACAGAGCTACCAAAGCACTTCTTAACAATT  
 AACCTTGATAAGGAAGATAGTATTAAAGCTATTAAATTAAGATTTAAAGGC  
 TTTAGACCCTGATTTAATAAGTGAGATTCAGGTGATAAGTTTAGCTGATT  
 CTAAAACGACACCTGACCTCCTGCTGTTAGATATGCATGATGGAAATAGT  
 ATTAGAATACCATTTATCTAAATTTAAAGAAAGACTTCCTTTTACAAACA  
 AATTAAGAAGAACCTTAAGGAACCTTCTATTGTTGATATGGAAGTGGGAG  
 TTTACACAACAACAGTACTATTGAATCAACCCCTGTGAAAGCGGAAGAT  
 ACAAAAAATAAATCAACTGATAAAACACAAACACAAATGGTCAGGTTCG  
 GGAAATAGTCAAGGACAAACAAATAACTCAAATACTAATCAACAAGGAC  
 AACAGATAGCAACAGAGCAGGCACCCACCTCAAATGTTAAT

SEQ ID NO. 8808

STRAIN 1169NT

CCTAAGAAGAAATCAGATACCCAGAAAAAGAAGAT  
 TGTCTTAACGGAATGGCAAAAGCGTAACCTTGAATTTTAAAAAAACGCA  
 AAGAGATGAAGAAAGCAAAAACGTATTACGAAAAATTACGCTTAGAT  
 AAAAGAAGTAAATTAATATTTCTTCTCTGAAGAACCTCAAATACTAC  
 TAAATTAAGAAGCTTCATTTTCCAAGATTTCAAACCTAAGATTGAAA  
 AGAAACAGAAAAAGAAAAATAGTCAACAGCTTAGCCAAAATAATCGC  
 ATTAGAAGCTGCACCTATATTTATAGTAGCATTCCTAGTCATTTTAGTTTC  
 CGTTTTCTACTAATCCTTTTAGTAAGCAAAAAACAATAACAGTTAGTG  
 GAAATCAGCATACACCTGATGATATTTGATAGAGAAAACGAATATTCAA  
 AAAACGATTTATTTCTTTCTTTAATTTTAAACATAAAGCTATTGAACA  
 ACGTTTAGCTGCAGAGATGTATGGGTAAAAACAGCTCAGATGACTTATC  
 AATTTCCCAACAAGTTTCATATTCAAGTTCAAGAAAAAAGATTATTGCA  
 TATGCACATACAAAGCAAGGATATCAGCCTGTCTTGGAAGCTGGAAAAA  
 GGCTGATCCTGTAAATAGTTTCAAGCTACCAAAGCACTTCTTAACAATT  
 ACCTTGATAAGGAAGATAGTATTAAAGCTATTAAATTAAGATTTAAAGGCT  
 TTAGACCTGATTTAATAAGTGAGATTCAGGTGATAAGTTTAGCTGATTTC  
 TAAACGACACCTGACCTCCTGCTGTTAGATATGCACGATGGAAATAGTA  
 TTAGAATACCATTTATCTAAATTTAAAGAAAGACTTCCTTTTACAAACAA  
 ATTAAGAAGAACCTTAAGGAACCTTCTATTGTTGATATGGAAGTGGGAGT  
 TTACACAACAACAGTACTATTGAATCAACCCCTGTGAAAGCGGAAGATA  
 CAAAAATAAATCAACTGATAAAACACAAACCAAATGGTCAGGTTCGG  
 GAAATAGTCAAGGACAAACAAATAACTCAAATACTAATCAACAAGGACA  
 ACAACAGATAGCAACGAGCAGGCACCCACCTCAAATGTTAAT

SEQ ID NO. 8809

STRAIN JM9130013

CCTAAGAAGAAATCAGATACCCAGAAAAAGAAGAT  
 GTCTTAACGGAATGGCAAAAGCGTAACCTTGAATTTTAAAAAAACGCA  
 AGAAGATGAAGAAAGCAAAAACGTATTACGAAAAATTACGCTTAGATA  
 AAAGAAGTAAATTAATATTTCTTCTCTGAAGAACCTCAAATACTACT  
 AAAATTAAGAAGCTTCATTTTCCAAGATTTCAAGACCTAAGATTGAAA  
 GAAACAGAAAAAGAAAAATAGTCAACAGCTTAGCCAAAATAATCGCA  
 TTAGAACTGCACCTATATTTGTAGTAGCATTCCTAGTCATTTTAGTTTC  
 GTTTTCTACTAATCCTTTTAGTAAGCAAAAAACAATAACAGTTAGTGG  
 AAATCAGCATACACCTGATGATATTTGATAGAGAAAACGAATATTCAAA  
 AAAACGATTTATTTCTTTCTTTAATTTTAAACATAAAGCTATTGAACAA  
 CGTTTAGCTGCAGAGATGTATGGGTAAAAACAGCTCAGATGACTTATCA  
 ATTTCCCAATAAGTTTCATATTCAAGTTCAAGAAAAAAGATTATTGCA  
 ATGCACATACAAAGCAAGGATATCAACCTGTCTTGGAAGCTGGAAAAAAG  
 GCTGATCCTGTAAATAGTTTCAAGCTACCAAAGCACTTCTTAACAATTAA  
 CCTTGATAAGGAAGATAGTATTAAAGCTATTAAATTAAGATTTAAAGGCT  
 TAGACCTGATTTAATAAGTGAGATTCAGGTGATAAGTTTAGCTGATTCT  
 AAAACGACACCTGACCTCCTGCTGTTAGATATGCACGATGGAAATAGTAT  
 TAGAATACCATTTATCTAAATTTAAAGAAAGACTTCCTTTTACAAACAA  
 TTAAGAAGAACCTTAAGGAACCTTCTATTGTTGATATGGAAGTGGGAGTT  
 TACACAACAACAATACCATTTGAATCAACCCCTGTAAAGCAGAAGATAC  
 AAAAAATAAATCAACTGATAAAACACAAACCAAATGGTCAGGTTCGG  
 AAAATAGTCAAGGACAAACAAATAACTCAAATACTAATCAACAAGGACA  
 CAGATAGCAACAGAGCAGGCACCTAACCTCAAATGTTAAT

SEQ ID NO. 8810

STRAIN A909

CCTAAGAAGAAATCAGATACCCAGAAAAAGAAGATTGTC  
 TTAACGGAATGGCAAAAGCGTAACCTTGAATTTTAAAAAAACGCAAGA  
 AGATGAAGAAAGCAAAAACGTATTACGAAAAATTACGCTTAGATAAAA  
 GAAGTAAATTAATATTTCTTCTCTGAAGAACCTCAAATACTACTAAA  
 ATTAAGAAGCTTCATTTTCCAAGATTTCAAGACCTAAGATTGAAAAGAA  
 ACAGAAAAAGAAAAATAGTCAACAGCTTAGCCAAAATAATCGCATTA  
 GAACTGCACCTATATTTGTAGTAGCATTCCTAGTCATTTTAGTTTCGGTT  
 TTCTACTAATCCTTTTAGTAAGCAAAAAACAATAACAGTTAGTGGAAA  
 TCAGCATACACCTGATGATATTTGATAGAGAAAACGAATATTCAAAAA  
 ACGATTATTTCTTTCTTTAATTTTAAACATAAAGCTATTGAACAACGT  
 TTAGCTGCAGAGATGTATGGGTAAAAACAGCTCAGATGACTTATCAATT  
 TCCCAATAAGTTTCATATTCAAGTTCAAGAAAAAAGATTATTGCAATAG  
 CACATACAAAGCAAGGATATCAACCTGTCTTGGAAGCTGGAAAAAAGCT  
 GATCCTGTAATAGTTTCAAGCTACCAAAGCACTTCTTAACAATTAACT  
 TGATAAGGAGATAGTATTAAAGCTATTAAATTAAGATTTAAAGGCTTAG  
 ACCCTGATTTAATAAGTGAGATTCAGGTGATAAGTTTAGCTGATTCTAAA  
 ACGACACCTGACCTCCTGCTGTTAGATATGCACGATGGAAATAGTATTAA

Table 88: Comparative Sequences relating to SAG0477

AATACCATTATCTAAATTTAAAGAAAGACTTCCTTTTACAAACAAATTA  
 AGAAGAACCTTAAGGAACCTTCTATTGTTGATATGGAGTGGGAGTTTAC  
 ACAACAAACAAATACCATTAATCAACCCCTGTAAAGCAGAAGATACAAA  
 AAATAAATCAACTGATAAAACACAAACACAAAATGGTCAGGTTGCGGAAA  
 ATAGTCAAGGACAAACAAATACTCAATATACTAATCAACAAGGACACAG  
 ATAGCAACAGAGCAGGCACCTAACCCCTCAAATGTTAAT

SEQ ID NO. 8811

STRAIN 090

TAAGAAGAAATCAGATACCCAGAAAAAGAAAGTTGTCTTAACCGAAT  
 GGCAAAAGCGTAACCTTGAATTTTAAAAAAGCAAGAAAGATGAAGAA  
 GAACAAAAACGTATTACGAAAAATTACGCTTAGATAAAAGAAAGTaaATT  
 AAATATTCTCTCTGAGAAACCTCAAAATACTACTAAAATTAAAGAGC  
 TTCAATTTCCAAAGATTTCAAAACCTAAGATTGAAAGAAACAGAAAAAA  
 GAAAAAATAGTCAACAGCTTAGCCAAAATAATCGCATTAGAACTGCACC  
 TATATTGTAGTAGCATTCTAGTCATTTTAGTTTCCGTTTCTCTACTAA  
 CTCCTTTTAGTAAGCAAAAAACAATAACAGTTAGTGGAAATCAGCATACA  
 CTGATGATATTTTATAGAAAAAAGCAATATTCAAAAAACGATTATTT  
 CTTTCTTTAATTTTAAACATAAAGCTATTGAACAAACGTTTAGCTGCAG  
 AAGATGTATGGGTAACAAACAGCTCAGATGACTTATCAATTTCCCAATAAG  
 TTTTATATTCAAGTTCAAGAAAAATAAGATTATTGCATATGCACATACAAA  
 GCAAGGATATCAGCCCTGTCTGGAAACCTGAAAAAAGGCTGATCCTGTAA  
 ATAGTTTCAAGAGCTACCAAGCACTTCTTAACAATTAACTTGATAAGGAA  
 GATAGTATTAAGCTATTAATTAAGATTAAAGGCTTTAGACCCCTGATT  
 AATAAGTGAGATTCAAGGTGATAAGTTTAGCTGATTCTAAAAACGACCTG  
 ACCTCCTGCTGTAGATATGCATGATGGAAATAGTATTAGAATACCATTA  
 TCTAAATTTAAAGAAAGACTTCCTTTTACAAACAAATTAAGAAAGAACT  
 TAAGGAACCTTCTATTTGTTGATATGGAAGTGGGAGTTTACACAAACAA  
 GTACTATTGAATCAACCCCTGTGAAAGCGGAAGATACAAAAAATAATCA  
 ACTGATAAAACACAAACAAAAATGGTCAGGTTGCGGAAATAGTCAAGG  
 ACAACAAATAACTCAATATACTAATCAACAAGGACAAACAGATAGCAACAG  
 AGCAGGCACCCCAACCTCAAATGTTAAT

PRETTY of: /biotmp/msa24691.2(\*) August 5, 2002 05:14 ..

	1		50
msa252409.2{85_090.con}	--TAAGAAGA	AATCAGATAC	CCCAGAAAAA GAAGAAGTTG TCCTAACGGA
msa252409.2{85_CJB110}	CCTAAGAAGA	AATCAGATAC	CCCAGAAAAA GAAGAAGTTG TCCTAACGGA
msa252409.2{85_COH1}	CCTAAGAAGA	AATCAGATAC	CCCAGAAAAA GAAGAAGTTG TCCTAACGGA
msa252409.2{85_M732}	CCTAAGAAGA	AATCAGATAC	CCCAGAAAAA GAAGAAGTTG TCCTAACGGA
msa252409.2{85_M781}	CCTAAGAAGA	AATCAGATAC	CCCAGAAAAA GAAGAAGTTG TCCTAACGGA
msa252409.2{85_18RS21}	CCTAAGAAGA	AATCAGATAC	CCCAGAAAAA GAAGAAGTTG TCCTAACGGA
msa252409.2{85_2603}	CCTAAGAAGA	AATCAGATAC	CCCAGAAAAA GAAGAAGTTG TCCTAACGGA
msa252409.2{85_A909}	CCTAAGAAGA	AATCAGATAC	CCCAGAAAAA GAAGAAGTTG TCCTAACGGA
msa252409.2{85_H36B}	CCTAAGAAGA	AATCAGATAC	CCCAGAAAAA GAAGAAGTTG TCCTAACGGA
msa252409.2{85_JM9130013}	CCTAAGAAGA	AATCAGATAC	CCCAGAAAAA GAAGAAGTTG TCCTAACGGA
msa252409.2{85_1169NT}	CCTAAGAAGA	AATCAGATAC	CCCAGAAAAA GAAGAAGTTG TCCTAACGGA
Consensus	*****	*****	*****

	51		100
msa252409.2{85_090.con}	ATGGCAAAAG	CGTAACCTTG	AATTTTTTAA AAAACGCAAA GAAGATGAAG
msa252409.2{85_CJB110}	ATGGCAAAAG	CGTAACCTTG	AATTTTTTAA AAAACGCAAA GAAGATGAAG
msa252409.2{85_COH1}	ATGGCAAAAG	CGTAACCTTG	AATTTTTTAA AAAACGCAAA GAAGATGAAG
msa252409.2{85_M732}	ATGGCAAAAG	CGTAACCTTG	AATTTTTTAA AAAACGCAAA GAAGATGAAG
msa252409.2{85_M781}	ATGGCAAAAG	CGTAACCTTG	AATTTTTTAA AAAACGCAAA GAAGATGAAG
msa252409.2{85_18RS21}	ATGGCAAAAG	CGTAACCTTG	AATTTTTTAA AAAACGCAAA GAAGATGAAG
msa252409.2{85_2603}	ATGGCAAAAG	CGTAACCTTG	AATTTTTTAA AAAACGCAAA GAAGATGAAG
msa252409.2{85_A909}	ATGGCAAAAG	CGTAACCTTG	AATTTTTTAA AAAACGCAAA GAAGATGAAG
msa252409.2{85_H36B}	ATGGCAAAAG	CGTAACCTTG	AATTTTTTAA AAAACGCAAA GAAGATGAAG
msa252409.2{85_JM9130013}	ATGGCAAAAG	CGTAACCTTG	AATTTTTTAA AAAACGCAAA GAAGATGAAG
msa252409.2{85_1169NT}	ATGGCAAAAG	CGTAACCTTG	AATTTTTTAA AAAACGCAAA GAAGATGAAG
Consensus	*****	*****	*****

	101		150
msa252409.2{85_090.con}	AAGAACAATA	ACGTATTAAAC	GAAAAATTAC GCTTAGATAA AAGAAGTAAA
msa252409.2{85_CJB110}	AAGAACAATA	ACGTATTAAAC	GAAAAATTAC GCTTAGATAA AAGAAGTAAA
msa252409.2{85_COH1}	AAGAACAATA	ACGTATTAAAC	GAAAAATTAC GCTTAGATAA AAGAAGTAAA
msa252409.2{85_M732}	AAGAACAATA	ACGTATTAAAC	GAAAAATTAC GCTTAGATAA AAGAAGTAAA
msa252409.2{85_M781}	AAGAACAATA	ACGTATTAAAC	GAAAAATTAC GCTTAGATAA AAGAAGTAAA
msa252409.2{85_18RS21}	AAGAACAATA	ACGTATTAAAC	GAAAAATTAC GCTTAGATAA AAGAAGTAAA
msa252409.2{85_2603}	AAGAACAATA	ACGTATTAAAC	GAAAAATTAC GCTTAGATAA AAGAAGTAAA
msa252409.2{85_A909}	AAGAACAATA	ACGTATTAAAC	GAAAAATTAC GCTTAGATAA AAGAAGTAAA
msa252409.2{85_H36B}	AAGAACAATA	ACGTATTAAAC	GAAAAATTAC GCTTAGATAA AAGAAGTAAA
msa252409.2{85_JM9130013}	AAGAACAATA	ACGTATTAAAC	GAAAAATTAC GCTTAGATAA AAGAAGTAAA
msa252409.2{85_1169NT}	AAGAACAATA	ACGTATTAAAC	GAAAAATTAC GCTTAGATAA AAGAAGTAAA
Consensus	*****	*****	*****

	151		200
msa252409.2{85_090.con}	TTAAATATTT	CTTCTCCTGA	AGAACCTCAA AATACTACTA AAATTAAGAA
msa252409.2{85_CJB110}	TTAAATATTT	CTTCTCCTGA	AGAACCTCAA AATACTACTA AAATTAAGAA
msa252409.2{85_COH1}	TTAAATATTT	CTTCTCCTGA	AGAACCTCAA AATACTACTA AAATTAAGAA
msa252409.2{85_M732}	TTAAATATTT	CTTCTCCTGA	AGAACCTCAA AATACTACTA AAATTAAGAA

Table 88: Comparative Sequences relating to SAG0477

msa252409.2{85_M781}	TTAAATATTT	CTTCTCCTGA	AGAACCTCAA	AATACTACTA	AAATTAAGAA
msa252409.2{85_18RS21}	TTAAATATTT	CTTCTCCTGA	AGAACCTCAA	AATACTACTA	AAATTAAGAA
msa252409.2{85_2603}	TTAAATATTT	CTTCTCCTGA	AGAACCTCAA	AATACTACTA	AAATTAAGAA
msa252409.2{85_A909}	TTAAATATTT	CTTCTCCTGA	AGAACCTCAA	AATACTACTA	AAATTAAGAA
msa252409.2{85_H36B}	TTAAATATTT	CTTCTCCTGA	AGAACCTCAA	AATACTACTA	AAATTAAGAA
msa252409.2{85_JM9130013}	TTAAATATTT	CTTCTCCTGA	AGAACCTCAA	AATACTACTA	AAATTAAGAA
msa252409.2{85_1169NT}	TTAAATATTT	CTTCTCCTGA	AGAACCTCAA	AATACTACTA	AAATTAAGAA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
201					
msa252409.2{85_090.con}	GCTTCATTTT	CCAAAGATTT	CAAAACCTAA	GATTGAAAAG	AAACAGAAAA
msa252409.2{85_CJB110}	GCTTCATTTT	CCAAAGATTT	CAAAACCTAA	GATTGAAAAG	AAACAGAAAA
msa252409.2{85_COH1}	GCTTCATTTT	CCAAAGATTT	CAAAACCTAA	GATTGAAAAG	AAACAGAAAA
msa252409.2{85_M732}	GCTTCATTTT	CCAAAGATTT	CAAAACCTAA	GATTGAAAAG	AAACAGAAAA
msa252409.2{85_M781}	GCTTCATTTT	CCAAAGATTT	CAAAACCTAA	GATTGAAAAG	AAACAGAAAA
msa252409.2{85_18RS21}	GCTTCATTTT	CCAAAGATTT	CAAAACCTAA	GATTGAAAAG	AAACAGAAAA
msa252409.2{85_2603}	GCTTCATTTT	CCAAAGATTT	CAAAACCTAA	GATTGAAAAG	AAACAGAAAA
msa252409.2{85_A909}	GCTTCATTTT	CCAAAGATTT	CAAAACCTAA	GATTGAAAAG	AAACAGAAAA
msa252409.2{85_H36B}	GCTTCATTTT	CCAAAGATTT	CAAAACCTAA	GATTGAAAAG	AAACAGAAAA
msa252409.2{85_JM9130013}	GCTTCATTTT	CCAAAGATTT	CAAAACCTAA	GATTGAAAAG	AAACAGAAAA
msa252409.2{85_1169NT}	GCTTCATTTT	CCAAAGATTT	CAAAACCTAA	GATTGAAAAG	AAACAGAAAA
Consensus	*****	*****	***-*****	*****	*****
251					
msa252409.2{85_090.con}	AAGAAAAAAT	AGTCAACAGC	TTAGCCAAAA	CTAATCGCAT	TAGAACTGCA
msa252409.2{85_CJB110}	AAGAAAAAAT	AGTCAACAGC	TTAGCCAAAA	CTAATCGCAT	TAGAACTGCA
msa252409.2{85_COH1}	AAGAAAAAAT	AGTCAACAGC	TTAGCCAAAA	CTAATCGCAT	TAGAACTGCA
msa252409.2{85_M732}	AAGAAAAAAT	AGTCAACAGC	TTAGCCAAAA	CTAATCGCAT	TAGAACTGCA
msa252409.2{85_M781}	AAGAAAAAAT	AGTCAACAGC	TTAGCCAAAA	CTAATCGCAT	TAGAACTGCA
msa252409.2{85_18RS21}	AAGAAAAAAT	AGTCAACAGC	TTAGCCAAAA	CTAATCGCAT	TAGAACTGCA
msa252409.2{85_2603}	AAGAAAAAAT	AGTCAACAGC	TTAGCCAAAA	CTAATCGCAT	TAGAACTGCA
msa252409.2{85_A909}	AAGAAAAAAT	AGTCAACAGC	TTAGCCAAAA	CTAATCGCAT	TAGAACTGCA
msa252409.2{85_H36B}	AAGAAAAAAT	AGTCAACAGC	TTAGCCAAAA	CTAATCGCAT	TAGAACTGCA
msa252409.2{85_JM9130013}	AAGAAAAAAT	AGTCAACAGC	TTAGCCAAAA	CTAATCGCAT	TAGAACTGCA
msa252409.2{85_1169NT}	AAGAAAAAAT	AGTCAACAGC	TTAGCCAAAA	CTAATCGCAT	TAGAACTGCA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
301					
msa252409.2{85_090.con}	CCTATATTtg	TAGTAGCATT	CCTAGTCATT	TTAGTTTCCG	TTTTCTTACT
msa252409.2{85_CJB110}	CCTATATTtg	TAGTAGCATT	CCTAGTCATT	TTAGTTTCCG	TTTTCTTACT
msa252409.2{85_COH1}	CCTATATTtg	TAGTAGCATT	CCTAGTCATT	TTAGTTTCCG	TTTTCTTACT
msa252409.2{85_M732}	CCTATATTtg	TAGTAGCATT	CCTAGTCATT	TTAGTTTCCG	TTTTCTTACT
msa252409.2{85_M781}	CCTATATTtg	TAGTAGCATT	CCTAGTCATT	TTAGTTTCCG	TTTTCTTACT
msa252409.2{85_18RS21}	CCTATATTtg	TAGTAGCATT	CCTAGTCATT	TTAGTTTCCG	TTTTCTTACT
msa252409.2{85_2603}	CCTATATTtg	TAGTAGCATT	CCTAGTCATT	TTAGTTTCCG	TTTTCTTACT
msa252409.2{85_A909}	CCTATATTtg	TAGTAGCATT	CCTAGTCATT	TTAGTTTCCG	TTTTCTTACT
msa252409.2{85_H36B}	CCTATATTtg	TAGTAGCATT	CCTAGTCATT	TTAGTTTCCG	TTTTCTTACT
msa252409.2{85_JM9130013}	CCTATATTtg	TAGTAGCATT	CCTAGTCATT	TTAGTTTCCG	TTTTCTTACT
msa252409.2{85_1169NT}	CCTATATTta	TAGTAGCATT	CCTAGTCATT	TTAGTTTCCG	TTTTCTTACT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
351					
msa252409.2{85_090.con}	AACCTCCTTTT	AGTAAGCAAA	AAACAATAAC	AGTTAGTGGA	AATCAGCATA
msa252409.2{85_CJB110}	AACCTCCTTTT	AGTAAGCAAA	AAACAATAAC	AGTTAGTGGA	AATCAGCATA
msa252409.2{85_COH1}	AACCTCCTTTT	AGTAAGCAAA	AAACAATAAC	AGTTAGTGGA	AATCAGCATA
msa252409.2{85_M732}	AACCTCCTTTT	AGTAAGCAAA	AAACAATAAC	AGTTAGTGGA	AATCAGCATA
msa252409.2{85_M781}	AACCTCCTTTT	AGTAAGCAAA	AAACAATAAC	AGTTAGTGGA	AATCAGCATA
msa252409.2{85_18RS21}	AACCTCCTTTT	AGTAAGCAAA	AAACAATAAC	AGTTAGTGGA	AATCAGCATA
msa252409.2{85_2603}	AACCTCCTTTT	AGTAAGCAAA	AAACAATAAC	AGTTAGTGGA	AATCAGCATA
msa252409.2{85_A909}	AACCTCCTTTT	AGTAAGCAAA	AAACAATAAC	AGTTAGTGGA	AATCAGCATA
msa252409.2{85_H36B}	AACCTCCTTTT	AGTAAGCAAA	AAACAATAAC	AGTTAGTGGA	AATCAGCATA
msa252409.2{85_JM9130013}	AACCTCCTTTT	AGTAAGCAAA	AAACAATAAC	AGTTAGTGGA	AATCAGCATA
msa252409.2{85_1169NT}	AACCTCCTTTT	AGTAAGCAAA	AAACAATAAC	AGTTAGTGGA	AATCAGCATA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
401					
msa252409.2{85_090.con}	CACCTGATGA	TATTTTGATA	GaAAAAACGA	ATATTCAAAA	AAACGATTAT
msa252409.2{85_CJB110}	CACCTGATGA	TATTTTGATA	GaAAAAACGA	ATATTCAAAA	AAACGATTAT
msa252409.2{85_COH1}	CACCTGATGA	TATTTTGATA	GaAAAAACGA	ATATTCAAAA	AAACGATTAT
msa252409.2{85_M732}	CACCTGATGA	TATTTTGATA	GaAAAAACGA	ATATTCAAAA	AAACGATTAT
msa252409.2{85_M781}	CACCTGATGA	TATTTTGATA	GaAAAAACGA	ATATTCAAAA	AAACGATTAT
msa252409.2{85_18RS21}	CACCTGATGA	TATTTTGATA	GaAAAAACGA	ATATTCAAAA	AAACGATTAT
msa252409.2{85_2603}	CACCTGATGA	TATTTTGATA	GaAAAAACGA	ATATTCAAAA	AAACGATTAT
msa252409.2{85_A909}	CACCTGATGA	TATTTTGATA	GaAAAAACGA	ATATTCAAAA	AAACGATTAT
msa252409.2{85_H36B}	CACCTGATGA	TATTTTGATA	GaAAAAACGA	ATATTCAAAA	AAACGATTAT
msa252409.2{85_JM9130013}	CACCTGATGA	TATTTTGATA	GaAAAAACGA	ATATTCAAAA	AAACGATTAT
msa252409.2{85_1169NT}	CACCTGATGA	TATTTTGATA	GaAAAAACGA	ATATTCAAAA	AAACGATTAT
Consensus	*****	*****	**--*****	*****	*****
451					
msa252409.2{85_090.con}	TTCTTTTCTT	TAATTTTTAA	ACATAAAGCT	ATTGAACAAC	GTTTAGCTGC
msa252409.2{85_CJB110}	TTCTTTTCTT	TAATTTTTAA	ACATAAAGCT	ATTGAACAAC	GTTTAGCTGC
msa252409.2{85_COH1}	TTCTTTTCTT	TAATTTTTAA	ACATAAAGCT	ATTGAACAAC	GTTTAGCTGC

Table 88: Comparative Sequences relating to SAG0477

msa252409.2{85_M732}	TTCTTTTCTT	TAATTTTAA	ACATAAAGCT	ATTGAACAAC	GTTTAGCTGC
msa252409.2{85_M781}	TTCTTTTCTT	TAATTTTAA	ACATAAAGCT	ATTGAACAAC	GTTTAGCTGC
msa252409.2{85_18RS21}	TTCTTTTCTT	TAATTTTAA	ACATAAAGCT	ATTGAACAAC	GTTTAGCTGC
msa252409.2{85_2603}	TTCTTTTCTT	TAATTTTAA	ACATAAAGCT	ATTGAACAAC	GTTTAGCTGC
msa252409.2{85_A909}	TTCTTTTCTT	TAATTTTAA	ACATAAAGCT	ATTGAACAAC	GTTTAGCTGC
msa252409.2{85_H36B}	TTCTTTTCTT	TAATTTTAA	ACATAAAGCT	ATTGAACAAC	GTTTAGCTGC
msa252409.2{85_JM9130013}	TTCTTTTCTT	TAATTTTAA	ACATAAAGCT	ATTGAACAAC	GTTTAGCTGC
msa252409.2{85_1169NT}	TTCTTTTCTT	TAATTTTAA	ACATAAAGCT	ATTGAACAAC	GTTTAGCTGC
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa252409.2{85_090.con}	AGAAGATGTA	TGGGTAAAAA	CAGCTCAGAT	GACTTATCAA	TTTCCCAATa
msa252409.2{85_CJB110}	AGAAGATGTA	TGGGTAAAAA	CAGCTCAGAT	GACTTATCAA	TTTCCCAATa
msa252409.2{85_COH1}	AGAAGATGTA	TGGGTAAAAA	CAGCTCAGAT	GACTTATCAA	TTTCCCAATa
msa252409.2{85_M732}	AGAAGATGTA	TGGGTAAAAA	CAGCTCAGAT	GACTTATCAA	TTTCCCAATa
msa252409.2{85_M781}	AGAAGATGTA	TGGGTAAAAA	CAGCTCAGAT	GACTTATCAA	TTTCCCAATa
msa252409.2{85_18RS21}	AGAAGATGTA	TGGGTAAAAA	CAGCTCAGAT	GACTTATCAA	TTTCCCAATa
msa252409.2{85_2603}	AGAAGATGTA	TGGGTAAAAA	CAGCTCAGAT	GACTTATCAA	TTTCCCAATa
msa252409.2{85_A909}	AGAAGATGTA	TGGGTAAAAA	CAGCTCAGAT	GACTTATCAA	TTTCCCAATa
msa252409.2{85_H36B}	AGAAGATGTA	TGGGTAAAAA	CAGCTCAGAT	GACTTATCAA	TTTCCCAATa
msa252409.2{85_JM9130013}	AGAAGATGTA	TGGGTAAAAA	CAGCTCAGAT	GACTTATCAA	TTTCCCAATa
msa252409.2{85_1169NT}	AGAAGATGTA	TGGGTAAAAA	CAGCTCAGAT	GACTTATCAA	TTTCCCAATa
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa252409.2{85_090.con}	AGTTTCATAT	TCAAGTTCAA	GAAAATAAGA	TTATTGCATA	TGCACATACA
msa252409.2{85_CJB110}	AGTTTCATAT	TCAAGTTCAA	GAAAATAAGA	TTATTGCATA	TGCACATACA
msa252409.2{85_COH1}	AGTTTCATAT	TCAAGTTCAA	GAAAATAAGA	TTATTGCATA	TGCACATACA
msa252409.2{85_M732}	AGTTTCATAT	TCAAGTTCAA	GAAAATAAGA	TTATTGCATA	TGCACATACA
msa252409.2{85_M781}	AGTTTCATAT	TCAAGTTCAA	GAAAATAAGA	TTATTGCATA	TGCACATACA
msa252409.2{85_18RS21}	AGTTTCATAT	TCAAGTTCAA	GAAAATAAGA	TTATTGCATA	TGCACATACA
msa252409.2{85_2603}	AGTTTCATAT	TCAAGTTCAA	GAAAATAAGA	TTATTGCATA	TGCACATACA
msa252409.2{85_A909}	AGTTTCATAT	TCAAGTTCAA	GAAAATAAGA	TTATTGCATA	TGCACATACA
msa252409.2{85_H36B}	AGTTTCATAT	TCAAGTTCAA	GAAAATAAGA	TTATTGCATA	TGCACATACA
msa252409.2{85_JM9130013}	AGTTTCATAT	TCAAGTTCAA	GAAAATAAGA	TTATTGCATA	TGCACATACA
msa252409.2{85_1169NT}	AGTTTCATAT	TCAAGTTCAA	GAAAATAAGA	TTATTGCATA	TGCACATACA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa252409.2{85_090.con}	AAGCAAGGAT	ATCagCCTGT	CTTGGAAACT	GGAAAAAAGG	CTGATCCTGT
msa252409.2{85_CJB110}	AAGCAAGGAT	ATCagCCTGT	CTTGGAAACT	GGAAAAAAGG	CTGATCCTGT
msa252409.2{85_COH1}	AAGCAAGGAT	ATCagCCTGT	CTTGGAAACT	GGAAAAAAGG	CTGATCCTGT
msa252409.2{85_M732}	AAGCAAGGAT	ATCagCCTGT	CTTGGAAACT	GGAAAAAAGG	CTGATCCTGT
msa252409.2{85_M781}	AAGCAAGGAT	ATCagCCTGT	CTTGGAAACT	GGAAAAAAGG	CTGATCCTGT
msa252409.2{85_18RS21}	AAGCAAGGAT	ATCagCCTGT	CTTGGAAACT	GGAAAAAAGG	CTGATCCTGT
msa252409.2{85_2603}	AAGCAAGGAT	ATCagCCTGT	CTTGGAAACT	GGAAAAAAGG	CTGATCCTGT
msa252409.2{85_A909}	AAGCAAGGAT	ATCagCCTGT	CTTGGAAACT	GGAAAAAAGG	CTGATCCTGT
msa252409.2{85_H36B}	AAGCAAGGAT	ATCagCCTGT	CTTGGAAACT	GGAAAAAAGG	CTGATCCTGT
msa252409.2{85_JM9130013}	AAGCAAGGAT	ATCagCCTGT	CTTGGAAACT	GGAAAAAAGG	CTGATCCTGT
msa252409.2{85_1169NT}	AAGCAAGGAT	ATCagCCTGT	CTTGGAAACT	GGAAAAAAGG	CTGATCCTGT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa252409.2{85_090.con}	AAATAGTTCA	GAGCTACCAA	AGCACTTCTT	AACAATTAAC	CTTGATAAGG
msa252409.2{85_CJB110}	AAATAGTTCA	GAGCTACCAA	AGCACTTCTT	AACAATTAAC	CTTGATAAGG
msa252409.2{85_COH1}	AAATAGTTCA	GAGCTACCAA	AGCACTTCTT	AACAATTAAC	CTTGATAAGG
msa252409.2{85_M732}	AAATAGTTCA	GAGCTACCAA	AGCACTTCTT	AACAATTAAC	CTTGATAAGG
msa252409.2{85_M781}	AAATAGTTCA	GAGCTACCAA	AGCACTTCTT	AACAATTAAC	CTTGATAAGG
msa252409.2{85_18RS21}	AAATAGTTCA	GAGCTACCAA	AGCACTTCTT	AACAATTAAC	CTTGATAAGG
msa252409.2{85_2603}	AAATAGTTCA	GAGCTACCAA	AGCACTTCTT	AACAATTAAC	CTTGATAAGG
msa252409.2{85_A909}	AAATAGTTCA	GAGCTACCAA	AGCACTTCTT	AACAATTAAC	CTTGATAAGG
msa252409.2{85_H36B}	AAATAGTTCA	GAGCTACCAA	AGCACTTCTT	AACAATTAAC	CTTGATAAGG
msa252409.2{85_JM9130013}	AAATAGTTCA	GAGCTACCAA	AGCACTTCTT	AACAATTAAC	CTTGATAAGG
msa252409.2{85_1169NT}	AAATAGTTCA	GAGCTACCAA	AGCACTTCTT	AACAATTAAC	CTTGATAAGG
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa252409.2{85_090.con}	AAGATAGTAT	TAAGCTATTA	ATTAAAGATT	TAAAGGCTTT	AGACCCTGAT
msa252409.2{85_CJB110}	AAGATAGTAT	TAAGCTATTA	ATTAAAGATT	TAAAGGCTTT	AGACCCTGAT
msa252409.2{85_COH1}	AAGATAGTAT	TAAGCTATTA	ATTAAAGATT	TAAAGGCTTT	AGACCCTGAT
msa252409.2{85_M732}	AAGATAGTAT	TAAGCTATTA	ATTAAAGATT	TAAAGGCTTT	AGACCCTGAT
msa252409.2{85_M781}	AAGATAGTAT	TAAGCTATTA	ATTAAAGATT	TAAAGGCTTT	AGACCCTGAT
msa252409.2{85_18RS21}	AAGATAGTAT	TAAGCTATTA	ATTAAAGATT	TAAAGGCTTT	AGACCCTGAT
msa252409.2{85_2603}	AAGATAGTAT	TAAGCTATTA	ATTAAAGATT	TAAAGGCTTT	AGACCCTGAT
msa252409.2{85_A909}	AAGATAGTAT	TAAGCTATTA	ATTAAAGATT	TAAAGGCTTT	AGACCCTGAT
msa252409.2{85_H36B}	AAGATAGTAT	TAAGCTATTA	ATTAAAGATT	TAAAGGCTTT	AGACCCTGAT
msa252409.2{85_JM9130013}	AAGATAGTAT	TAAGCTATTA	ATTAAAGATT	TAAAGGCTTT	AGACCCTGAT
msa252409.2{85_1169NT}	AAGATAGTAT	TAAGCTATTA	ATTAAAGATT	TAAAGGCTTT	AGACCCTGAT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa252409.2{85_090.con}	TTAATAAGTG	AGATTCAGGT	GATAAGTTTA	GCTGATTCTA	AAACGACACC
msa252409.2{85_CJB110}	TTAATAAGTG	AGATTCAGGT	GATAAGTTTA	GCTGATTCTA	AAACGACACC

Table 88: Comparative Sequences relating to SAG0477

msa252409.2{85_COH1}	TTAATAAGTG	AGATTCAGGT	GATAAGTTTA	GCTGATTCTA	AAACGACACC
msa252409.2{85_M732}	TTAATAAGTG	AGATTCAGGT	GATAAGTTTA	GCTGATTCTA	AAACGACACC
msa252409.2{85_M781}	TTAATAAGTG	AGATTCAGGT	GATAAGTTTA	GCTGATTCTA	AAACGACACC
msa252409.2{85_18RS21}	TTAATAAGTG	AGATTCAGGT	GATAAGTTTA	GCTGATTCTA	AAACGACACC
msa252409.2{85_2603}	TTAATAAGTG	AGATTCAGGT	GATAAGTTTA	GCTGATTCTA	AAACGACACC
msa252409.2{85_A909}	TTAATAAGTG	AGATTCAGGT	GATAAGTTTA	GCTGATTCTA	AAACGACACC
msa252409.2{85_H36B}	TTAATAAGTG	AGATTCAGGT	GATAAGTTTA	GCTGATTCTA	AAACGACACC
msa252409.2{85_JM9130013}	TTAATAAGTG	AGATTCAGGT	GATAAGTTTA	GCTGATTCTA	AAACGACACC
msa252409.2{85_1169NT}	TTAATAAGTG	AGATTCAGGT	GATAAGTTTA	GCTGATTCTA	AAACGACACC
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa252409.2{85_090.con_}	801				850
msa252409.2{85_CJB110}	TGACCTCCTG	CTGTTAGATA	TGCATGATGG	AAATAGTATT	AgaATACCAT
msa252409.2{85_COH1}	TGACCTCCTG	CTGTTAGATA	TGCATGATGG	AAATAGTATT	AgaATACCAT
msa252409.2{85_M732}	TGACCTCCTG	CTGTTAGATA	TGCATGATGG	AAATAGTATT	AgaATACCAT
msa252409.2{85_M781}	TGACCTCCTG	CTGTTAGATA	TGCATGATGG	AAATAGTATT	AgaATACCAT
msa252409.2{85_18RS21}	TGACCTCCTG	CTGTTAGATA	TGCATGATGG	AAATAGTATT	AgaATACCAT
msa252409.2{85_2603}	TGACCTCCTG	CTGTTAGATA	TGCATGATGG	AAATAGTATT	AgaATACCAT
msa252409.2{85_A909}	TGACCTCCTG	CTGTTAGATA	TGCATGATGG	AAATAGTATT	AgaATACCAT
msa252409.2{85_H36B}	TGACCTCCTG	CTGTTAGATA	TGCATGATGG	AAATAGTATT	AgaATACCAT
msa252409.2{85_JM9130013}	TGACCTCCTG	CTGTTAGATA	TGCATGATGG	AAATAGTATT	AgaATACCAT
msa252409.2{85_1169NT}	TGACCTCCTG	CTGTTAGATA	TGCATGATGG	AAATAGTATT	AgaATACCAT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa252409.2{85_090.con_}	851				900
msa252409.2{85_CJB110}	TATCTAAATT	TAAAGAAAGA	CTTCCTTTTT	ACAAACAAAT	TAAGAAGAAC
msa252409.2{85_COH1}	TATCTAAATT	TAAAGAAAGA	CTTCCTTTTT	ACAAACAAAT	TAAGAAGAAC
msa252409.2{85_M732}	TATCTAAATT	TAAAGAAAGA	CTTCCTTTTT	ACAAACAAAT	TAAGAAGAAC
msa252409.2{85_M781}	TATCTAAATT	TAAAGAAAGA	CTTCCTTTTT	ACAAACAAAT	TAAGAAGAAC
msa252409.2{85_18RS21}	TATCTAAATT	TAAAGAAAGA	CTTCCTTTTT	ACAAACAAAT	TAAGAAGAAC
msa252409.2{85_2603}	TATCTAAATT	TAAAGAAAGA	CTTCCTTTTT	ACAAACAAAT	TAAGAAGAAC
msa252409.2{85_A909}	TATCTAAATT	TAAAGAAAGA	CTTCCTTTTT	ACAAACAAAT	TAAGAAGAAC
msa252409.2{85_H36B}	TATCTAAATT	TAAAGAAAGA	CTTCCTTTTT	ACAAACAAAT	TAAGAAGAAC
msa252409.2{85_JM9130013}	TATCTAAATT	TAAAGAAAGA	CTTCCTTTTT	ACAAACAAAT	TAAGAAGAAC
msa252409.2{85_1169NT}	TATCTAAATT	TAAAGAAAGA	CTTCCTTTTT	ACAAACAAAT	TAAGAAGAAC
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa252409.2{85_090.con_}	901				950
msa252409.2{85_CJB110}	CITTAAGGAAC	CTTCTATTGT	TGATATGGAA	GTGGGAGTTT	ACACAACAAAC
msa252409.2{85_COH1}	CITTAAGGAAC	CTTCTATTGT	TGATATGGAA	GTGGGAGTTT	ACACAACAAAC
msa252409.2{85_M732}	CITTAAGGAAC	CTTCTATTGT	TGATATGGAA	GTGGGAGTTT	ACACAACAAAC
msa252409.2{85_M781}	CITTAAGGAAC	CTTCTATTGT	TGATATGGAA	GTGGGAGTTT	ACACAACAAAC
msa252409.2{85_18RS21}	CITTAAGGAAC	CTTCTATTGT	TGATATGGAA	GTGGGAGTTT	ACACAACAAAC
msa252409.2{85_2603}	CITTAAGGAAC	CTTCTATTGT	TGATATGGAA	GTGGGAGTTT	ACACAACAAAC
msa252409.2{85_A909}	CITTAAGGAAC	CTTCTATTGT	TGATATGGAA	GTGGGAGTTT	ACACAACAAAC
msa252409.2{85_H36B}	CITTAAGGAAC	CTTCTATTGT	TGATATGGAA	GTGGGAGTTT	ACACAACAAAC
msa252409.2{85_JM9130013}	CITTAAGGAAC	CTTCTATTGT	TGATATGGAA	GTGGGAGTTT	ACACAACAAAC
msa252409.2{85_1169NT}	CITTAAGGAAC	CTTCTATTGT	TGATATGGAA	GTGGGAGTTT	ACACAACAAAC
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa252409.2{85_090.con_}	951				1000
msa252409.2{85_CJB110}	AAgTACtATT	GAATCAACCC	CTGTgAAAGC	gGAAGATACA	AAAAATAAAT
msa252409.2{85_COH1}	AAgTACtATT	GAATCAACCC	CTGTgAAAGC	gGAAGATACA	AAAAATAAAT
msa252409.2{85_M732}	AAgTACtATT	GAATCAACCC	CTGTgAAAGC	gGAAGATACA	AAAAATAAAT
msa252409.2{85_M781}	AAgTACtATT	GAATCAACCC	CTGTgAAAGC	gGAAGATACA	AAAAATAAAT
msa252409.2{85_18RS21}	AAaTACcATT	GAATCAACCC	CTGTtAAAGC	aGAAGATACA	AAAAATAAAT
msa252409.2{85_2603}	AAaTACcATT	GAATCAACCC	CTGTtAAAGC	aGAAGATACA	AAAAATAAAT
msa252409.2{85_A909}	AAaTACcATT	GAATCAACCC	CTGTtAAAGC	aGAAGATACA	AAAAATAAAT
msa252409.2{85_H36B}	AAaTACcATT	GAATCAACCC	CTGTtAAAGC	aGAAGATACA	AAAAATAAAT
msa252409.2{85_JM9130013}	AAaTACcATT	GAATCAACCC	CTGTtAAAGC	aGAAGATACA	AAAAATAAAT
msa252409.2{85_1169NT}	AAgTACtATT	GAATCAACCC	CTGTgAAAGC	gGAAGATACA	AAAAATAAAT
Consensus	***-***	*****	*****	*****	*****
msa252409.2{85_090.con_}	1001				1050
msa252409.2{85_CJB110}	CAACTGATAA	AACACAAaCa	CAAAATGGTC	AGGTTGCGGA	AAATAGTCAA
msa252409.2{85_COH1}	CAACTGATAA	AACACAAaCa	CAAAATGGTC	AGGTTGCGGA	AAATAGTCAA
msa252409.2{85_M732}	CAACTGATAA	AACACAAaCa	CAAAATGGTC	AGGTTGCGGA	AAATAGTCAA
msa252409.2{85_M781}	CAACTGATAA	AACACAAaCa	CAAAATGGTC	AGGTTGCGGA	AAATAGTCAA
msa252409.2{85_18RS21}	CAACTGATAA	AACACAAaCa	CAAAATGGTC	AGGTTGCGGA	AAATAGTCAA
msa252409.2{85_2603}	CAACTGATAA	AACACAAaCa	CAAAATGGTC	AGGTTGCGGA	AAATAGTCAA
msa252409.2{85_A909}	CAACTGATAA	AACACAAaCa	CAAAATGGTC	AGGTTGCGGA	AAATAGTCAA
msa252409.2{85_H36B}	CAACTGATAA	AACACAAaCa	CAAAATGGTC	AGGTTGCGGA	AAATAGTCAA
msa252409.2{85_JM9130013}	CAACTGATAA	AACACAAaCa	CAAAATGGTC	AGGTTGCGGA	AAATAGTCAA
msa252409.2{85_1169NT}	CAACTGATAA	AACACAAaCa	CAAAATGGTC	AGGTTGCGGA	AAATAGTCAA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa252409.2{85_090.con_}	1051				1100
msa252409.2{85_090.con_}	GGACAAACAA	ATAACTCAAA	TACTAATCAA	CAAGG...AC	AACGATAGC



Table 88: Comparative Sequences relating to SAG0477

msa252409.2{85_CJB110}	GGACAAACAA	ATAACTCAA	TACTAATCAA	CAAGG...AC	AACAGATAGC
msa252409.2{85_COH1}	GGACAAACAA	ATAACTCAA	TACTAATCAA	CAAGG...AC	AACAGATAGC
msa252409.2{85_M732}	GGACAAACAA	ATAACTCAA	TACTAATCAA	CAAGG...AC	AACAGATAGC
msa252409.2{85_M781}	GGACAAACAA	ATAACTCAA	TACTAATCAA	CAAGG...AC	AACAGATAGC
msa252409.2{85_18RS21}	GGACAAACAA	ATAACTCAA	TACTAATCAA	CAAGG...AC	AACAGATAGC
msa252409.2{85_2603}	GGACAAACAA	ATAACTCAA	TACTAATCAA	CAAGG...AC	AACAGATAGC
msa252409.2{85_A909}	GGACAAACAA	ATAACTCAA	TACTAATCAA	CAAGG...AC	AACAGATAGC
msa252409.2{85_H36B}	GGACAAACAA	ATAACTCAA	TACTAATCAA	CAAGG...AC	AACAGATAGC
msa252409.2{85_JM9130013}	GGACAAACAA	ATAACTCAA	TACTAATCAA	CAAGG...AC	AACAGATAGC
msa252409.2{85_1169NT}	GGACAAACAA	ATAACTCAA	TACTAATCAA	CAAGGacaAC	AACAGATAGC
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****

msa252409.2{85_090.con}	1101	AACaGAGCAG	GCACCCaACC	CTCAAAATGT	1134	TAAT
msa252409.2{85_CJB110}		AACaGAGCAG	GCACCCaACC	CTCAAAATGT		TAAT
msa252409.2{85_COH1}		AACaGAGCAG	GCACCCaACC	CTCAAAATGT		TAAT
msa252409.2{85_M732}		AACaGAGCAG	GCACCCaACC	CTCAAAATGT		TAAT
msa252409.2{85_M781}		AACaGAGCAG	GCACCCaACC	CTCAAAATGT		TAAT
msa252409.2{85_18RS21}		AACaGAGCAG	GCACCCaACC	CTCAAAATGT		TAAT
msa252409.2{85_2603}		AACaGAGCAG	GCACCCaACC	CTCAAAATGT		TAAT
msa252409.2{85_A909}		AACaGAGCAG	GCACCCaACC	CTCAAAATGT		TAAT
msa252409.2{85_H36B}		AACaGAGCAG	GCACCCaACC	CTCAAAATGT		TAAT
msa252409.2{85_JM9130013}		AACaGAGCAG	GCACCCaACC	CTCAAAATGT		TAAT
msa252409.2{85_1169NT}		AACgGAGCAG	GCACCCaACC	CTCAAAATGT		TAAT
Consensus		***-*****	*****-****	*****-****		****

## SEQ ID NO. 8812

## STRAIN 2603 frame: 1

PKKKSDTPEKEEVVLTEWQKRNLEFLKKRKEDEEEQKRINEKLRLDKRSKLNISSPPEBPQ  
 NTTKI KKLHFPKISRPKIEKKQKKEKI VNSLAKTNRI RTAPI FVVAFLVILVSVFLLTPF  
 SKQKTTITVSGNQHTPDDILIEKTNIQKNDYFFSLIFKHKAIEQRLAEDVWVKTAQMTYQ  
 FPNKFHIQVQENKI IAYHTKQGYQPVLETGKKADPVNSSELPKHFLTINLDKEDSIKLL  
 IKDLKALDPLDISEIQVISLADSKTTPDLLLLDMHDGNSIRIPLSKFKERLPPFYKQIKKN  
 LKEPSIVDMEVGVYTTTNTIESTPVKAEDTKNKSTDKTQTQNGQVAENSQGGQTNNSTNQ  
 QGQQIATEQAPNPQNVN

## SEQ ID NO. 8813

## STRAIN H36B frame: 1

PKKKSDTPEKEEVVLTEWQKRNLEFLKKRKEDEEEQKRINEKLRLDKRSKLNISSPPEBPQ  
 NTTKI KKLHFPKISRPKIEKKQKKEKI VNSLAKTNRI RTAPI FVVAFLVILVSVFLLTPF  
 SKQKTTITVSGNQHTPDDILIEKTNIQKNDYFFSLIFKHKAIEQRLAEDVWVKTAQMTYQ  
 FPNKFHIQVQENKI IAYHTKQGYQPVLETGKKADPVNSSELPKHFLTINLDKEDSIKLL  
 IKDLKALDPLDISEIQVISLADSKTTPDLLLLDMHDGNSIRIPLSKFKERLPPFYKQIKKN  
 LKEPSIVDMEVGVYTTTNTIESTPVKAEDTKNKSTDKTQTQNGQVAENSQGGQTNNSTNQ  
 QGQQIATEQAPNPQNVN

## SEQ ID NO. 8814

## STRAIN 18RS21 frame: 1

PKKKSDTPEKEEVVLTEWQKRNLEFLKKRKEDEEEQKRINEKLRLDKRSKLNISSPPEBPQ  
 NTTKI KKLHFPKISRPKIEKKQKKEKI VNSLAKTNRI RTAPI FVVAFLVILVSVFLLTPF  
 SKQKTTITVSGNQHTPDDILIEKTNIQKNDYFFSLIFKHKAIEQRLAEDVWVKTAQMTYQ  
 FPNKFHIQVQENKI IAYHTKQGYQPVLETGKKADPVNSSELPKHFLTINLDKEDSIKLL  
 IKDLKALDPLDISEIQVISLADSKTTPDLLLLDMHDGNSIRIPLSKFKERLPPFYKQIKKN  
 LKEPSIVDMEVGVYTTTNTIESTPVKAEDTKNKSTDKTQTQNGQVAENSQGGQTNNSTNQ  
 QGQQIATEQAPNPQNVN

## SEQ ID NO. 8815

## STRAIN M732 frame: 1

PKKKSDTPEKEEVVLTEWQKRNLEFLKKRKEDEEEQKRINEKLRLDKRSKLNISSPPEBPQ  
 NTTKI KKLHFPKISRPKIEKKQKKEKI VNSLAKTNRI RTAPI FVVAFLVILVSVFLLTPF  
 SKQKTTITVSGNQHTPDDILIEKTNIQKNDYFFSLIFKHKAIEQRLAEDVWVKTAQMTYQ  
 FPNKFHIQVQENKI IAYHTKQGYQPVLETGKKADPVNSSELPKHFLTINLDKEDSIKLL  
 IKDLKALDPLDISEIQVISLADSKTTPDLLLLDMHDGNSIRIPLSKFKERLPPFYKQIKKN  
 LKEPSIVDMEVGVYTTTNTIESTPVKAEDTKNKSTDKTQTQNGQVAENSQGGQTNNSTNQ  
 QGQQIATEQAPNPQNVN

## SEQ ID NO. 8816

## STRAIN COH1 frame: 1

PKKKSDTPEKEEVVLTEWQKRNLEFLKKRKEDEEEQKRINEKLRLDKRSKLNISSPPEBPQ  
 NTTKI KKLHFPKISRPKIEKKQKKEKI VNSLAKTNRI RTAPI FVVAFLVILVSVFLLTPF  
 SKQKTTITVSGNQHTPDDILIEKTNIQKNDYFFSLIFKHKAIEQRLAEDVWVKTAQMTYQ  
 FPNKFHIQVQENKI IAYHTKQGYQPVLETGKKADPVNSSELPKHFLTINLDKEDSIKLL  
 IKDLKALDPLDISEIQVISLADSKTTPDLLLLDMHDGNSIRIPLSKFKERLPPFYKQIKKN  
 LKEPSIVDMEVGVYTTTNTIESTPVKAEDTKNKSTDKTQTQNGQVAENSQGGQTNNSTNQ  
 QGQQIATEQAPNPQNVN

## SEQ ID NO. 8817

## STRAIN M781 frame: 1

PKKKSDTPEKEEVVLTEWQKRNLEFLKKRKEDEEEQKRINEKLRLDKRSKLNISSPPEBPQ

Table 88: Comparative Sequences relating to SAG0477

NTTKIKKLHFPKISKPKIEKKQKKEKIVNSLAKTNRI RTAPI FVVAFLVILVSVFLLTPF  
 SKQKTI TVSGNQHTPDDILIEKTNIQKNDYFFSLIFKHKAIEQRLAAEDVWVKTAQMTYQ  
 FPNKFHI QVQENKI IAYAHTKQGYQPVLETGKKADPVNSSELPHKFLTINLDKEDSIKLL  
 IKDLKALDPDLISEIQVISLADSKTTPDLLLLDMHDGNSIRIPLSKFKERLPFYKQIKKN  
 LKEPSIVDMEVGVYTTTSTIESTPVKAEDTKNKSTDKTQTQNGQVAENSQGGQTNNSTNQ  
 QGQIATEQAPNPQNVN

SEQ ID NO. 8818

STRAIN CJB110 frame: 1

PKKKS DTPKEEVLTEWQKRNLEFLKKRKEDEEEQKRINEKLRLDKRSKLNISSPEEPQ  
 NTKIKKLHFPKISKPKIEKKQKKEKIVNSLAKTNRI RTAPI FVVAFLVILVSVFLLTPF  
 SKQKTI TVSGNQHTPDDILIEKTNIQKNDYFFSLIFKHKAIEQRLAAEDVWVKTAQMTYQ  
 FPNKFHI QVQENKI IAYAHTKQGYQPVLETGKKADPVNSSELPHKFLTINLDKEDSIKLL  
 IKDLKALDPDLISEIQVISLADSKTTPDLLLLDMHDGNSIRIPLSKFKERLPFYKQIKKN  
 LKEPSIVDMEVGVYTTTSTIESTPVKAEDTKNKSTDKTQTQNGQVAENSQGGQTNNSTNQ  
 QGQIATEQAPNPQNVN

SEQ ID NO. 8819

STRAIN 1169NT frame: 1

PKKKS DTPKEEVLTEWQKRNLEFLKKRKEDEEEQKRINEKLRLDKRSKLNISSPEEPQ  
 NTKIKKLHFPKISKPKIEKKQKKEKIVNSLAKTNRI RTAPI FVVAFLVILVSVFLLTPF  
 SKQKTI TVSGNQHTPDDILIEKTNIQKNDYFFSLIFKHKAIEQRLAAEDVWVKTAQMTYQ  
 FPNKFHI QVQENKI IAYAHTKQGYQPVLETGKKADPVNSSELPHKFLTINLDKEDSIKLL  
 IKDLKALDPDLISEIQVISLADSKTTPDLLLLDMHDGNSIRIPLSKFKERLPFYKQIKKN  
 LKEPSIVDMEVGVYTTTSTIESTPVKAEDTKNKSTDKTQTQNGQVAENSQGGQTNNSTNQ  
 QGQIATEQAPNPQNVN

SEQ ID NO. 8820

STRAIN JM9130013 frame: 1

PKKKS DTPKEEVLTEWQKRNLEFLKKRKEDEEEQKRINEKLRLDKRSKLNISSPEEPQ  
 NTKIKKLHFPKISKPKIEKKQKKEKIVNSLAKTNRI RTAPI FVVAFLVILVSVFLLTPF  
 SKQKTI TVSGNQHTPDDILIEKTNIQKNDYFFSLIFKHKAIEQRLAAEDVWVKTAQMTYQ  
 FPNKFHI QVQENKI IAYAHTKQGYQPVLETGKKADPVNSSELPHKFLTINLDKEDSIKLL  
 IKDLKALDPDLISEIQVISLADSKTTPDLLLLDMHDGNSIRIPLSKFKERLPFYKQIKKN  
 LKEPSIVDMEVGVYTTTSTIESTPVKAEDTKNKSTDKTQTQNGQVAENSQGGQTNNSTNQ  
 QGQIATEQAPNPQNVN

SEQ ID NO. 8821

STRAIN A909 frame: 1

PKKKS DTPKEEVLTEWQKRNLEFLKKRKEDEEEQKRINEKLRLDKRSKLNISSPEEPQ  
 NTKIKKLHFPKISKPKIEKKQKKEKIVNSLAKTNRI RTAPI FVVAFLVILVSVFLLTPF  
 SKQKTI TVSGNQHTPDDILIEKTNIQKNDYFFSLIFKHKAIEQRLAAEDVWVKTAQMTYQ  
 FPNKFHI QVQENKI IAYAHTKQGYQPVLETGKKADPVNSSELPHKFLTINLDKEDSIKLL  
 IKDLKALDPDLISEIQVISLADSKTTPDLLLLDMHDGNSIRIPLSKFKERLPFYKQIKKN  
 LKEPSIVDMEVGVYTTTSTIESTPVKAEDTKNKSTDKTQTQNGQVAENSQGGQTNNSTNQ  
 QGQIATEQAPNPQNVN

SEQ ID NO. 8822

STRAIN 090 frame: 2

KKKS DTPKEEVLTEWQKRNLEFLKKRKEDEEEQKRINEKLRLDKRSKLNISSPEEPQ  
 TTKIKKLHFPKISKPKIEKKQKKEKIVNSLAKTNRI RTAPI FVVAFLVILVSVFLLTPF  
 KQKTI TVSGNQHTPDDILIEKTNIQKNDYFFSLIFKHKAIEQRLAAEDVWVKTAQMTYQ  
 FPNKFHI QVQENKI IAYAHTKQGYQPVLETGKKADPVNSSELPHKFLTINLDKEDSIKLL  
 IKDLKALDPDLISEIQVISLADSKTTPDLLLLDMHDGNSIRIPLSKFKERLPFYKQIKKN  
 LKEPSIVDMEVGVYTTTSTIESTPVKAEDTKNKSTDKTQTQNGQVAENSQGGQTNNSTNQ  
 QGQIATEQAPNPQNVN

PRETTY of: /biotmp/msa252337.2(\*) January 31, 2003 03:32 ..

	1		50
msa252337.2{85_090}	-KKKS DTPKEEVLTEWQK RNLEFLKKRK EDEEEQKRIN EKLRLDKRSK		
msa252337.2{85_18RS21}	PKKKS DTPKEEVLTEWQK RNLEFLKKRK EDEEEQKRIN EKLRLDKRSK		
msa252337.2{85_2603}	PKKKS DTPKEEVLTEWQK RNLEFLKKRK EDEEEQKRIN EKLRLDKRSK		
msa252337.2{85_A909}	PKKKS DTPKEEVLTEWQK RNLEFLKKRK EDEEEQKRIN EKLRLDKRSK		
msa252337.2{85_CJB110}	PKKKS DTPKEEVLTEWQK RNLEFLKKRK EDEEEQKRIN EKLRLDKRSK		
msa252337.2{85_COH1}	PKKKS DTPKEEVLTEWQK RNLEFLKKRK EDEEEQKRIN EKLRLDKRSK		
msa252337.2{85_H36B}	PKKKS DTPKEEVLTEWQK RNLEFLKKRK EDEEEQKRIN EKLRLDKRSK		
msa252337.2{85_JM9130013}	PKKKS DTPKEEVLTEWQK RNLEFLKKRK EDEEEQKRIN EKLRLDKRSK		
msa252337.2{85_M732}	PKKKS DTPKEEVLTEWQK RNLEFLKKRK EDEEEQKRIN EKLRLDKRSK		
msa252337.2{85_M781}	PKKKS DTPKEEVLTEWQK RNLEFLKKRK EDEEEQKRIN EKLRLDKRSK		
msa252337.2{85_1169NT}	PKKKS DTPKEEVLTEWQK RNLEFLKKRK EDEEEQKRIN EKLRLDKRSK		
Consensus	*****		
	51		100
msa252337.2{85_090}	LNISSPEEPQ NTKIKKLHF PKISKPKIEK KQKKEKIVNS LAKTNRI RTA		
msa252337.2{85_18RS21}	LNISSPEEPQ NTKIKKLHF PKISKPKIEK KQKKEKIVNS LAKTNRI RTA		
msa252337.2{85_2603}	LNISSPEEPQ NTKIKKLHF PKISKPKIEK KQKKEKIVNS LAKTNRI RTA		
msa252337.2{85_A909}	LNISSPEEPQ NTKIKKLHF PKISKPKIEK KQKKEKIVNS LAKTNRI RTA		
msa252337.2{85_CJB110}	LNISSPEEPQ NTKIKKLHF PKISKPKIEK KQKKEKIVNS LAKTNRI RTA		

Table 88: Comparative Sequences relating to SAG0477

msa252337.2(85_COH1)	LNISSPBEPQ	NTTKIKKLHF	PKISkPKIEK	KQKKEKIVNS	LAKTNRI RTA
msa252337.2(85_H36B)	LNISSPBEPQ	NTTKIKKLHF	PKISrPKIEK	KQKKEKIVNS	LAKTNRI RTA
msa252337.2(85_JM9130013)	LNISSPBEPQ	NTTKIKKLHF	PKISrPKIEK	KQKKEKIVNS	LAKTNRI RTA
msa252337.2(85_M732)	LNISSPBEPQ	NTTKIKKLHF	PKISkPKIEK	KQKKEKIVNS	LAKTNRI RTA
msa252337.2(85_M781)	LNISSPBEPQ	NTTKIKKLHF	PKISkPKIEK	KQKKEKIVNS	LAKTNRI RTA
msa252337.2(85_1169NT)	LNISSPBEPQ	NTTKIKKLHF	PKISkPKIEK	KQKKEKIVNS	LAKTNRI RTA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa252337.2(85_090)	PIFvVAFVLI	LVSvFLLTPF	SKQKTITVSG	NQHTPDDILI	EKTNIQKN DY
msa252337.2(85_18RS21)	PIFvVAFVLI	LVSvFLLTPF	SKQKTITVSG	NQHTPDDILI	EKTNIQKN DY
msa252337.2(85_2603)	PIFvVAFVLI	LVSvFLLTPF	SKQKTITVSG	NQHTPDDILI	EKTNIQKN DY
msa252337.2(85_A909)	PIFvVAFVLI	LVSvFLLTPF	SKQKTITVSG	NQHTPDDILI	EKTNIQKN DY
msa252337.2(85_CJB110)	PIFvVAFVLI	LVSvFLLTPF	SKQKTITVSG	NQHTPDDILI	EKTNIQKN DY
msa252337.2(85_COH1)	PIFvVAFVLI	LVSvFLLTPF	SKQKTITVSG	NQHTPDDILI	EKTNIQKN DY
msa252337.2(85_H36B)	PIFvVAFVLI	LVSvFLLTPF	SKQKTITVSG	NQHTPDDILI	EKTNIQKN DY
msa252337.2(85_JM9130013)	PIFvVAFVLI	LVSvFLLTPF	SKQKTITVSG	NQHTPDDILI	EKTNIQKN DY
msa252337.2(85_M732)	PIFvVAFVLI	LVSvFLLTPF	SKQKTITVSG	NQHTPDDILI	EKTNIQKN DY
msa252337.2(85_M781)	PIFvVAFVLI	LVSvFLLTPF	SKQKTITVSG	NQHTPDDILI	EKTNIQKN DY
msa252337.2(85_1169NT)	PIFvVAFVLI	LVSvFLLTPF	SKQKTITVSG	NQHTPDDILI	EKTNIQKN DY
Consensus	***-*****	*****	*****	*****	*****
msa252337.2(85_090)	FFSLIFKHKA	IEQRLAAEDV	WVKTAQMTYQ	FPNKFHIQVQ	ENKI IAYAH T
msa252337.2(85_18RS21)	FFSLIFKHKA	IEQRLAAEDV	WVKTAQMTYQ	FPNKFHIQVQ	ENKI IAYAH T
msa252337.2(85_2603)	FFSLIFKHKA	IEQRLAAEDV	WVKTAQMTYQ	FPNKFHIQVQ	ENKI IAYAH T
msa252337.2(85_A909)	FFSLIFKHKA	IEQRLAAEDV	WVKTAQMTYQ	FPNKFHIQVQ	ENKI IAYAH T
msa252337.2(85_CJB110)	FFSLIFKHKA	IEQRLAAEDV	WVKTAQMTYQ	FPNKFHIQVQ	ENKI IAYAH T
msa252337.2(85_COH1)	FFSLIFKHKA	IEQRLAAEDV	WVKTAQMTYQ	FPNKFHIQVQ	ENKI IAYAH T
msa252337.2(85_H36B)	FFSLIFKHKA	IEQRLAAEDV	WVKTAQMTYQ	FPNKFHIQVQ	ENKI IAYAH T
msa252337.2(85_JM9130013)	FFSLIFKHKA	IEQRLAAEDV	WVKTAQMTYQ	FPNKFHIQVQ	ENKI IAYAH T
msa252337.2(85_M732)	FFSLIFKHKA	IEQRLAAEDV	WVKTAQMTYQ	FPNKFHIQVQ	ENKI IAYAH T
msa252337.2(85_M781)	FFSLIFKHKA	IEQRLAAEDV	WVKTAQMTYQ	FPNKFHIQVQ	ENKI IAYAH T
msa252337.2(85_1169NT)	FFSLIFKHKA	IEQRLAAEDV	WVKTAQMTYQ	FPNKFHIQVQ	ENKI IAYAH T
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa252337.2(85_090)	KQGYQPVLET	GKKADPVNSS	ELPKHFLTIN	LDKEDSIKLL	IKDLKALDPD
msa252337.2(85_18RS21)	KQGYQPVLET	GKKADPVNSS	ELPKHFLTIN	LDKEDSIKLL	IKDLKALDPD
msa252337.2(85_2603)	KQGYQPVLET	GKKADPVNSS	ELPKHFLTIN	LDKEDSIKLL	IKDLKALDPD
msa252337.2(85_A909)	KQGYQPVLET	GKKADPVNSS	ELPKHFLTIN	LDKEDSIKLL	IKDLKALDPD
msa252337.2(85_CJB110)	KQGYQPVLET	GKKADPVNSS	ELPKHFLTIN	LDKEDSIKLL	IKDLKALDPD
msa252337.2(85_COH1)	KQGYQPVLET	GKKADPVNSS	ELPKHFLTIN	LDKEDSIKLL	IKDLKALDPD
msa252337.2(85_H36B)	KQGYQPVLET	GKKADPVNSS	ELPKHFLTIN	LDKEDSIKLL	IKDLKALDPD
msa252337.2(85_JM9130013)	KQGYQPVLET	GKKADPVNSS	ELPKHFLTIN	LDKEDSIKLL	IKDLKALDPD
msa252337.2(85_M732)	KQGYQPVLET	GKKADPVNSS	ELPKHFLTIN	LDKEDSIKLL	IKDLKALDPD
msa252337.2(85_M781)	KQGYQPVLET	GKKADPVNSS	ELPKHFLTIN	LDKEDSIKLL	IKDLKALDPD
msa252337.2(85_1169NT)	KQGYQPVLET	GKKADPVNSS	ELPKHFLTIN	LDKEDSIKLL	IKDLKALDPD
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa252337.2(85_090)	LISEIQVISL	ADSKTTPDLL	LLDMHDGNSI	rIPLSKFKER	LPFYKQIKKN
msa252337.2(85_18RS21)	LISEIQVISL	ADSKTTPDLL	LLDMHDGNSI	rIPLSKFKER	LPFYKQIKKN
msa252337.2(85_2603)	LISEIQVISL	ADSKTTPDLL	LLDMHDGNSI	rIPLSKFKER	LPFYKQIKKN
msa252337.2(85_A909)	LISEIQVISL	ADSKTTPDLL	LLDMHDGNSI	xIPLSKFKER	LPFYKQIKKN
msa252337.2(85_CJB110)	LISEIQVISL	ADSKTTPDLL	LLDMHDGNSI	rIPLSKFKER	LPFYKQIKKN
msa252337.2(85_COH1)	LISEIQVISL	ADSKTTPDLL	LLDMHDGNSI	rIPLSKFKER	LPFYKQIKKN
msa252337.2(85_H36B)	LISEIQVISL	ADSKTTPDLL	LLDMHDGNSI	rIPLSKFKER	LPFYKQIKKN
msa252337.2(85_JM9130013)	LISEIQVISL	ADSKTTPDLL	LLDMHDGNSI	rIPLSKFKER	LPFYKQIKKN
msa252337.2(85_M732)	LISEIQVISL	ADSKTTPDLL	LLDMHDGNSI	rIPLSKFKER	LPFYKQIKKN
msa252337.2(85_M781)	LISEIQVISL	ADSKTTPDLL	LLDMHDGNSI	rIPLSKFKER	LPFYKQIKKN
msa252337.2(85_1169NT)	LISEIQVISL	ADSKTTPDLL	LLDMHDGNSI	rIPLSKFKER	LPFYKQIKKN
Consensus	*****	*****	*****	-*****	*****
msa252337.2(85_090)	LKEPSIVDME	VGVTITTTaTI	ESTPVKAEDT	KNKSTDKTQT	QNGQVAENSQ
msa252337.2(85_18RS21)	LKEPSIVDME	VGVTITTTnTI	ESTPVKAEDT	KNKSTDKTQT	QNGQVAENSQ
msa252337.2(85_2603)	LKEPSIVDME	VGVTITTTnTI	ESTPVKAEDT	KNKSTDKTQT	QNGQVAENSQ
msa252337.2(85_A909)	LKEPSIVDME	VGVTITTTnTI	ESTPVKAEDT	KNKSTDKTQx	QNGQVAENSQ
msa252337.2(85_CJB110)	LKEPSIVDME	VGVTITTTaTI	ESTPVKAEDT	KNKSTDKTQT	QNGQVAENSQ
msa252337.2(85_COH1)	LKEPSIVDME	VGVTITTTaTI	ESTPVKAEDT	KNKSTDKTQT	QNGQVAENSQ
msa252337.2(85_H36B)	LKEPSIVDME	VGVTITTTnTI	ESTPVKAEDT	KNKSTDKTQT	QNGQVAENSQ
msa252337.2(85_JM9130013)	LKEPSIVDME	VGVTITTTnTI	ESTPVKAEDT	KNKSTDKTQT	QNGQVAENSQ
msa252337.2(85_M732)	LKEPSIVDME	VGVTITTTaTI	ESTPVKAEDT	KNKSTDKTQT	QNGQVAENSQ
msa252337.2(85_M781)	LKEPSIVDME	VGVTITTTaTI	ESTPVKAEDT	KNKSTDKTQT	QNGQVAENSQ
msa252337.2(85_1169NT)	LKEPSIVDME	VGVTITTTaTI	ESTPVKAEDT	KNKSTDKTQT	QNGQVAENSQ
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa252337.2(85_090)	GQTNNSENTNQ	QGQQiatega	pnpqnvnn-		
msa252337.2(85_18RS21)	GQTNNSENTNQ	QGQQiatega	pnpqnvnn-		
msa252337.2(85_2603)	GQTNNSENTNQ	QGQQiatega	pnpqnvnn-		
msa252337.2(85_A909)	GQTNNSENTNQ	QGQQiatega	pnpqnvnn-		

**Table 88: Comparative Sequences relating to SAG0477**

msa252337.2{85_CJB110}	GQTNNSNTNQ	QGQQiatega	pnpqnv-
msa252337.2{85_COH1}	GQTNNSNTNQ	QGQQiatega	pnpqnv-
msa252337.2{85_H36B}	GQTNNSNTNQ	QGQQiatega	pnpqnv-
msa252337.2{85_JM9130013}	GQTNNSNTNQ	QGQQiatega	pnpqnv-
msa252337.2{85_M732}	GQTNNSNTNQ	QGQQiatega	pnpqnv-
msa252337.2{85_M781}	GQTNNSNTNQ	QGQQiatega	pnpqnv-
msa252337.2{85_1169NT}	GQTNNSNTNQ	QGQQiateq	apnpqnv
Consensus	*****	*****	-----*

Table 89: Comparative Sequences relating to SAG1350

SEQ ID NO. 8901

STRAIN 2603

ATGAAAAAGGACAAAGTAAATGATACTAAGCAATCTTACTCTCTACGTAAA  
TATAAATTGGTTTAGCATCAGTAATTTTAGGGTCATTTCATAATGGTCACAAGTCCTGTT  
TTTGGCGATCAAACATACATCGGTTCAAGTTAATAATCAGACAGGCAGTGTGGATGCT  
AATAATCTTCCAAATGAGACAAAGTGGTCAAGTGTGATTACTTCCAATAATGATAGTGT  
CAAGCGTCTGATAAAGTTGTAAATAGTCAAAATACGGCAACAAAGGACATTACTACTCT  
TTAGTAGAGACAAAGCCAATGGTGGAAAAACATTACCTGAACAAGGAATTATGTTTAT  
AGCAAGAAACCGAGGTGAAAAATACACCTTCAAATCAGCCCCAGTAGCTTTCTATGCA  
AAGAAAGGTGATAAAGTTTCTATGACCAAGTATTTAATAAAGATAATGTGAAATGGATT  
TCATATAAGTCTTTTGTGGCGTACGTGATACGCAGCTATTGAGTCACTAGATCCATCA  
CGAGGTTTCAGAGACTAAGACACTACTCTGTAAACAATTAGGAAGCAATAATCAAGAG  
AAAATAGCAACGCAAGGAATTATACATTTTACATAAAGTAGAAGTAAAAAATGAAGCT  
AAGGTAGCGAGTCCAACCTCAATTTACATTGGACAAAGGAGACAGAAATTTTACGACCAA  
ATACTAACTATTGAAGGAAATCAGTGGTTATCTTATAAATCATTCAATGGTGTTCGTGCT  
TTTGTTTTGTAGTAAAGCATCTTCAGTAGAAAAAATCAGAGATAAAGAAAAAGTGTCT  
CCTCAACCACAAGCCGTTATTACTAAAACCTGGTAGACTGACTATTTCTAACGAACAACCT  
ACAGGTTTGTATATTTAATTACGAATATTAAAGATGATAACGGTATCGCTGCTGTTAAG  
GTACCGGTTTGGACTGAACAAGGAGGCAAGATGATATTAAATGGTATACAGCTGTAACCT  
ACTGGGATGGCACTACAAAGTAGCTGTATCATTTGCTGACCATAGAAATGAGAAGGGT  
CTTTATAATTCTTTTATACCTACCAAGAAGCTAGTGGGACACTTGTAGGTGAACAGGA  
ACTAAAGTGACAGTAGCTGGAACATACTCTCTCAAGAACCTATTGAAAAATGGTTAGCA  
AAGACTGGTGTATTAATATTATCGGAAGTACTGAAGTAAAAAATGAAGCTAAAAATATCA  
AGTCAGACCAATTTACTTTAGAAAAAGGTGACAAAAATAAATATGATCAAGTATTGACA  
GCAGATGGTTACCAAGTGGATTCTTACAAATCTTATAGTGGTGTTCGTGCTATATTCTCT  
GTGAAAAAGCTAATACAGTAGTGAAGGCGAAGATGAGGCGACTAAACCGACTAGT  
TATCCCAACTTACCTAAAAACAGGTACCTATACATTTACTAAAACTGTAGATGTGAAAAAGT  
CAACCTAAAGTATCAAGTCCAGTGGAAATTAATTTCAAAGGGTGAAGAAATACATTAT  
GATCAAGTGTAGTAGTAGTGGTCACTCAGTGGATTTTATCAAGAGTTATTCGGGTATT  
CGTCGCTATATTGAATT

SEQ ID NO. 8902

STRAIN 090

AAAAAAGGACAAAGTAAATGATACTAAGCAATCTTACT  
CTCTACGTAAATATAAATTGGTTTAGCATCAGTAATTTTAGGGTCATTCT  
ATAATGGTCACAAGTCCTGTTTTTGGCGATCAAACATACATCGGTTCAAGT  
TAATAATCAGACAGGCAGTGTGGATGCTAATAATCTTCCAATGAGA  
CAAGTGGTCAAGTGTGATTACTTCCAATAATGATAGTGTTCAGCGTCT  
GATAAAGTTGTAAATAGTCAAAATACGGCAACAAAGGACATTACTACTCC  
TTTAGTAGAGACAAAGCCAATGGTGGAAAAACATTAACCTGAACAAGGGA  
ATTATGTTTATAGCAAGAAACCGAGGTGAAAAATACACCTTCAAATATCA  
GCCCGTAGCTTTCTATGCAAGAAAGGTGATAAAGTTTCTATGACCA  
AGTATTTAATAAAGATAATGTGAATGGATTTTATATAAGTCTTTTTGTG  
GCGTACGTCGATACGCAGCTATTGAGTCACTAGATCCATCAGGAGGTTCA  
GAGACTAAGGACCTTACTCTGTAAACAATTAGGAAGCAATATCAAGA  
GAAATAGCAACGCAAGGAAATATACATTTTACATAAAGTAGAAGTAA  
AAAAATGAAGCTAAGGTAGCGAGTCCAACCTCAATTTACATTGGACAAAGGA  
GACAGAAATTTTACGACCAATACTAATATTGAAGGAAATCAGTGGTT  
ATCTTATAAATCATTCAATGGTGTTCGTGTTTTGTTTGTCTAGGTAAAG  
CATCTTCAGTAGAAAAAATGAAAGATAAAGAAAAAGTGTCTCTCAACCA  
CAAGCCGTTATTACTAAAACCTGGTAGACTGACTATTTCTAACGAACAAC  
TACAGGTTTTGATATTTAATTACGAATATTAAAGATGATAACGGTATCG  
CTGCTGTTAAGGTACCGGTTTGGACTGAACAAGGAGGCAAGATGATATT  
AAATGGTATACAGCTGTAACTACTGGGATGGCACTACAAAGTAGCTGT  
ATCATTTGCTGACCATAGAATGAGAAGGTCCTTATAATATTCAATTTAT  
ACTACCAAGAAGCTAGTGGGACACTTGTAGGTGAACAGGAACATAAGTG  
ACAGTAGCTGGAACATACTCTCTCAAGAACCTATTGAAATGGTTTAGC  
AAAGACTGGTGTATTATAATATTATCGGAAGTACTGAAGTAAAAATGAAG  
CTAAATATCAAGTCAAGCCAATTTACTTTAGAAAAAGGTGACAAATA  
AATTATGATCAAGTATTGACAGCAGATGGTTACCAAGTGGATTTCTTACAA  
ATCTTATAGTGGTGTTCGTGCTATATTCTGTGAAAAAGCTAATACAA  
GTAGTGAAGAAAGCAAGATGAGGCGACTAAACCGACTAGTTATCCCAAC  
TTACCTAAAAACAGGTACCTATACATTTACTAAAACTGTAGATGTGAAGAG  
TCAACCTAAAGTATCAAGTCCAGTGGAAATTAATTTCAAAGGGTGAAG  
AAATACATTATGATCAAGTGTAGTAGTAGATGGTCACTCAGTGGATTTC  
TACAAGAGTTATTCCGGTATTCTGCTGCTATATTGAATT

SEQ ID NO. 8903

STRAIN A909

AAAAAAGGACAAAGTAAATGATACTAAGCAATCTTAC  
TCTCTACGTAAATATAAATTGGTTTAGCATCAGTAATTTTAGGGTCATT  
CATAATGGTCACAAGTCCTGTTTTTGGCGATCAAACATACATCGGTTCAAG  
TAAATAATCAGACAGGCAGTGTGGATGCTAATAATCTTCCAATGAG  
ACAAGTGGTCAAGTGTGATTACTTCCAATAATGATAGTGTCAAGCGTC  
TGATAAAGTTGTAAATAGTCAAAATACGGCAACAAAGGACATTACTACTC  
CTTTAGTAGAGACAAAGCCAATGGTGGAAAAACATTACCTGAACAAGGG  
AATTATGTTTATAGCAAGAAACCGAGGTGAAAAATACACCTTCAAATC  
AGCCCCAGTAGCTTTCTATGCAAGAAAGGTGATAAAGTTTCTATGACC  
AAGTATTTAATAAAGATAATGTGAAATGGATTTTATATAAGTCTTTTGT  
GGCGTACGTCGATACGCAGCTATTGAGTCACTAGATCCATCAGGAGGTTT  
AGAGACTAAGCACCTACTCTGTAAACAATTAGGAAGCAATAATCAAG  
AGAAATAGCAACGCAAGGAAATATACATTTTACATAAAGTAGAAGTA  
AAAAATGAAGCTAAGGTAGCGAGTCCAACCTCAATTTACATTGGACAAAGG

Table 89: Comparative Sequences relating to SAG1350

AGACAGAAATTTTACGACCAAATACTAATACTATTGAAGGAAATCAGTGGT  
TATCTTATAAATCATTCAATGGTGTTCGTCTGTTTGTTCGCTAGGTAAA  
GCATCTTCAGTAGAAAAAACTGAAGATAAAGAAAAAGTGTCTCCTCAACC  
ACAAGCCCGTATTACTAAAACTGGTAGACTGACTATTCTAACGAAACAA  
CTACAGGTTTGTATTTTAAATTACGAATATTAAAGATGATAACGGTATC  
GCTGCTGTTAAGGTACCGGTTTGGACTGAACAAGGAGGGCAAGATGATAT  
TAAATGGTATACAGCTGTAATACTTGGGGATGGCACTACAAAGTAGCTG  
TATCATTGTCTGACCAATAAGAATGAGAAGGGTCTTTATAATATTCAATTA  
TACTACCAAGAAGCTAGTGGGACACTTGTAGGTGTAACAGGAACATAAGT  
GACAGTAGCTGGAACTAATTCTTCTCAAGAACCTATTGAAATGGTTTAG  
CAAGACTGGTGTTTATAATATTATCGGAAGTACTGAAGTAAAAAATGAA  
GCTAAAAATATCAAGTCAAGCCCAATTACTTTAGAAAAAGGTGACAAAAT  
AAATTATGATCAAGTATTGACAGCAGATGGTTACAGTGGATTCTTACA  
AATCTTATAGTGGTGTTCGTGCTATATTCTGTGAAAAAGCTAACTACA  
AGTAGTGAAGAAAGCGAAGATGAGGCGACTAAACCGACTAGTTATCCCAA  
CTTACCTAAAAACAGGTACCTATACATTTACTAAAACTGTAGATGTGAAGA  
GTCAACCTAAAGTATCAAGTCCAGTGGAAATTAATTTTCAAAGGGTGAA  
AAAATACATTATGATCAAGTGTAGTAGTAGATGGTCATCAGTGGATTTC  
ATCAAGAGTTATTCCGGTATTCTGCTATATTGAAATT

SEQ ID NO. 8904

STRAIN H36B

AAAAAAGGACAAGTAAATGATACTAAGCAATCTTACT  
CTCTACGTAATATAAATTTGGTTTAGCATCAGTAATTTAGGGTCATT  
ATAATGGTCACAAGTCTGTCTTTGCGGATCAAACTACATCGGTTCAAGT  
TAATAATCAGACAGGCACTAGTGTGGATGATAAATCTTCCATGAGA  
CAAGTGGTCAAGTGTGATTACTTCCAATAATGATAGTGTTCAGCGTCT  
GATAAAGTTGTAATAGTCAAAATACGGCAACAAAGGACATTACTCTCC  
TTTAGTAGAGACAAAGCCAATGGTGGAAAAACATTACCTGAACAAGGGA  
ATTATGTTTATAGCAAGAAACCGAGGTGAAAAATACACCTTCAAAATCA  
GCCCCAGTAGCTTTCTATGCAAGAAAGGTGATAAAGTTTCTATGACCA  
AGTATTTAATAAAGATAATGTGAAATGGATTTCATATAAGTCTTTTGTG  
GGTACGTCGATACGCAGCTATTGAGTCACTAGATCCATCAGGAGGTTC  
GAGACTAAAGCACCTACTCTGTAAACAAATTCAGGAAGCAATAATCAAGA  
GAAATAGCAACGCAAGGAAATATACATTTTCAATAAAGTAGAAGTAA  
AAAATGAAGCTAAGGTAGCGAGTCCAACTCAATTTACATTGGACAAAGGA  
GACAGAATTTTACGACCAAATACTAATCTTGAAGGAAATCAGTGGTT  
ATCTTATAAATCATTCAATGGTGTTCGTGCTTTTGTTCGCTAGGTAAAG  
CATCTTCAGTAGAAAAAATCGAAGATAAAGAAAAAGTGTCTCCTCAACCA  
CAAGCCCGTATTACTAAAACCTGGTAGACTGACTATTCTAACGAAACAA  
TACAGGTTTGTATTTTAAATTACGAATATTAAAGATGATAACGGTATCG  
CTGCTGTTAAGGTACCGGTTTGGACTGAAACAAGGAGGGCAAGATGATAT  
AAATGGTATACAGCTGTAATACTTGGGGATGGCACTACAAAGTAGCTGT  
ATCATTGTCTGACCAATAAGAATGAGAAGGGTCTTTATAATATTCAATTA  
ACTACCAAGAAAGCTAGTGGGACACTTGTAGGTGAACAGGAACATAAGTG  
ACAGTAGCTGGAACATAATCTTCTCAAGAACCTATTGAAATGGTTTAGC  
AAGACTGGTGTTTATAATATTATCGGAAGTACTGAAGTAAAAAATGAAG  
CTAAATATCAAGTCAAGCCCAATTTACTTTAGAAAAAGGTGACAAAAATA  
AATATGATCAAGTATTGACAGCAGATGGTTACAGTGGATTCTTACAA  
ATCTTATAGTGGTGTTCGTGCTATATTCTGTGAAAAAGCTAACTACAA  
GTAGTGAAGAAAGCGAAGATGAGGCGACTAAACCGACTAGTTATCCCAAC  
TTACCTAAAAACAGGTACCTATACATTTACTAAAACTGTAGATGTGAAGAG  
TCAACCTAAAGTATCAAGTCCAGTGGAAATTAATTTTCAAAGGGTGAAA  
AAATACATTATGATCAAGTGTAGTAGTAGATGGTCATCAGTGGATTTC  
TACAAGAGTTATTCCGGTATTCTGCTGCTATATTGAAATT

SEQ ID NO. 8905

STRAIN 18RS21

AAAAAAGGACAAGTAAATGATACTAAGCAATCTTACTC  
TCTACGTAATATAAATTTGGTTTAGCATCAGTAATTTAGGGTCATTCA  
TAATGGTCACAAGTCTGTCTTTGCGGATCAAACTACATCGGTTCAAGTT  
AATAATCAGACAGGCACTAGTGTGGATGCTAATAATCTTCCAATGAGAC  
AAGTGGTCAAGTGTGATTACTTCCAATAATGATAGTGTTCAGCGTCTG  
ATAAAGTTGTAAATAGTCAAAATACGGCAACAAAGGACATTACTCTCT  
TTAGTAGAGACAAAGCCAATGGTGGAAAAACATTACCTGAACAAGGGAA  
TTATGTTTATAGCAAGAAACCGAGGTGAAAAATACACCTTCAAAATCAG  
CCCCAGTAGCTTTCTATGCAAGAAAGGTGATAAAGTTTCTATGACCAA  
GTATTTAATAAAGATAATGTGAAATGGATTTCATATAAGTCTTTTGTGG  
CGTACGTCGATACGCAGCTATTGAGTCACTAGATCCATCAGGAGGTTCAG  
AGACTAAAGCACCTACTCTGTAAACAAATTCAGGAAGCAATAATCAAGAG  
AAAAAGCAACGCAAGGAAATATACATTTTCAATAAAGTAGAAGTAAA  
AAATGAAGCTAAGGTAGCGAGTCCAACTCAATTTACATTGGACAAAGGAG  
ACAGAATTTTACGACCAAATACTAATCTTGAAGGAAATCAGTGGTTA  
TCTTATAAATCATTCAATGGTGTTCGTGCTTTTGTTCGCTAGGTAAAGC  
ATCTTCAGTAGAAAAAATCGAAGATAAAGAAAAAGTGTCTCCTCAACCAC  
AAGCCGTTATTTACTAAAACCTGGTAGACTGACTATTCTAACGAAACAACT  
ACAGGTTTGTATTTTAAATTACGAATATTAAAGATGATAACGGTATCGC  
TGCTGTTAAGGTACCGGTTTGGACTGAACAAGGAGGGCAAGATGATATTA  
AATGGTATACAGCTGTAATACTTGGGGATGGCACTACAAAGTAGCTGTA  
TCATTGTCTGACCAATAAGAATGAGAAGGGTCTTTATAATATTCAATTTATA  
CTACCAAGAGCTAGTGGGACACTTGTAGGTGTAACAGGAACATAAGTGA  
CAGTAGCTGGAACTAATCTTCTCAAGAACCTATTGAAATGGTTTAGCA  
AAGACTGGTGTTTATAATATTATCGGAAGTACTGAAGTAAAAAATGAAGC

Table 89: Comparative Sequences relating to SAG1350

TAAATATCAAGTCAGACCCCAATTTACTTTAGAAAAAGGTGACAAAATAA  
 ATTATGATCAAGTATTGACAGCAGATGGTTACCAAGTGGATTTCCTACAAA  
 TCTTATAGTGGTGTTCGTGCTATATTCCTGTGAAAAAGCTAACTACAAG  
 TAGTGAAAAAGCGAAAGATGAGGCGACTAAACGAGCTAGTTATCCCACT  
 TACCTAAAAACAGGTACCTATACATTTACTAAACTGTAGATGTGAAAAAT  
 CAACCTAAAGTATCAAGTCCAGTGGAAATTTAATTTTCAAAGGGTGAAAA  
 AATACATTATGATCAAGTGTAGTAGTAGATGGTCATCAGTGGATTTCAT  
 ACAAGAGTTATTCCGGTATTGCTGCTATATTGAAATT

SEQ ID NO. 8906

STRAIN M732

CAAGTAATGATaCTAAGCAATCTTACTCTCTACGTAAATATAAATTTGG  
 TTTAGCATCAGTAATTTTAGGGTCATTATAATGGTCACAAGTCCGTGTTT  
 TTGCGGATCAAACTACATCGGTTCAAGTTAATAATCAGACAGGCAGTAGT  
 GTGGATGCTAATAATCTTCCAATGAGACAAGTGGTCAAGTGTGATTAC  
 TTCCAATAATGATAGTGTTCAGCGTCTGATAAAGTTGTAAATAGTCAAA  
 ATACGGCAACAAAGGACATTACTACTCTTTAGTAGAGACAAGCCCAATG  
 GTGGAAAAAACATTACCTGAACAGGGAATTTATGTTTATAGCAAGAAAC  
 CGAGGTGAAAAATACACCTTCAAAATCAGCCCCAGTAGCTTTCTATGCAA  
 AGAAAGGTGATAAAGTTTCTATGACCAAGTATTTAATAAGATAATGTG  
 AAATGGATTTCATATAAGTCTTTTGGTGGGTACGTGATACGCAGCTAT  
 TGAGTCACTAGATCCATCAGGAGGTTTCAAGAGCTAAAGCACCTACTCTG  
 TAACAAATTCAGGAAGCAATTAATCAAGAGAAAAATAGCAACGCAAGGAAAT  
 TATACATTTTCAATAAAGTAGAAGTAAAAATGAAGCTAAGGTAGCGAG  
 TCCAACCTCAATTTACATTTGGACAAGGAGACAGAATTTTTTACGCCAAA  
 TACTAACTATGAAGGAATCAGTGGTTATCTTATAAATCATTTCAATGGT  
 GTTCGTGCTTTTGTCTTGGTAAAGCATCTTCAGTAGAAAAAATCGA  
 AGATAAAGAAAAAGTGTCTCTCAACCAACAGCCCGTATTACTAAACTG  
 GTAGACTGACTATTTCTAACGAAACAACTACAGGTTTGTATTTTAATT  
 ACGAATATTAAAGATGATAACGGTATCGCTGCTGTTAAGGTACCGGTTTG  
 GACTGAACAGGAGGGCAAGATGATTTAAATGGTATACAGCTGTAACCTA  
 CTGGGGATGGCACTACAAAGTAGCTGTATCATTTGCTGACCATAGAAT  
 GAGAAGGGTCTTTATAATATTCTTTATATACCAAGAAGCTAGTGGGAC  
 ACTTGTAGGTGTAAACAGGAACCTAAAGTGACAGTAGCTGGAACCTAATCTT  
 CTCAAGAACCTATTGAAAAATGGTTTACCAAGAGCTGGTGTTTATAATATT  
 ATCGGAAGTACTGAAGTAAAAAATGAAGCTAAATATCAAGTCAGACCCA  
 ATTTACTTTAGAAAAAGGTGACAAAAATAAATTATGATCAAGTATTGACAG  
 CAGATGGTTACCAAGTGGATTCTTCAAAATCTTATAGTGGTGTTCGTGCG  
 TATATTCTCTGTGAAAAAGCTAACTACAGTAGTGAAAAAGCGAAAGATGA  
 GCGGACTAAACCGACTAGTTATCCCACTTACCTAAAACAGGTACCTATA  
 CATTTACTAAAACCTGTAGATGTGAAAGTCAACCTAAAGTATCAAGTCCA  
 GTGGAATTTAATTTTCAAAGGGTGAAAAATACATTATGATCAAGTGT  
 AGTAGTAGATGGTCATCAGTGGATTTCATACAAGATTATTCGGGTATTC  
 GTGCTATATTGAAATT

SEQ ID NO. 8907

STRAIN COH1

AAAAAAGGACAAAGTAAATGATACTAAGCAATCTTACTCTCT  
 ACGTAAATATAAATTTGGTTTAGCATCAGTAATTTTAGGGTCATTGATAA  
 TGGTCACAAGTCCGTGTTTGGCGGATCAAACTACATCGGTTCAAGTTAAT  
 AATCAGACAGGCAGTAGTGTGGATGCTAATAATCTTCCAATGAGACAAG  
 TGCGTCAAGTGTGATTACTTCCAATAATGATAGTGTTCAGCGCTCTGATA  
 AAGTTGTAAATAGTCAAAATACGGCAACAAAGGACATTACTACTCTTTA  
 GTAGAGACAAAGCCCAATGGTGGAAAAAACATTACCTGAACAGGGAATTA  
 TGTTTATAGCAAGAAACCGAGGTGAAAAATACACCTTCAAAATCAGCCC  
 CAGTAGCTTTCTATGCAAGAAAGGTGATAAAGTTTCTATGACCAAGTA  
 TTTAATAAAGATAATGTTAAATGGATTTCATATAAGTCTTTTGGTGGCGT  
 ACGTGGATACGCAGCTATTGAGTCACTAGATCCATCAGGAGGTTGAGAGA  
 CTAAGGACCTACTCTGTAAACAAATCAGGAAGCAATTAATCAAGAGAAA  
 ATAGCAAGCGCAAGGAAATTATACATTTTCATATAAAGTAGAAGTAaAAAA  
 TGAAGCTAAGGTAGCGAGTCCAATCAATTTACATTGGACAAAGGAGACA  
 GAATTTTTTACGACCAAACTACTAATTTGAAGGAAATCAGTGGTTATCT  
 TATAAATCATTCATGGTGTTCGTGCTTTTGTCTGCTAGGTAAGGCATC  
 TTCAAGTAGAAAAACTGAAGATAAAGAAAAAGTGTCTCTCAACCAACAG  
 CCGTATTACTAAAACCTGGTAGACTGACTATTTCTAACGAAACCACTACA  
 GGTTTTGTATTTTAAATACGAATATTAAAGATGATAACGGTATCGCTGC  
 TGTAAAGGTACCGGTTTGGACTGAACAGGAGGGCAAGATGATTTAAAT  
 GGTATACAGCTGTAACCTACTGGGATGGCAACTACAAAGTAGCTGATACA  
 TTTGCTGACCTAAGAAATGAGAAGGGTCTTTATAATATTCAATTTATACTA  
 CCAAGAAGCTAGTGGGACACTTGTAGGTGTACAGGAACCTAAAGTGACAG  
 TAGCTGGAACTAATCTTCTCAAGAACCTATTGAAATGGTTTACCAAGAG  
 ACTGGTGTTTATAATATTATCGGAAGTACTGAAGTAAAAAATGAAGCTAA  
 AATATCAAGTCAGACCCCAATTTACTTTAGAAAAAGGTGACAAAAATAAAT  
 ATGATCAAGTATTGACAGCAGATGGTTACCAAGTGGATTCTTACAAATCT  
 TATAGTGGTGTTCGTGCTATATTCTGTGAAAAAGCTAACTACAAGTAG  
 TGAAGAAAGCGAAAGATGAGGCGACTAAACCGACTAGTTATCCCACTTAC  
 CTAAACAGGTACCTATACATTTACTAAAACCTGTAGATGTGAAAGTCAA  
 CCTAAAGTATCAAGTCCAGTGGAAATTTAATTTTCAAAGGGTGAAAAAT  
 ACATTATGATCAAGTGTAGTAGTAGATGGTCATCAGTGGATTTCATACA  
 AGAGTTATTCCGGTATTGCTGCTATATTGAAATT

SEQ ID NO. 8908

STRAIN M781

Table 89: Comparative Sequences relating to SAG1350

AAAAAAGGACAAAGTAAATGATACTAAGCAATCTT  
 ACTCTCTACGTAATATAAATTTGGTTTAGCATCAGTAATTTTAGGGTCA  
 TTCATAATGGTCACAAGTCCTGTTTTTGGCGATCAAACTACATCGGTTCA  
 AGTTAATAATCAGACAGGCACCTAGTGTGGATGCTAATAATCTTCCAATG  
 AGACAAGTGGTCAAGTGTGATTACTTCCAATAATGATAGTGTTCAGCG  
 TCTGATAAAGTTGTAAATAGTCAAAATACGGCAACAAAGGACATTACTAC  
 TCCTTTAGTAGAGACAAAGCCCAATGGTGGAAAAACATTACCTGAACAAAG  
 GGAATTTATGTTTTATAGCAAGAAACCGAGGTGAAAAATACACCTTCAAAA  
 TCAGCCCCAGTAGCTTTCTATGCAAGAAAGGTGATAAAGTTTTCTATGA  
 CCAAGTATTTAATAAAGATAATGTGAATGGATTTTCATATAAGTCTTTTG  
 GTGGCGTACGTGGATACGCAGCTATTGAGTCACTAGATCCATCAGGAGGT  
 TCAGAGACTAAAGCACCTACTCTGTAAACAAATTCAGGAAGCAATAATCA  
 AGAGAAAATAGCAACGCAAGGAAATATACATTTTCACATAAAGTAGAAG  
 TAAAAAATGAAGCTAAGGTAGCGAGTCCAACCTCAATTTACATTGGACAAA  
 GGAGACAGAATTTTTTACGACCAAACTACTACTATTGAAGGAAATCAGTG  
 GTTATCTTATAAATCATTCAATGGTGTTCGTGTTTTGTTTGTCTAGGTA  
 AAGCATCTTCAGTAGAAAAAAGTGAAGATAAAGAAAAAGTGTCTCTCAA  
 CCACAAGCCCGTATTACTAAAACTGGTAGACTGACTATTTCTAACGAAC  
 AACTACAGGTTTTGATATTTAATTACGAATATTAAGATGATAACGGTA  
 TCGCTGCTGTAAAGTACCGGTTTGGACTGAACAGGAGGGCAAGATGAT  
 ATTAAATGGTATACAGCTGTAACCTACTGGGATGGCAACTACAAAGTAGC  
 TGTATCATTTGCTGACCATAAGAATGAGAAGGGTCTTTATAATATTCAAT  
 TATACTACCAAGAAGCTAGTGGACACTTTGAGGTGTACAGGAACATAA  
 GTGACAGTAGCTGGAACTAATTTCTCAAGAACCATTGAAAATGGTTT  
 ACCAAAGACTGGTGTTTATAATATTATCGGAAGTACTGAAGTAAAAATG  
 AAGCTAAAAATATCAAGTCAGACCCAATTTACTTTAGAAAAAGGTGACAAA  
 ATAAATTTATGATCAAGTATTGACAGCAGATGGTTACAGTGGATTTCTTA  
 CAAATCTTATAGTGGTGTTCGTGCTATATTCCTGTGAAAAAGCTAACTA  
 CAGTAGTGAAAAAGCGAAAGATGAGGCGACTAAACCGACTAGTTATCCC  
 AACTTACCTAAAACAGGTACCTATACATTTACTAAAACTGTAGATGTGAA  
 AAGTCAACCTAAAGTATCAAGTCCAGTGAATTTAATTTTCAAAGGGTG  
 AAAAAATACATTATGATCAAGTGTTAGTAGTAGTGGTTCATCAGTGGATT  
 TCATACAGAGTTATTCCGGTATTCTGCTGCTATATTGAAATT

SEQ ID NO. 8909

STRAIN CJB110

AAAAAAGGACAAAGTAAATGATACTAAGCAATCTTACTCTC  
 TACGTAATATAAATTTGGTTTAGCATCAGTAATTTTAGGGTCATTCTA  
 ATGGTCACAAGTCCTGTTTTTGGCGATCAAACTACATCGGTTCAAGTTAA  
 TAATCAGACAGGCACCTAGTGTGGATGCTAATAATCTTCCAATGAGACAA  
 GTGCGTCAAGTGTGATTACTTCCAATAATGATAGTGTCAAGCGTCTGAT  
 AAGTTGTATAAATAGTCAAAATACGGCAACAAAGGACATTACTACTCCTTT  
 AGTAGAGACAAAGCCAATGGTGGAAAAACATTACCTGAACAGGGGAATT  
 ATGTTTTATAGCAAGAAACCGAGGTGAAAAATACACCTTCAAAATCAGCC  
 CCGTAGCTTTCTATGCAAGAAAGGTGATAAAGTTTTCTATGACCAAGT  
 ATTAAATAAGATAATGTGAAATGGATTTTCATATAAGTCTTTTGTGGCG  
 TACGTGATACGACGCTATTGAGTCACTAGATCCATCAGGAGGTTTCAGAG  
 ACTAAAGCACCTACTCTGTAAACAAATTCAGGAAGCAATAATCAAGAGAA  
 AATAGCAACGCAAGGAAATATACATTTTCACATAAAGTAGAAGTAAAAA  
 ATGAAGCTAAGGTAGCGAGTCCAACTCAATTTACATTGGACAAAGGAGAC  
 AGAATTTTTTACGACCAAACTACTAATTTGAAGGAAATCAGTGGTTATC  
 TTATAAATCATTCAATGGTGTTCGTGTTTTGTTTTGCTAGGTAAGCAT  
 CTTCAGTAGAAAAAAGTGAAGATAAAGAAAAAGTGTCTCCTCAACCACAA  
 GCCGTTATTACTAAAACTGGTAGACTGACTATTTTAAACGAAACAACTAC  
 AGGTTTTGATATTTTAATTACGAATATTAAAGATGATAACGGTATCGCTG  
 CTGTTAAGGTACCGGTTTGGACTGAACAAAGGAGGGCAAGATGATATTA  
 TGGTATACAGCTGTAACCTACTGGGATGGCACTACAAAGTAGCTGTATC  
 ATTTGCTGACCATAAGAATGAGAAGGGTCTTTATAATATTCAATTTACT  
 ACCAAGAGCTAGTGGGACACTTGTAGGTGAACAGGAACATAAGTGACA  
 GTAGCTGGAACATAATTTCTTCTCAAGAACCTATTGAAAATGGTTTAGCAA  
 GACTGGTGTTTATAATATTATCGGAAGTACTGAAGTAAAAAATGAAGCTA  
 AAATATCAAGTCAGACCCAATTTACTTTAGAAAAAGGTGACAAAATAAAT  
 TATGATCAAGTATTGACAGCAGATGGTTACCAAGTGGATTTCTTACAAATC  
 TTATAGTGGTGTTCGTGCTATATTCTGTGAAAAAGCTAACTACAAAGTA  
 GTGAAAAAGCGAAAGATGAGGCGACTAAACCGACTAGTTATCCCAACTTA  
 CCTAAAACAGGTACCTATACATTTACTAAAACTGTAGATGTGAAGAGTCA  
 ACCTAAAGTATCAAGTCCAGTGGAAATTTAATTTTCAAAGGGTGAAAAAA  
 TACATTATGATCAAGTGTTAGTAGTAGATGGTTCATCAGTGGATTTTCATAC  
 AAGAGTTATTCCGGTATTCTGCTGCTATATTGAAATT

SEQ ID NO. 8910

STRAIN 1169NT

AAAAAAGGACAAAGTAAATGATACTAAGCAATCTTACTC  
 TCTACGTAATATAAATTTGGTTTAGCATCAGTAATTTTAGGGTCATTCA  
 TAATGGTCACAAGTCCTGTTTTTGGCGATCAAACTACATCGGTTCAAGTT  
 AATAATCAGACAGGCACCTAGTGTGGATGCTAATAATCTTCCAATGAGAC  
 AAGTGGTCAAGTGTGATTACTTCCAATAATGATAGTGTTCAGCGTCTG  
 ATAAAGTTGTAAATAGTCAAAATACGGCAACAAAGGACATTACTACTCCT  
 TTAGTAGAGACAAAGCCAATGGTGGAAAAACATTACCTGAACAGGGAA  
 TTATGTTTTATAGCAAGAAACCGAGGTGAAAAATACACCTTCAAAATCAG  
 CCCCAGTAGCTTTCTATGCAAGAAAGGTGATAAAGTTTTCTATGACCAA  
 GTATTTAATAAAGATAATGTGAATGGATTTTCATATAAGTCTTTTGGTGG  
 CGTAGCTGATACGCAGCTATTGAGTCACTAGATCCATCAGGAGGTTTCAG



Table 89: Comparative Sequences relating to SAG1350

AGACTAAAGCACCTACTCCTGTAAACAAATTCAGGAAGCAATAATCAAGAG  
 AAAATAGCAACGCAAGGAAATTATACATTTTACATAAAGTAGAAGTAA  
 AAATGAAGCTAAGGTAGCGAGTCCAACTCAATTTACATTGGACAAAGGAG  
 ACAGAATTTTACGACCAATACTAATATTGAAGGAAATCAGTGGTTA  
 TCTTATAAATCATTCAATGGTGTTCGTGTTTTGTTTTGCTAGGTAAAGC  
 ATCTTCAGTAGAAAAAATGGAAGATAAAGAAAAAGTGTCTCTCAACCAC  
 AAGCCCGTATTACTAAAACCTGGTAGACTGACTATTCTTAACGAAACACT  
 ACAGGTTTTGATATTTAATTACGAATATTAAAGATGATAACGGTATCGC  
 TGCTGTTAAGGTACCGGTTTGGACTGAACAAGGAGGGCAAGATGATATTA  
 AATGGTATACAGCTGTAACCTACTGGGGATGGCACTACAAAGTAGCTGTA  
 TCATTTGCTGACCATAGAATGAGAAGGGTCTTTATAATATTCTTTATA  
 CTACCAAGAGCTAGTGGGACACTGTAGGTGTAACAGGAACCTAAAGTGA  
 CAGTAGCTGGAACTAATTTCTCTCAAGAACCTATTGAAAAATGGTTAGCA  
 AAGACTGGTGTATATAATATTATCGGAAGTACTGAAGTAAAAATGAAGC  
 TAAATATCAAGTCAGACCCAAITTTACTTTAGAAAAAGGTGACAAAAATA  
 ATTATGATCAAGTATTGACAGCAGATGGTTACAGTGGATTCTTACAAA  
 TCTTATAGTGGTGTTCGTGCTATATTCTGTGAAAAAGCTAATACAAAG  
 TAGTGAAAAAGCGAAAGATGAGGCGACTAAACCGACTAGTTATCCCACT  
 TACCTAAAAAGGTACCTATACATTTACTAAAACCTGTAGATGTGAAAAAT  
 CAACCTAAGTATCAAGTCCAGTGGAAATTTAATTTTCAAAAGGGTGAAAA  
 AATACATTATGATCAAGTGTAGTAGTAGATGGTCATCAGTGGATTTCAT  
 ACAAGAGTTATCCGGTATTCGTGCTATATTGAAATT

SEQ ID NO. 8911

STRAIN JM9130013

AAAAAGGACAAAGTAAATGATACTAAGCAATCTTACT  
 CTCTACGTAAATATAAATTTGGTTTAGCATCAGTAATTTTAGGGTCATTC  
 ATAATGGTCACAAGTCTCTGTTTTGCGGATCAAACTACATCGGTTCAAGT  
 TAATAATCAGACAGGCACTAGTGTGGATGCTAATAATCTTCCAATGAGA  
 CAAGTGGCTCAAGTGTGATTACTTCCAATAATGATAGTGTCAAGCGTCT  
 GATAAAGTTGTAATAGTCAAAATACGGCAACAAAGGACATTACTCTCC  
 TTTAGTAGAGCAAAAGCCAAATGGTGGAAAAACATTACCTGAACAAGGGA  
 ATTATGTTTATAGCAAAAGAAACCGAGGTGAAAAATACACCTTCAAAATCA  
 GCCCAGTAGCTTTCTATGCAAAAGAAAGGTGATAAAGTTTCTATGACCA  
 AGTATTTAATAAAGATAATGTGAAATGGATTTCATATAAGTCTTTTTGTG  
 GCGTACGTGATACGCACTATTGAGTCACTAGATCCATCAGGAGGTTCA  
 GAGACTAAGCACCTACTCTCTGTAACAAATTCAGGAAGCAATAATCAAGA  
 GAAATAGCAACGCAAGGAAATTTATACATTTTACATAAAGTAGAAGTAA  
 AAAATGAAGCTAAGGTAGCGAGTCCAACTCAATTTACATTGGACAAAGGA  
 GACAGAAATTTTACGACCAAACTAATCTATTGAAGGAAATCAGTGGTT  
 ATCTTATAAATCATTTCAATGGTGTTCGTGTTTTGTTTTGCTAGGTAAAG  
 CATCTTCAGTAGAAAAAACTGAAGATAAAGAAAAAGTGTCTCTCAACCA  
 CAAGCCCGTATTACTAAAACCTGGTAGACTGACTATTATAACGAAACAAAC  
 TACAGGTTTTGATATTTAATTACGAATATTAAAGATGATAACGGTATCG  
 CTGCTGTTAAGGTACCGGTTTGGACTGAACAAGGAGGGCAAGATGATATT  
 AAATGGTATACAGCTGTAACTACTGGGGATGGCACTACAAAGTAGCTGT  
 ATCATTTGCTGACCATAGAATGAGAAGGGTCTTTATAATATTCTTTAT  
 ACTACCAAGAGCTAGTGGGACACTGTAGGTGTAACAGGAACATAAGTG  
 ACAGTAGCTGGAACATAATCTTCTCAAGAACCTATTGAAATGGTTTAGC  
 AAAGACTGGTGTTTATAATATTATCGGAAGTACTGAAGTAAAAATGAAG  
 CTAAAATATCAAGTCAGACCCAAITTTACTTTAGAAAAAGGTGACAAAATA  
 AATTATGATCAAGTATTGACAGCAGATGGTTACCAGTGGATTCTTACAA  
 ATCTTATAGTGGTGTTCGTGCTATATTCTGTGAAAAAGCTAATACAA  
 GTAGTAAAAAGCGAAAGATGAGGCGACTAAACCGACTAGTTATCCCAAC  
 TTACCTAAAACAGGTACCTATACATTTACTAAAACCTGTAGATGTGAAGAG  
 TCAACCTAAAGTATCAAGTCCAGTGGAAATTTAATTTTCAAAAGGGTGAAA  
 AATACATTATGATCAAGTGTAGTAGTAGATGGTCATCAGTGGATTTCAT  
 TACAAGAGTTATTCGGTATTCTGCTGCTATATTGAAATT

PRETTY of: /biotmp/msa255059.2(\*) February 11, 2003 08:41 ..

	1				50
msa255059.2{91_M732}	-----	--CAAGTAAA	TGATACTAAG	CAATCTTACT	CTCTACGTAA
msa255059.2{91_M781}	----	AAAAAAG	GACAAGTAAA	TGATACTAAG	CAATCTTACT
msa255059.2{91_COH1}	----	AAAAAAG	GACAAGTAAA	TGATACTAAG	CAATCTTACT
msa255059.2{91_18RS21}	----	AAAAAAG	GACAAGTAAA	TGATACTAAG	CAATCTTACT
msa255059.2{91_2603}		atgAAAAAAG	GACAAGTAAA	TGATACTAAG	CAATCTTACT
msa255059.2{91_1169NT}	----	AAAAAAG	GACAAGTAAA	TGATACTAAG	CAATCTTACT
msa255059.2{91_090}	----	AAAAAAG	GACAAGTAAA	TGATACTAAG	CAATCTTACT
msa255059.2{91_A909}	----	AAAAAAG	GACAAGTAAA	TGATACTAAG	CAATCTTACT
msa255059.2{91_CJB110}	----	AAAAAAG	GACAAGTAAA	TGATACTAAG	CAATCTTACT
msa255059.2{91_H36B}	----	AAAAAAG	GACAAGTAAA	TGATACTAAG	CAATCTTACT
msa255059.2{91_JM9130013}	----	AAAAAAG	GACAAGTAAA	TGATACTAAG	CAATCTTACT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****

  

	51				100
msa255059.2{91_M732}	ATATAAATTT	GGTTTAGCAT	CAGTAATTTT	AGGGTCATTC	ATAATGGTCA
msa255059.2{91_M781}	ATATAAATTT	GGTTTAGCAT	CAGTAATTTT	AGGGTCATTC	ATAATGGTCA
msa255059.2{91_COH1}	ATATAAATTT	GGTTTAGCAT	CAGTAATTTT	AGGGTCATTC	ATAATGGTCA
msa255059.2{91_18RS21}	ATATAAATTT	GGTTTAGCAT	CAGTAATTTT	AGGGTCATTC	ATAATGGTCA
msa255059.2{91_2603}	ATATAAATTT	GGTTTAGCAT	CAGTAATTTT	AGGGTCATTC	ATAATGGTCA
msa255059.2{91_1169NT}	ATATAAATTT	GGTTTAGCAT	CAGTAATTTT	AGGGTCATTC	ATAATGGTCA

Table 89: Comparative Sequences relating to SAG1350

msa255059.2{91_090}	ATATAAATTT	GGTTTAGCAT	CAGTAATTTT	AGGGTCATTC	ATAATGGTCA
msa255059.2{91_A909}	ATATAAATTT	GGTTTAGCAT	CAGTAATTTT	AGGGTCATTC	ATAATGGTCA
msa255059.2{91_CJB110}	ATATAAATTT	GGTTTAGCAT	CAGTAATTTT	AGGGTCATTC	ATAATGGTCA
msa255059.2{91_H36B}	ATATAAATTT	GGTTTAGCAT	CAGTAATTTT	AGGGTCATTC	ATAATGGTCA
msa255059.2{91_JM9130013}	ATATAAATTT	GGTTTAGCAT	CAGTAATTTT	AGGGTCATTC	ATAATGGTCA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa255059.2{91_M732}	CAAGTCCTGT	TTTTGCGGAT	CAAACTACAT	CGGTTCAAGT	TAATAATCAG
msa255059.2{91_M781}	CAAGTCCTGT	TTTTGCGGAT	CAAACTACAT	CGGTTCAAGT	TAATAATCAG
msa255059.2{91_COH1}	CAAGTCCTGT	TTTTGCGGAT	CAAACTACAT	CGGTTCAAGT	TAATAATCAG
msa255059.2{91_18RS21}	CAAGTCCTGT	TTTTGCGGAT	CAAACTACAT	CGGTTCAAGT	TAATAATCAG
msa255059.2{91_2603}	CAAGTCCTGT	TTTTGCGGAT	CAAACTACAT	CGGTTCAAGT	TAATAATCAG
msa255059.2{91_1169NT}	CAAGTCCTGT	TTTTGCGGAT	CAAACTACAT	CGGTTCAAGT	TAATAATCAG
msa255059.2{91_090}	CAAGTCCTGT	TTTTGCGGAT	CAAACTACAT	CGGTTCAAGT	TAATAATCAG
msa255059.2{91_A909}	CAAGTCCTGT	TTTTGCGGAT	CAAACTACAT	CGGTTCAAGT	TAATAATCAG
msa255059.2{91_CJB110}	CAAGTCCTGT	TTTTGCGGAT	CAAACTACAT	CGGTTCAAGT	TAATAATCAG
msa255059.2{91_H36B}	CAAGTCCTGT	TTTTGCGGAT	CAAACTACAT	CGGTTCAAGT	TAATAATCAG
msa255059.2{91_JM9130013}	CAAGTCCTGT	TTTTGCGGAT	CAAACTACAT	CGGTTCAAGT	TAATAATCAG
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa255059.2{91_M732}	ACAGGCCACTA	GTGTGGATGc	TAATAATTCT	TCCAATGAGA	CAAGTGCGTC
msa255059.2{91_M781}	ACAGGCCACTA	GTGTGGATGc	TAATAATTCT	TCCAATGAGA	CAAGTGCGTC
msa255059.2{91_COH1}	ACAGGCCACTA	GTGTGGATGc	TAATAATTCT	TCCAATGAGA	CAAGTGCGTC
msa255059.2{91_18RS21}	ACAGGCCACTA	GTGTGGATGc	TAATAATTCT	TCCAATGAGA	CAAGTGCGTC
msa255059.2{91_2603}	ACAGGCCACTA	GTGTGGATGc	TAATAATTCT	TCCAATGAGA	CAAGTGCGTC
msa255059.2{91_1169NT}	ACAGGCCACTA	GTGTGGATGc	TAATAATTCT	TCCAATGAGA	CAAGTGCGTC
msa255059.2{91_090}	ACAGGCCACTA	GTGTGGATGc	TAATAATTCT	TCCAATGAGA	CAAGTGCGTC
msa255059.2{91_A909}	ACAGGCCACTA	GTGTGGATGc	TAATAATTCT	TCCAATGAGA	CAAGTGCGTC
msa255059.2{91_CJB110}	ACAGGCCACTA	GTGTGGATGc	TAATAATTCT	TCCAATGAGA	CAAGTGCGTC
msa255059.2{91_H36B}	ACAGGCCACTA	GTGTGGATGc	TAATAATTCT	TCCAATGAGA	CAAGTGCGTC
msa255059.2{91_JM9130013}	ACAGGCCACTA	GTGTGGATGc	TAATAATTCT	TCCAATGAGA	CAAGTGCGTC
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa255059.2{91_M732}	AAGTGTGATT	ACTTCCAATA	ATGATAGTGT	TCAAGCGTCT	GATAAAGTTG
msa255059.2{91_M781}	AAGTGTGATT	ACTTCCAATA	ATGATAGTGT	TCAAGCGTCT	GATAAAGTTG
msa255059.2{91_COH1}	AAGTGTGATT	ACTTCCAATA	ATGATAGTGT	TCAAGCGTCT	GATAAAGTTG
msa255059.2{91_18RS21}	AAGTGTGATT	ACTTCCAATA	ATGATAGTGT	TCAAGCGTCT	GATAAAGTTG
msa255059.2{91_2603}	AAGTGTGATT	ACTTCCAATA	ATGATAGTGT	TCAAGCGTCT	GATAAAGTTG
msa255059.2{91_1169NT}	AAGTGTGATT	ACTTCCAATA	ATGATAGTGT	TCAAGCGTCT	GATAAAGTTG
msa255059.2{91_090}	AAGTGTGATT	ACTTCCAATA	ATGATAGTGT	TCAAGCGTCT	GATAAAGTTG
msa255059.2{91_A909}	AAGTGTGATT	ACTTCCAATA	ATGATAGTGT	TCAAGCGTCT	GATAAAGTTG
msa255059.2{91_CJB110}	AAGTGTGATT	ACTTCCAATA	ATGATAGTGT	TCAAGCGTCT	GATAAAGTTG
msa255059.2{91_H36B}	AAGTGTGATT	ACTTCCAATA	ATGATAGTGT	TCAAGCGTCT	GATAAAGTTG
msa255059.2{91_JM9130013}	AAGTGTGATT	ACTTCCAATA	ATGATAGTGT	TCAAGCGTCT	GATAAAGTTG
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa255059.2{91_M732}	TAAATAGTCA	AAATACGGCA	ACAAAGGACA	TTACTACTCC	TTTAGTAGAG
msa255059.2{91_M781}	TAAATAGTCA	AAATACGGCA	ACAAAGGACA	TTACTACTCC	TTTAGTAGAG
msa255059.2{91_COH1}	TAAATAGTCA	AAATACGGCA	ACAAAGGACA	TTACTACTCC	TTTAGTAGAG
msa255059.2{91_18RS21}	TAAATAGTCA	AAATACGGCA	ACAAAGGACA	TTACTACTCC	TTTAGTAGAG
msa255059.2{91_2603}	TAAATAGTCA	AAATACGGCA	ACAAAGGACA	TTACTACTCC	TTTAGTAGAG
msa255059.2{91_1169NT}	TAAATAGTCA	AAATACGGCA	ACAAAGGACA	TTACTACTCC	TTTAGTAGAG
msa255059.2{91_090}	TAAATAGTCA	AAATACGGCA	ACAAAGGACA	TTACTACTCC	TTTAGTAGAG
msa255059.2{91_A909}	TAAATAGTCA	AAATACGGCA	ACAAAGGACA	TTACTACTCC	TTTAGTAGAG
msa255059.2{91_CJB110}	TAAATAGTCA	AAATACGGCA	ACAAAGGACA	TTACTACTCC	TTTAGTAGAG
msa255059.2{91_H36B}	TAAATAGTCA	AAATACGGCA	ACAAAGGACA	TTACTACTCC	TTTAGTAGAG
msa255059.2{91_JM9130013}	TAAATAGTCA	AAATACGGCA	ACAAAGGACA	TTACTACTCC	TTTAGTAGAG
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa255059.2{91_M732}	ACAAAGCCAA	TGGTGGAAAA	AACATTACCT	GAACAAGGGA	ATTATGTTTA
msa255059.2{91_M781}	ACAAAGCCAA	TGGTGGAAAA	AACATTACCT	GAACAAGGGA	ATTATGTTTA
msa255059.2{91_COH1}	ACAAAGCCAA	TGGTGGAAAA	AACATTACCT	GAACAAGGGA	ATTATGTTTA
msa255059.2{91_18RS21}	ACAAAGCCAA	TGGTGGAAAA	AACATTACCT	GAACAAGGGA	ATTATGTTTA
msa255059.2{91_2603}	ACAAAGCCAA	TGGTGGAAAA	AACATTACCT	GAACAAGGGA	ATTATGTTTA
msa255059.2{91_1169NT}	ACAAAGCCAA	TGGTGGAAAA	AACATTACCT	GAACAAGGGA	ATTATGTTTA
msa255059.2{91_090}	ACAAAGCCAA	TGGTGGAAAA	AACATTACCT	GAACAAGGGA	ATTATGTTTA
msa255059.2{91_A909}	ACAAAGCCAA	TGGTGGAAAA	AACATTACCT	GAACAAGGGA	ATTATGTTTA
msa255059.2{91_CJB110}	ACAAAGCCAA	TGGTGGAAAA	AACATTACCT	GAACAAGGGA	ATTATGTTTA
msa255059.2{91_H36B}	ACAAAGCCAA	TGGTGGAAAA	AACATTACCT	GAACAAGGGA	ATTATGTTTA
msa255059.2{91_JM9130013}	ACAAAGCCAA	TGGTGGAAAA	AACATTACCT	GAACAAGGGA	ATTATGTTTA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa255059.2{91_M732}	TAGCAAAGAA	ACCGAGGTGA	AAAATACACC	TTCAAATCA	GCCCCAGTAG
msa255059.2{91_M781}	TAGCAAAGAA	ACCGAGGTGA	AAAATACACC	TTCAAATCA	GCCCCAGTAG
msa255059.2{91_COH1}	TAGCAAAGAA	ACCGAGGTGA	AAAATACACC	TTCAAATCA	GCCCCAGTAG
msa255059.2{91_18RS21}	TAGCAAAGAA	ACCGAGGTGA	AAAATACACC	TTCAAATCA	GCCCCAGTAG
msa255059.2{91_2603}	TAGCAAAGAA	ACCGAGGTGA	AAAATACACC	TTCAAATCA	GCCCCAGTAG

Table 89: Comparative Sequences relating to SAG1350

msa255059.2{91_1169NT}	TAGCAAAGAA	ACCGAGGTGA	AAAATACACC	TTCAAAATCA	GCCCCAGTAG	
msa255059.2{91_090}	TAGCAAAGAA	ACCGAGGTGA	AAAATACACC	TTCAAAATCA	GCCCCAGTAG	
msa255059.2{91_A909}	TAGCAAAGAA	ACCGAGGTGA	AAAATACACC	TTCAAAATCA	GCCCCAGTAG	
msa255059.2{91_CJB110}	TAGCAAAGAA	ACCGAGGTGA	AAAATACACC	TTCAAAATCA	GCCCCAGTAG	
msa255059.2{91_H36B}	TAGCAAAGAA	ACCGAGGTGA	AAAATACACC	TTCAAAATCA	GCCCCAGTAG	
msa255059.2{91_JM9130013}	TAGCAAAGAA	ACCGAGGTGA	AAAATACACC	TTCAAAATCA	GCCCCAGTAG	
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****	
msa255059.2{91_M732}	401	CTTTCTATGC	AAAGAAAGGT	GATAAAGTTT	TCTATGACCA	AGTATTTAAT
msa255059.2{91_M781}	450	CTTTCTATGC	AAAGAAAGGT	GATAAAGTTT	TCTATGACCA	AGTATTTAAT
msa255059.2{91_COH1}		CTTTCTATGC	AAAGAAAGGT	GATAAAGTTT	TCTATGACCA	AGTATTTAAT
msa255059.2{91_18RS21}		CTTTCTATGC	AAAGAAAGGT	GATAAAGTTT	TCTATGACCA	AGTATTTAAT
msa255059.2{91_2603}		CTTTCTATGC	AAAGAAAGGT	GATAAAGTTT	TCTATGACCA	AGTATTTAAT
msa255059.2{91_1169NT}		CTTTCTATGC	AAAGAAAGGT	GATAAAGTTT	TCTATGACCA	AGTATTTAAT
msa255059.2{91_090}		CTTTCTATGC	AAAGAAAGGT	GATAAAGTTT	TCTATGACCA	AGTATTTAAT
msa255059.2{91_A909}		CTTTCTATGC	AAAGAAAGGT	GATAAAGTTT	TCTATGACCA	AGTATTTAAT
msa255059.2{91_CJB110}		CTTTCTATGC	AAAGAAAGGT	GATAAAGTTT	TCTATGACCA	AGTATTTAAT
msa255059.2{91_H36B}		CTTTCTATGC	AAAGAAAGGT	GATAAAGTTT	TCTATGACCA	AGTATTTAAT
msa255059.2{91_JM9130013}		CTTTCTATGC	AAAGAAAGGT	GATAAAGTTT	TCTATGACCA	AGTATTTAAT
Consensus		*****	*****	*****	*****	*****
msa255059.2{91_M732}	451	AAAGATAATG	TgAAATGGAT	TTCATATAAG	TCTTTTgGTG	GCGTACGTCG
msa255059.2{91_M781}	500	AAAGATAATG	TgAAATGGAT	TTCATATAAG	TCTTTTgGTG	GCGTACGTCG
msa255059.2{91_COH1}		AAAGATAATG	TtAAATGGAT	TTCATATAAG	TCTTTTgGTG	GCGTACGTCG
msa255059.2{91_18RS21}		AAAGATAATG	TgAAATGGAT	TTCATATAAG	TCTTTTtGTG	GCGTACGTCG
msa255059.2{91_2603}		AAAGATAATG	TgAAATGGAT	TTCATATAAG	TCTTTTtGTG	GCGTACGTCG
msa255059.2{91_1169NT}		AAAGATAATG	TgAAATGGAT	TTCATATAAG	TCTTTTgGTG	GCGTACGTCG
msa255059.2{91_090}		AAAGATAATG	TgAAATGGAT	TTCATATAAG	TCTTTTtGTG	GCGTACGTCG
msa255059.2{91_A909}		AAAGATAATG	TgAAATGGAT	TTCATATAAG	TCTTTTtGTG	GCGTACGTCG
msa255059.2{91_CJB110}		AAAGATAATG	TgAAATGGAT	TTCATATAAG	TCTTTTtGTG	GCGTACGTCG
msa255059.2{91_H36B}		AAAGATAATG	TgAAATGGAT	TTCATATAAG	TCTTTTtGTG	GCGTACGTCG
msa255059.2{91_JM9130013}		AAAGATAATG	TgAAATGGAT	TTCATATAAG	TCTTTTtGTG	GCGTACGTCG
Consensus		*****	*-*****	*****	*****-**	*****
msa255059.2{91_M732}	501	ATACGCAGCT	ATTGAGTCAC	TAGATCCATC	AGGAGGTTCA	GAGACTAAAG
msa255059.2{91_M781}	550	ATACGCAGCT	ATTGAGTCAC	TAGATCCATC	AGGAGGTTCA	GAGACTAAAG
msa255059.2{91_COH1}		ATACGCAGCT	ATTGAGTCAC	TAGATCCATC	AGGAGGTTCA	GAGACTAAAG
msa255059.2{91_18RS21}		ATACGCAGCT	ATTGAGTCAC	TAGATCCATC	AGGAGGTTCA	GAGACTAAAG
msa255059.2{91_2603}		ATACGCAGCT	ATTGAGTCAC	TAGATCCATC	AGGAGGTTCA	GAGACTAAAG
msa255059.2{91_1169NT}		ATACGCAGCT	ATTGAGTCAC	TAGATCCATC	AGGAGGTTCA	GAGACTAAAG
msa255059.2{91_090}		ATACGCAGCT	ATTGAGTCAC	TAGATCCATC	AGGAGGTTCA	GAGACTAAAG
msa255059.2{91_A909}		ATACGCAGCT	ATTGAGTCAC	TAGATCCATC	AGGAGGTTCA	GAGACTAAAG
msa255059.2{91_CJB110}		ATACGCAGCT	ATTGAGTCAC	TAGATCCATC	AGGAGGTTCA	GAGACTAAAG
msa255059.2{91_H36B}		ATACGCAGCT	ATTGAGTCAC	TAGATCCATC	AGGAGGTTCA	GAGACTAAAG
msa255059.2{91_JM9130013}		ATACGCAGCT	ATTGAGTCAC	TAGATCCATC	AGGAGGTTCA	GAGACTAAAG
Consensus		*****	*****	*****	*****	*****
msa255059.2{91_M732}	551	CACCTACTCC	TGTAACAAAT	TCAGGAAGCA	ATAATCAAGA	GAAAATAGCA
msa255059.2{91_M781}	600	CACCTACTCC	TGTAACAAAT	TCAGGAAGCA	ATAATCAAGA	GAAAATAGCA
msa255059.2{91_COH1}		CACCTACTCC	TGTAACAAAT	TCAGGAAGCA	ATAATCAAGA	GAAAATAGCA
msa255059.2{91_18RS21}		CACCTACTCC	TGTAACAAAT	TCAGGAAGCA	ATAATCAAGA	GAAAATAGCA
msa255059.2{91_2603}		CACCTACTCC	TGTAACAAAT	TCAGGAAGCA	ATAATCAAGA	GAAAATAGCA
msa255059.2{91_1169NT}		CACCTACTCC	TGTAACAAAT	TCAGGAAGCA	ATAATCAAGA	GAAAATAGCA
msa255059.2{91_090}		CACCTACTCC	TGTAACAAAT	TCAGGAAGCA	ATAATCAAGA	GAAAATAGCA
msa255059.2{91_A909}		CACCTACTCC	TGTAACAAAT	TCAGGAAGCA	ATAATCAAGA	GAAAATAGCA
msa255059.2{91_CJB110}		CACCTACTCC	TGTAACAAAT	TCAGGAAGCA	ATAATCAAGA	GAAAATAGCA
msa255059.2{91_H36B}		CACCTACTCC	TGTAACAAAT	TCAGGAAGCA	ATAATCAAGA	GAAAATAGCA
msa255059.2{91_JM9130013}		CACCTACTCC	TGTAACAAAT	TCAGGAAGCA	ATAATCAAGA	GAAAATAGCA
Consensus		*****	*****	*****	*****	*****
msa255059.2{91_M732}	601	ACGCAAGGAA	ATTATACATT	TTCACATAAA	GTAGAAGTAA	AAAATGAAGC
msa255059.2{91_M781}	650	ACGCAAGGAA	ATTATACATT	TTCACATAAA	GTAGAAGTAA	AAAATGAAGC
msa255059.2{91_COH1}		ACGCAAGGAA	ATTATACATT	TTCACATAAA	GTAGAAGTAA	AAAATGAAGC
msa255059.2{91_18RS21}		ACGCAAGGAA	ATTATACATT	TTCACATAAA	GTAGAAGTAA	AAAATGAAGC
msa255059.2{91_2603}		ACGCAAGGAA	ATTATACATT	TTCACATAAA	GTAGAAGTAA	AAAATGAAGC
msa255059.2{91_1169NT}		ACGCAAGGAA	ATTATACATT	TTCACATAAA	GTAGAAGTAA	AAAATGAAGC
msa255059.2{91_090}		ACGCAAGGAA	ATTATACATT	TTCACATAAA	GTAGAAGTAA	AAAATGAAGC
msa255059.2{91_A909}		ACGCAAGGAA	ATTATACATT	TTCACATAAA	GTAGAAGTAA	AAAATGAAGC
msa255059.2{91_CJB110}		ACGCAAGGAA	ATTATACATT	TTCACATAAA	GTAGAAGTAA	AAAATGAAGC
msa255059.2{91_H36B}		ACGCAAGGAA	ATTATACATT	TTCACATAAA	GTAGAAGTAA	AAAATGAAGC
msa255059.2{91_JM9130013}		ACGCAAGGAA	ATTATACATT	TTCACATAAA	GTAGAAGTAA	AAAATGAAGC
Consensus		*****	*****	*****	*****	*****
msa255059.2{91_M732}	651	TAAGGTAGCG	AGTCCAACCT	AATTTACATT	GGACAAAGGA	GACAGAATTT
msa255059.2{91_M781}	700	TAAGGTAGCG	AGTCCAACCT	AATTTACATT	GGACAAAGGA	GACAGAATTT
msa255059.2{91_COH1}		TAAGGTAGCG	AGTCCAACCT	AATTTACATT	GGACAAAGGA	GACAGAATTT
msa255059.2{91_18RS21}		TAAGGTAGCG	AGTCCAACCT	AATTTACATT	GGACAAAGGA	GACAGAATTT

Table 89: Comparative Sequences relating to SAG1350

msa255059.2{91_2603}	TAAGGTAGCG	AGTCCAACCTC	AATTTACATT	GGACAAAGGA	GACAGAATTT
msa255059.2{91_1169NT}	TAAGGTAGCG	AGTCCAACCTC	AATTTACATT	GGACAAAGGA	GACAGAATTT
msa255059.2{91_090}	TAAGGTAGCG	AGTCCAACCTC	AATTTACATT	GGACAAAGGA	GACAGAATTT
msa255059.2{91_A909}	TAAGGTAGCG	AGTCCAACCTC	AATTTACATT	GGACAAAGGA	GACAGAATTT
msa255059.2{91_CJB110}	TAAGGTAGCG	AGTCCAACCTC	AATTTACATT	GGACAAAGGA	GACAGAATTT
msa255059.2{91_H36B}	TAAGGTAGCG	AGTCCAACCTC	AATTTACATT	GGACAAAGGA	GACAGAATTT
msa255059.2{91_JM9130013}	TAAGGTAGCG	AGTCCAACCTC	AATTTACATT	GGACAAAGGA	GACAGAATTT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa255059.2{91_M732}	TTTACGACCA	AATACTAACT	ATTGAAGGAA	ATCAGTGGTT	ATCTTATAAA
msa255059.2{91_M781}	TTTACGACCA	AATACTAACT	ATTGAAGGAA	ATCAGTGGTT	ATCTTATAAA
msa255059.2{91_COH1}	TTTACGACCA	AATACTAACT	ATTGAAGGAA	ATCAGTGGTT	ATCTTATAAA
msa255059.2{91_18RS21}	TTTACGACCA	AATACTAACT	ATTGAAGGAA	ATCAGTGGTT	ATCTTATAAA
msa255059.2{91_2603}	TTTACGACCA	AATACTAACT	ATTGAAGGAA	ATCAGTGGTT	ATCTTATAAA
msa255059.2{91_1169NT}	TTTACGACCA	AATACTAACT	ATTGAAGGAA	ATCAGTGGTT	ATCTTATAAA
msa255059.2{91_090}	TTTACGACCA	AATACTAACT	ATTGAAGGAA	ATCAGTGGTT	ATCTTATAAA
msa255059.2{91_A909}	TTTACGACCA	AATACTAACT	ATTGAAGGAA	ATCAGTGGTT	ATCTTATAAA
msa255059.2{91_CJB110}	TTTACGACCA	AATACTAACT	ATTGAAGGAA	ATCAGTGGTT	ATCTTATAAA
msa255059.2{91_H36B}	TTTACGACCA	AATACTAACT	ATTGAAGGAA	ATCAGTGGTT	ATCTTATAAA
msa255059.2{91_JM9130013}	TTTACGACCA	AATACTAACT	ATTGAAGGAA	ATCAGTGGTT	ATCTTATAAA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa255059.2{91_M732}	TCATTCAATG	GTGTTGCTCG	TTTTGTTTTG	CTAGGTAAAG	CATCTTCAGT
msa255059.2{91_M781}	TCATTCAATG	GTGTTGCTCG	TTTTGTTTTG	CTAGGTAAAG	CATCTTCAGT
msa255059.2{91_COH1}	TCATTCAATG	GTGTTGCTCG	TTTTGTTTTG	CTAGGTAAAG	CATCTTCAGT
msa255059.2{91_18RS21}	TCATTCAATG	GTGTTGCTCG	TTTTGTTTTG	CTAGGTAAAG	CATCTTCAGT
msa255059.2{91_2603}	TCATTCAATG	GTGTTGCTCG	TTTTGTTTTG	CTAGGTAAAG	CATCTTCAGT
msa255059.2{91_1169NT}	TCATTCAATG	GTGTTGCTCG	TTTTGTTTTG	CTAGGTAAAG	CATCTTCAGT
msa255059.2{91_090}	TCATTCAATG	GTGTTGCTCG	TTTTGTTTTG	CTAGGTAAAG	CATCTTCAGT
msa255059.2{91_A909}	TCATTCAATG	GTGTTGCTCG	TTTTGTTTTG	CTAGGTAAAG	CATCTTCAGT
msa255059.2{91_CJB110}	TCATTCAATG	GTGTTGCTCG	TTTTGTTTTG	CTAGGTAAAG	CATCTTCAGT
msa255059.2{91_H36B}	TCATTCAATG	GTGTTGCTCG	TTTTGTTTTG	CTAGGTAAAG	CATCTTCAGT
msa255059.2{91_JM9130013}	TCATTCAATG	GTGTTGCTCG	TTTTGTTTTG	CTAGGTAAAG	CATCTTCAGT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa255059.2{91_M732}	AGAAAAAAGT	GAAGATAAAG	AAAAAGTGTC	TCCTCAACCA	CAAGCCCGTA
msa255059.2{91_M781}	AGAAAAAAGT	GAAGATAAAG	AAAAAGTGTC	TCCTCAACCA	CAAGCCCGTA
msa255059.2{91_COH1}	AGAAAAAAGT	GAAGATAAAG	AAAAAGTGTC	TCCTCAACCA	CAAGCCCGTA
msa255059.2{91_18RS21}	AGAAAAAAGT	GAAGATAAAG	AAAAAGTGTC	TCCTCAACCA	CAAGCCCGTA
msa255059.2{91_2603}	AGAAAAAAGT	GAAGATAAAG	AAAAAGTGTC	TCCTCAACCA	CAAGCCCGTA
msa255059.2{91_1169NT}	AGAAAAAAGT	GAAGATAAAG	AAAAAGTGTC	TCCTCAACCA	CAAGCCCGTA
msa255059.2{91_090}	AGAAAAAAGT	GAAGATAAAG	AAAAAGTGTC	TCCTCAACCA	CAAGCCCGTA
msa255059.2{91_A909}	AGAAAAAAGT	GAAGATAAAG	AAAAAGTGTC	TCCTCAACCA	CAAGCCCGTA
msa255059.2{91_CJB110}	AGAAAAAAGT	GAAGATAAAG	AAAAAGTGTC	TCCTCAACCA	CAAGCCCGTA
msa255059.2{91_H36B}	AGAAAAAAGT	GAAGATAAAG	AAAAAGTGTC	TCCTCAACCA	CAAGCCCGTA
msa255059.2{91_JM9130013}	AGAAAAAAGT	GAAGATAAAG	AAAAAGTGTC	TCCTCAACCA	CAAGCCCGTA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa255059.2{91_M732}	TTACTAAAAC	TGGTAGACTG	ACTATTTCtA	ACGAAACAAC	TACAGGTTTT
msa255059.2{91_M781}	TTACTAAAAC	TGGTAGACTG	ACTATTTCtA	ACGAAACAAC	TACAGGTTTT
msa255059.2{91_COH1}	TTACTAAAAC	TGGTAGACTG	ACTATTTCtA	ACGAAACAAC	TACAGGTTTT
msa255059.2{91_18RS21}	TTACTAAAAC	TGGTAGACTG	ACTATTTCtA	ACGAAACAAC	TACAGGTTTT
msa255059.2{91_2603}	TTACTAAAAC	TGGTAGACTG	ACTATTTCtA	ACGAAACAAC	TACAGGTTTT
msa255059.2{91_1169NT}	TTACTAAAAC	TGGTAGACTG	ACTATTTCtA	ACGAAACAAC	TACAGGTTTT
msa255059.2{91_090}	TTACTAAAAC	TGGTAGACTG	ACTATTTCtA	ACGAAACAAC	TACAGGTTTT
msa255059.2{91_A909}	TTACTAAAAC	TGGTAGACTG	ACTATTTCtA	ACGAAACAAC	TACAGGTTTT
msa255059.2{91_CJB110}	TTACTAAAAC	TGGTAGACTG	ACTATTTCtA	ACGAAACAAC	TACAGGTTTT
msa255059.2{91_H36B}	TTACTAAAAC	TGGTAGACTG	ACTATTTCtA	ACGAAACAAC	TACAGGTTTT
msa255059.2{91_JM9130013}	TTACTAAAAC	TGGTAGACTG	ACTATTTCtA	ACGAAACAAC	TACAGGTTTT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa255059.2{91_M732}	GATATTTTAA	TTACGAATAT	TAAAGATGAT	AACGGTATCG	CTGCTGTTAA
msa255059.2{91_M781}	GATATTTTAA	TTACGAATAT	TAAAGATGAT	AACGGTATCG	CTGCTGTTAA
msa255059.2{91_COH1}	GATATTTTAA	TTACGAATAT	TAAAGATGAT	AACGGTATCG	CTGCTGTTAA
msa255059.2{91_18RS21}	GATATTTTAA	TTACGAATAT	TAAAGATGAT	AACGGTATCG	CTGCTGTTAA
msa255059.2{91_2603}	GATATTTTAA	TTACGAATAT	TAAAGATGAT	AACGGTATCG	CTGCTGTTAA
msa255059.2{91_1169NT}	GATATTTTAA	TTACGAATAT	TAAAGATGAT	AACGGTATCG	CTGCTGTTAA
msa255059.2{91_090}	GATATTTTAA	TTACGAATAT	TAAAGATGAT	AACGGTATCG	CTGCTGTTAA
msa255059.2{91_A909}	GATATTTTAA	TTACGAATAT	TAAAGATGAT	AACGGTATCG	CTGCTGTTAA
msa255059.2{91_CJB110}	GATATTTTAA	TTACGAATAT	TAAAGATGAT	AACGGTATCG	CTGCTGTTAA
msa255059.2{91_H36B}	GATATTTTAA	TTACGAATAT	TAAAGATGAT	AACGGTATCG	CTGCTGTTAA
msa255059.2{91_JM9130013}	GATATTTTAA	TTACGAATAT	TAAAGATGAT	AACGGTATCG	CTGCTGTTAA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa255059.2{91_M732}	GGTACCGGTT	TGGACTGAAC	AAGGAGGGCA	AGATGATATT	AAATGGTATA
msa255059.2{91_M781}	GGTACCGGTT	TGGACTGAAC	AAGGAGGGCA	AGATGATATT	AAATGGTATA
msa255059.2{91_COH1}	GGTACCGGTT	TGGACTGAAC	AAGGAGGGCA	AGATGATATT	AAATGGTATA

Table 89: Comparative Sequences relating to SAG1350

msa255059.2{91_18RS21}	GGTACCGGTT	TGGACTGAAC	AAGGAGGGCA	AGATGATATT	AAATGGTATA
msa255059.2{91_2603}	GGTACCGGTT	TGGACTGAAC	AAGGAGGGCA	AGATGATATT	AAATGGTATA
msa255059.2{91_1169NT}	GGTACCGGTT	TGGACTGAAC	AAGGAGGGCA	AGATGATATT	AAATGGTATA
msa255059.2{91_090}	GGTACCGGTT	TGGACTGAAC	AAGGAGGGCA	AGATGATATT	AAATGGTATA
msa255059.2{91_A909}	GGTACCGGTT	TGGACTGAAC	AAGGAGGGCA	AGATGATATT	AAATGGTATA
msa255059.2{91_CJB110}	GGTACCGGTT	TGGACTGAAC	AAGGAGGGCA	AGATGATATT	AAATGGTATA
msa255059.2{91_H36B}	GGTACCGGTT	TGGACTGAAC	AAGGAGGGCA	AGATGATATT	AAATGGTATA
msa255059.2{91_JM9130013}	GGTACCGGTT	TGGACTGAAC	AAGGAGGGCA	AGATGATATT	AAATGGTATA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa255059.2{91_M732}	CAGCTGTAAC	TACTGGGGAT	GGCAACTACA	AAGTAGCTGT	ATCATTGCT
msa255059.2{91_M781}	CAGCTGTAAC	TACTGGGGAT	GGCAACTACA	AAGTAGCTGT	ATCATTGCT
msa255059.2{91_COH1}	CAGCTGTAAC	TACTGGGGAT	GGCAACTACA	AAGTAGCTGT	ATCATTGCT
msa255059.2{91_18RS21}	CAGCTGTAAC	TACTGGGGAT	GGCAACTACA	AAGTAGCTGT	ATCATTGCT
msa255059.2{91_2603}	CAGCTGTAAC	TACTGGGGAT	GGCAACTACA	AAGTAGCTGT	ATCATTGCT
msa255059.2{91_1169NT}	CAGCTGTAAC	TACTGGGGAT	GGCAACTACA	AAGTAGCTGT	ATCATTGCT
msa255059.2{91_090}	CAGCTGTAAC	TACTGGGGAT	GGCAACTACA	AAGTAGCTGT	ATCATTGCT
msa255059.2{91_A909}	CAGCTGTAAC	TACTGGGGAT	GGCAACTACA	AAGTAGCTGT	ATCATTGCT
msa255059.2{91_CJB110}	CAGCTGTAAC	TACTGGGGAT	GGCAACTACA	AAGTAGCTGT	ATCATTGCT
msa255059.2{91_H36B}	CAGCTGTAAC	TACTGGGGAT	GGCAACTACA	AAGTAGCTGT	ATCATTGCT
msa255059.2{91_JM9130013}	CAGCTGTAAC	TACTGGGGAT	GGCAACTACA	AAGTAGCTGT	ATCATTGCT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa255059.2{91_M732}	GACCATAAGA	ATGAGAAGGG	TCITTATAAT	ATTCAATTAT	ACTACCAAGA
msa255059.2{91_M781}	GACCATAAGA	ATGAGAAGGG	TCITTATAAT	ATTCAATTAT	ACTACCAAGA
msa255059.2{91_COH1}	GACCATAAGA	ATGAGAAGGG	TCITTATAAT	ATTCAATTAT	ACTACCAAGA
msa255059.2{91_18RS21}	GACCATAAGA	ATGAGAAGGG	TCITTATAAT	ATTCAATTAT	ACTACCAAGA
msa255059.2{91_2603}	GACCATAAGA	ATGAGAAGGG	TCITTATAAT	ATTCAATTAT	ACTACCAAGA
msa255059.2{91_1169NT}	GACCATAAGA	ATGAGAAGGG	TCITTATAAT	ATTCAATTAT	ACTACCAAGA
msa255059.2{91_090}	GACCATAAGA	ATGAGAAGGG	TCITTATAAT	ATTCAATTAT	ACTACCAAGA
msa255059.2{91_A909}	GACCATAAGA	ATGAGAAGGG	TCITTATAAT	ATTCAATTAT	ACTACCAAGA
msa255059.2{91_CJB110}	GACCATAAGA	ATGAGAAGGG	TCITTATAAT	ATTCAATTAT	ACTACCAAGA
msa255059.2{91_H36B}	GACCATAAGA	ATGAGAAGGG	TCITTATAAT	ATTCAATTAT	ACTACCAAGA
msa255059.2{91_JM9130013}	GACCATAAGA	ATGAGAAGGG	TCITTATAAT	ATTCAATTAT	ACTACCAAGA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa255059.2{91_M732}	AGCTAGTGGG	ACACTTGTAG	GTGTAACAGG	AACTAAAGTG	ACAGTAGCTG
msa255059.2{91_M781}	AGCTAGTGGG	ACACTTGTAG	GTGTAACAGG	AACTAAAGTG	ACAGTAGCTG
msa255059.2{91_COH1}	AGCTAGTGGG	ACACTTGTAG	GTGTAACAGG	AACTAAAGTG	ACAGTAGCTG
msa255059.2{91_18RS21}	AGCTAGTGGG	ACACTTGTAG	GTGTAACAGG	AACTAAAGTG	ACAGTAGCTG
msa255059.2{91_2603}	AGCTAGTGGG	ACACTTGTAG	GTGTAACAGG	AACTAAAGTG	ACAGTAGCTG
msa255059.2{91_1169NT}	AGCTAGTGGG	ACACTTGTAG	GTGTAACAGG	AACTAAAGTG	ACAGTAGCTG
msa255059.2{91_090}	AGCTAGTGGG	ACACTTGTAG	GTGTAACAGG	AACTAAAGTG	ACAGTAGCTG
msa255059.2{91_A909}	AGCTAGTGGG	ACACTTGTAG	GTGTAACAGG	AACTAAAGTG	ACAGTAGCTG
msa255059.2{91_CJB110}	AGCTAGTGGG	ACACTTGTAG	GTGTAACAGG	AACTAAAGTG	ACAGTAGCTG
msa255059.2{91_H36B}	AGCTAGTGGG	ACACTTGTAG	GTGTAACAGG	AACTAAAGTG	ACAGTAGCTG
msa255059.2{91_JM9130013}	AGCTAGTGGG	ACACTTGTAG	GTGTAACAGG	AACTAAAGTG	ACAGTAGCTG
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa255059.2{91_M732}	GAACATAATTC	TTCTCAAGAA	CCTATTGAAA	ATGGTTTAgC	AAAGACTGGT
msa255059.2{91_M781}	GAACATAATTC	TTCTCAAGAA	CCTATTGAAA	ATGGTTTAgC	AAAGACTGGT
msa255059.2{91_COH1}	GAACATAATTC	TTCTCAAGAA	CCTATTGAAA	ATGGTTTAgC	AAAGACTGGT
msa255059.2{91_18RS21}	GAACATAATTC	TTCTCAAGAA	CCTATTGAAA	ATGGTTTAgC	AAAGACTGGT
msa255059.2{91_2603}	GAACATAATTC	TTCTCAAGAA	CCTATTGAAA	ATGGTTTAgC	AAAGACTGGT
msa255059.2{91_1169NT}	GAACATAATTC	TTCTCAAGAA	CCTATTGAAA	ATGGTTTAgC	AAAGACTGGT
msa255059.2{91_090}	GAACATAATTC	TTCTCAAGAA	CCTATTGAAA	ATGGTTTAgC	AAAGACTGGT
msa255059.2{91_A909}	GAACATAATTC	TTCTCAAGAA	CCTATTGAAA	ATGGTTTAgC	AAAGACTGGT
msa255059.2{91_CJB110}	GAACATAATTC	TTCTCAAGAA	CCTATTGAAA	ATGGTTTAgC	AAAGACTGGT
msa255059.2{91_H36B}	GAACATAATTC	TTCTCAAGAA	CCTATTGAAA	ATGGTTTAgC	AAAGACTGGT
msa255059.2{91_JM9130013}	GAACATAATTC	TTCTCAAGAA	CCTATTGAAA	ATGGTTTAgC	AAAGACTGGT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa255059.2{91_M732}	GTTTATAATA	TTATCGGAAG	TACTGAAGTA	AAAAATGAAG	CTAAAATATC
msa255059.2{91_M781}	GTTTATAATA	TTATCGGAAG	TACTGAAGTA	AAAAATGAAG	CTAAAATATC
msa255059.2{91_COH1}	GTTTATAATA	TTATCGGAAG	TACTGAAGTA	AAAAATGAAG	CTAAAATATC
msa255059.2{91_18RS21}	GTTTATAATA	TTATCGGAAG	TACTGAAGTA	AAAAATGAAG	CTAAAATATC
msa255059.2{91_2603}	GTTTATAATA	TTATCGGAAG	TACTGAAGTA	AAAAATGAAG	CTAAAATATC
msa255059.2{91_1169NT}	GTTTATAATA	TTATCGGAAG	TACTGAAGTA	AAAAATGAAG	CTAAAATATC
msa255059.2{91_090}	GTTTATAATA	TTATCGGAAG	TACTGAAGTA	AAAAATGAAG	CTAAAATATC
msa255059.2{91_A909}	GTTTATAATA	TTATCGGAAG	TACTGAAGTA	AAAAATGAAG	CTAAAATATC
msa255059.2{91_CJB110}	GTTTATAATA	TTATCGGAAG	TACTGAAGTA	AAAAATGAAG	CTAAAATATC
msa255059.2{91_H36B}	GTTTATAATA	TTATCGGAAG	TACTGAAGTA	AAAAATGAAG	CTAAAATATC
msa255059.2{91_JM9130013}	GTTTATAATA	TTATCGGAAG	TACTGAAGTA	AAAAATGAAG	CTAAAATATC
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa255059.2{91_M732}	AAGTCAGACC	CAATTTACTT	TAGAAAAAGG	TGACAAAATA	AATTATGATC
msa255059.2{91_M781}	AAGTCAGACC	CAATTTACTT	TAGAAAAAGG	TGACAAAATA	AATTATGATC

Table 89: Comparative Sequences relating to SAG1350

msa255059.2{91_COH1}	AAGTCAGACC	CAATTTACTT	TAGAAAAAGG	TGACAAAATA	AATTATGATC
msa255059.2{91_18RS21}	AAGTCAGACC	CAATTTACTT	TAGAAAAAGG	TGACAAAATA	AATTATGATC
msa255059.2{91_2603}	AAGTCAGACC	CAATTTACTT	TAGAAAAAGG	TGACAAAATA	AATTATGATC
msa255059.2{91_1169NT}	AAGTCAGACC	CAATTTACTT	TAGAAAAAGG	TGACAAAATA	AATTATGATC
msa255059.2{91_A909}	AAGTCAGACC	CAATTTACTT	TAGAAAAAGG	TGACAAAATA	AATTATGATC
msa255059.2{91_CJB110}	AAGTCAGACC	CAATTTACTT	TAGAAAAAGG	TGACAAAATA	AATTATGATC
msa255059.2{91_H36B}	AAGTCAGACC	CAATTTACTT	TAGAAAAAGG	TGACAAAATA	AATTATGATC
msa255059.2{91_JM9130013}	AAGTCAGACC	CAATTTACTT	TAGAAAAAGG	TGACAAAATA	AATTATGATC
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa255059.2{91_M732}	AAGTATTGAC	AGCAGATGGT	TACCACTGGA	TTTCTTACAA	ATCTTATAGT
msa255059.2{91_M781}	AAGTATTGAC	AGCAGATGGT	TACCACTGGA	TTTCTTACAA	ATCTTATAGT
msa255059.2{91_COH1}	AAGTATTGAC	AGCAGATGGT	TACCACTGGA	TTTCTTACAA	ATCTTATAGT
msa255059.2{91_18RS21}	AAGTATTGAC	AGCAGATGGT	TACCACTGGA	TTTCTTACAA	ATCTTATAGT
msa255059.2{91_2603}	AAGTATTGAC	AGCAGATGGT	TACCACTGGA	TTTCTTACAA	ATCTTATAGT
msa255059.2{91_1169NT}	AAGTATTGAC	AGCAGATGGT	TACCACTGGA	TTTCTTACAA	ATCTTATAGT
msa255059.2{91_090}	AAGTATTGAC	AGCAGATGGT	TACCACTGGA	TTTCTTACAA	ATCTTATAGT
msa255059.2{91_A909}	AAGTATTGAC	AGCAGATGGT	TACCACTGGA	TTTCTTACAA	ATCTTATAGT
msa255059.2{91_CJB110}	AAGTATTGAC	AGCAGATGGT	TACCACTGGA	TTTCTTACAA	ATCTTATAGT
msa255059.2{91_H36B}	AAGTATTGAC	AGCAGATGGT	TACCACTGGA	TTTCTTACAA	ATCTTATAGT
msa255059.2{91_JM9130013}	AAGTATTGAC	AGCAGATGGT	TACCACTGGA	TTTCTTACAA	ATCTTATAGT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa255059.2{91_M732}	GGTGTTCGTC	GCTATATTCC	TGTGAAAAAG	CTAACTACAA	GTAGTGAAAA
msa255059.2{91_M781}	GGTGTTCGTC	GCTATATTCC	TGTGAAAAAG	CTAACTACAA	GTAGTGAAAA
msa255059.2{91_COH1}	GGTGTTCGTC	GCTATATTCC	TGTGAAAAAG	CTAACTACAA	GTAGTGAAAA
msa255059.2{91_18RS21}	GGTGTTCGTC	GCTATATTCC	TGTGAAAAAG	CTAACTACAA	GTAGTGAAAA
msa255059.2{91_2603}	GGTGTTCGTC	GCTATATTCC	TGTGAAAAAG	CTAACTACAA	GTAGTGAAAA
msa255059.2{91_1169NT}	GGTGTTCGTC	GCTATATTCC	TGTGAAAAAG	CTAACTACAA	GTAGTGAAAA
msa255059.2{91_090}	GGTGTTCGTC	GCTATATTCC	TGTGAAAAAG	CTAACTACAA	GTAGTGAAAA
msa255059.2{91_A909}	GGTGTTCGTC	GCTATATTCC	TGTGAAAAAG	CTAACTACAA	GTAGTGAAAA
msa255059.2{91_CJB110}	GGTGTTCGTC	GCTATATTCC	TGTGAAAAAG	CTAACTACAA	GTAGTGAAAA
msa255059.2{91_H36B}	GGTGTTCGTC	GCTATATTCC	TGTGAAAAAG	CTAACTACAA	GTAGTGAAAA
msa255059.2{91_JM9130013}	GGTGTTCGTC	GCTATATTCC	TGTGAAAAAG	CTAACTACAA	GTAGTGAAAA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa255059.2{91_M732}	AGCGAAAGAT	GAGGCGACTA	AACCGACTAG	TTATCCCAAC	TTACCTAAAA
msa255059.2{91_M781}	AGCGAAAGAT	GAGGCGACTA	AACCGACTAG	TTATCCCAAC	TTACCTAAAA
msa255059.2{91_COH1}	AGCGAAAGAT	GAGGCGACTA	AACCGACTAG	TTATCCCAAC	TTACCTAAAA
msa255059.2{91_18RS21}	AGCGAAAGAT	GAGGCGACTA	AACCGACTAG	TTATCCCAAC	TTACCTAAAA
msa255059.2{91_2603}	AGCGAAAGAT	GAGGCGACTA	AACCGACTAG	TTATCCCAAC	TTACCTAAAA
msa255059.2{91_1169NT}	AGCGAAAGAT	GAGGCGACTA	AACCGACTAG	TTATCCCAAC	TTACCTAAAA
msa255059.2{91_090}	AGCGAAAGAT	GAGGCGACTA	AACCGACTAG	TTATCCCAAC	TTACCTAAAA
msa255059.2{91_A909}	AGCGAAAGAT	GAGGCGACTA	AACCGACTAG	TTATCCCAAC	TTACCTAAAA
msa255059.2{91_CJB110}	AGCGAAAGAT	GAGGCGACTA	AACCGACTAG	TTATCCCAAC	TTACCTAAAA
msa255059.2{91_H36B}	AGCGAAAGAT	GAGGCGACTA	AACCGACTAG	TTATCCCAAC	TTACCTAAAA
msa255059.2{91_JM9130013}	AGCGAAAGAT	GAGGCGACTA	AACCGACTAG	TTATCCCAAC	TTACCTAAAA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa255059.2{91_M732}	CAGGTACCTA	TACATTTACT	AAAACGTAG	ATGTGAAaAG	TCAACCTAAA
msa255059.2{91_M781}	CAGGTACCTA	TACATTTACT	AAAACGTAG	ATGTGAAaAG	TCAACCTAAA
msa255059.2{91_COH1}	CAGGTACCTA	TACATTTACT	AAAACGTAG	ATGTGAAaAG	TCAACCTAAA
msa255059.2{91_18RS21}	CAGGTACCTA	TACATTTACT	AAAACGTAG	ATGTGAAaAG	TCAACCTAAA
msa255059.2{91_2603}	CAGGTACCTA	TACATTTACT	AAAACGTAG	ATGTGAAaAG	TCAACCTAAA
msa255059.2{91_1169NT}	CAGGTACCTA	TACATTTACT	AAAACGTAG	ATGTGAAaAG	TCAACCTAAA
msa255059.2{91_090}	CAGGTACCTA	TACATTTACT	AAAACGTAG	ATGTGAAaAG	TCAACCTAAA
msa255059.2{91_A909}	CAGGTACCTA	TACATTTACT	AAAACGTAG	ATGTGAAaAG	TCAACCTAAA
msa255059.2{91_CJB110}	CAGGTACCTA	TACATTTACT	AAAACGTAG	ATGTGAAaAG	TCAACCTAAA
msa255059.2{91_H36B}	CAGGTACCTA	TACATTTACT	AAAACGTAG	ATGTGAAaAG	TCAACCTAAA
msa255059.2{91_JM9130013}	CAGGTACCTA	TACATTTACT	AAAACGTAG	ATGTGAAaAG	TCAACCTAAA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa255059.2{91_M732}	GTATCAAGTC	CAGTGGAAAT	TAATTTTCAA	AAGGGTGAAA	AAATACATTA
msa255059.2{91_M781}	GTATCAAGTC	CAGTGGAAAT	TAATTTTCAA	AAGGGTGAAA	AAATACATTA
msa255059.2{91_COH1}	GTATCAAGTC	CAGTGGAAAT	TAATTTTCAA	AAGGGTGAAA	AAATACATTA
msa255059.2{91_18RS21}	GTATCAAGTC	CAGTGGAAAT	TAATTTTCAA	AAGGGTGAAA	AAATACATTA
msa255059.2{91_2603}	GTATCAAGTC	CAGTGGAAAT	TAATTTTCAA	AAGGGTGAAA	AAATACATTA
msa255059.2{91_1169NT}	GTATCAAGTC	CAGTGGAAAT	TAATTTTCAA	AAGGGTGAAA	AAATACATTA
msa255059.2{91_090}	GTATCAAGTC	CAGTGGAAAT	TAATTTTCAA	AAGGGTGAAA	AAATACATTA
msa255059.2{91_A909}	GTATCAAGTC	CAGTGGAAAT	TAATTTTCAA	AAGGGTGAAA	AAATACATTA
msa255059.2{91_CJB110}	GTATCAAGTC	CAGTGGAAAT	TAATTTTCAA	AAGGGTGAAA	AAATACATTA
msa255059.2{91_H36B}	GTATCAAGTC	CAGTGGAAAT	TAATTTTCAA	AAGGGTGAAA	AAATACATTA
msa255059.2{91_JM9130013}	GTATCAAGTC	CAGTGGAAAT	TAATTTTCAA	AAGGGTGAAA	AAATACATTA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa255059.2{91_M732}	TGATCAAGTG	TTAGTAGTAG	ATGGTCATCA	GTGGATTTC	TACAAGAGTT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****

Table 89: Comparative Sequences relating to SAG1350

msa255059.2{91_M781}	TGATCAAGTG	TTAGTAGTAG	ATGGTCATCA	GTGGATTTC	TACAAGAGTT
msa255059.2{91_COH1}	TGATCAAGTG	TTAGTAGTAG	ATGGTCATCA	GTGGATTTC	TACAAGAGTT
msa255059.2{91_18RS21}	TGATCAAGTG	TTAGTAGTAG	ATGGTCATCA	GTGGATTTC	TACAAGAGTT
msa255059.2{91_2603}	TGATCAAGTG	TTAGTAGTAG	ATGGTCATCA	GTGGATTTC	TACAAGAGTT
msa255059.2{91_1169NT}	TGATCAAGTG	TTAGTAGTAG	ATGGTCATCA	GTGGATTTC	TACAAGAGTT
msa255059.2{91_090}	TGATCAAGTG	TTAGTAGTAG	ATGGTCATCA	GTGGATTTC	TACAAGAGTT
msa255059.2{91_A909}	TGATCAAGTG	TTAGTAGTAG	ATGGTCATCA	GTGGATTTC	TACAAGAGTT
msa255059.2{91_CJB110}	TGATCAAGTG	TTAGTAGTAG	ATGGTCATCA	GTGGATTTC	TACAAGAGTT
msa255059.2{91_H36B}	TGATCAAGTG	TTAGTAGTAG	ATGGTCATCA	GTGGATTTC	TACAAGAGTT
msa255059.2{91_JM9130013}	TGATCAAGTG	TTAGTAGTAG	ATGGTCATCA	GTGGATTTC	TACAAGAGTT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****

	1601	1629
msa255059.2{91_M732}	ATTCCGGTAT	TCGTCGCTAT
msa255059.2{91_M781}	ATTCCGGTAT	TCGTCGCTAT
msa255059.2{91_COH1}	ATTCCGGTAT	TCGTCGCTAT
msa255059.2{91_18RS21}	ATTCCGGTAT	TCGTCGCTAT
msa255059.2{91_2603}	ATTCCGGTAT	TCGTCGCTAT
msa255059.2{91_1169NT}	ATTCCGGTAT	TCGTCGCTAT
msa255059.2{91_090}	ATTCCGGTAT	TCGTCGCTAT
msa255059.2{91_A909}	ATTCCGGTAT	TCGTCGCTAT
msa255059.2{91_CJB110}	ATTCCGGTAT	TCGTCGCTAT
msa255059.2{91_H36B}	ATTCCGGTAT	TCGTCGCTAT
msa255059.2{91_JM9130013}	ATTCCGGTAT	TCGTCGCTAT
Consensus	*****	*****

## SEQ ID NO. 8912

STRAIN 2603 frame: 1

MKGQVNDTKQSYSLRKYKFLASVILGSFIMVTSVPVFADQTTSVQVNNQTGTSVDANNSS  
 SNETSASSVITSNNDVQASDKVNSQNTATKDITTPLVETKPMVEKTLPEQGNVYYSKE  
 TEVKNTPSKAPVAFYAKKGDVFPYDQVFNKDNVVKWISYKSPFCGVRRYAAIESLDPGGGS  
 ETKAPTPTVNSGSNNQEKIATQGNITFSHKVEVKNEAKVASPTQFTLDKGDRIFYDQILTI  
 IEGNQWLSYKSFNGVRRFVLLGKASSVEKTEDKEKVSPPQARITKTGRLTISNETTTGFD  
 DILITNIKDDNGIAAVKVPVWTEQGGQDDIKWYTAVTGDNKYKAVSFADHKNEKGLYNI  
 IHLYYQASGTLVGVTGKTVTAGTNSSQEP IENGLAKTGVYNI IGSTEVKNEAKISSQT  
 QFTLEKGDKINVDQVLTADGYQWISYKSYSGVRRYIPVKKLTTSSEKAKDEATKPTSYPNL  
 PKTGTYYTFTKTVDVKSQPKVSSPVEFNFQKGEKIHYDQVLVVDGHWISYKSYSGIRRYI  
 EI

## SEQ ID NO. 8913

STRAIN 090 frame: 1

KKGQVNDTKQSYSLRKYKFLASVILGSFIMVTSVPVFADQTTSVQVNNQTGTSVDANNSS  
 NETSASSVITSNNDVQASDKVNSQNTATKDITTPLVETKPMVEKTLPEQGNVYYSKET  
 EVKNTPSKAPVAFYAKKGDVFPYDQVFNKDNVVKWISYKSPFCGVRRYAAIESLDPGGGS  
 TKAPTPTVNSGSNNQEKIATQGNITFSHKVEVKNEAKVASPTQFTLDKGDRIFYDQILTI  
 IEGNQWLSYKSFNGVRRFVLLGKASSVEKTEDKEKVSPPQARITKTGRLTISNETTTGFD  
 DILITNIKDDNGIAAVKVPVWTEQGGQDDIKWYTAVTGDNKYKAVSFADHKNEKGLYNI  
 IHLYYQASGTLVGVTGKTVTAGTNSSQEP IENGLAKTGVYNI IGSTEVKNEAKISSQT  
 QFTLEKGDKINVDQVLTADGYQWISYKSYSGVRRYIPVKKLTTSSEKAKDEATKPTSYPNL  
 PKTGTYYTFTKTVDVKSQPKVSSPVEFNFQKGEKIHYDQVLVVDGHWISYKSYSGIRRYI  
 EI

## SEQ ID NO. 8914

STRAIN A909 frame: 1

KKGQVNDTKQSYSLRKYKFLASVILGSFIMVTSVPVFADQTTSVQVNNQTGTSVDANNSS  
 NETSASSVITSNNDVQASDKVNSQNTATKDITTPLVETKPMVEKTLPEQGNVYYSKET  
 EVKNTPSKAPVAFYAKKGDVFPYDQVFNKDNVVKWISYKSPFCGVRRYAAIESLDPGGGS  
 TKAPTPTVNSGSNNQEKIATQGNITFSHKVEVKNEAKVASPTQFTLDKGDRIFYDQILTI  
 IEGNQWLSYKSFNGVRRFVLLGKASSVEKTEDKEKVSPPQARITKTGRLTISNETTTGFD  
 DILITNIKDDNGIAAVKVPVWTEQGGQDDIKWYTAVTGDNKYKAVSFADHKNEKGLYNI  
 IHLYYQASGTLVGVTGKTVTAGTNSSQEP IENGLAKTGVYNI IGSTEVKNEAKISSQT  
 QFTLEKGDKINVDQVLTADGYQWISYKSYSGVRRYIPVKKLTTSSEKAKDEATKPTSYPNL  
 PKTGTYYTFTKTVDVKSQPKVSSPVEFNFQKGEKIHYDQVLVVDGHWISYKSYSGIRRYI  
 EI

## SEQ ID NO. 8915

STRAIN H36B frame: 1

KKGQVNDTKQSYSLRKYKFLASVILGSFIMVTSVPVFADQTTSVQVNNQTGTSVDANNSS  
 NETSASSVITSNNDVQASDKVNSQNTATKDITTPLVETKPMVEKTLPEQGNVYYSKET  
 EVKNTPSKAPVAFYAKKGDVFPYDQVFNKDNVVKWISYKSPFCGVRRYAAIESLDPGGGS  
 TKAPTPTVNSGSNNQEKIATQGNITFSHKVEVKNEAKVASPTQFTLDKGDRIFYDQILTI  
 IEGNQWLSYKSFNGVRRFVLLGKASSVEKTEDKEKVSPPQARITKTGRLTISNETTTGFD  
 DILITNIKDDNGIAAVKVPVWTEQGGQDDIKWYTAVTGDNKYKAVSFADHKNEKGLYNI  
 IHLYYQASGTLVGVTGKTVTAGTNSSQEP IENGLAKTGVYNI IGSTEVKNEAKISSQT  
 QFTLEKGDKINVDQVLTADGYQWISYKSYSGVRRYIPVKKLTTSSEKAKDEATKPTSYPNL  
 PKTGTYYTFTKTVDVKSQPKVSSPVEFNFQKGEKIHYDQVLVVDGHWISYKSYSGIRRYI  
 EI

## SEQ ID NO. 8916

STRAIN 18RS21 frame: 1

KKGQVNDTKQSYSLRKYKFLASVILGSFIMVTSVPVFADQTTSVQVNNQTGTSVDANNSS  
 NETSASSVITSNNDVQASDKVNSQNTATKDITTPLVETKPMVEKTLPEQGNVYYSKET

Table 89: Comparative Sequences relating to SAG1350

EVKNTPSKSAFVAFYAKKGDVFDQVFNKDNVWISYKSFVGVRRYAAIESLDPSGGSE  
TKAPTPVINSNGSNNQEKIATQGNVTFSHKVEVKNEAKVASPTQFTLDKGDRIFYDQILTI  
EGNQWLSYKSFNGVRRFVLLGKASSVEKTEDKEKVSFPQARITKTGRLTISNETTTGFD  
ILITNIKDDNGIAAVKVPVWTEQGGQDDIKWYTAVTITGDNVYKAVSFADHKNEKGLYNI  
HLYYQASGTLVGVGTGKVTVAGTNSSQEP IENGLAKTG VYNI IGSTE VKNEAKI SSQTQ  
FTLEKGDKIN YDQVLTADGYQWISYKSYSGVRRYI PVKKLTTSSEKAKDEATKPTSYPNL  
PKTGYTFTKTVDVKSQPKVSSPVFNFQKGEKIHYDQVLVVDGHWISYKSYSGIRRYI  
EI

## SEQ ID NO. 8917

STRAIN M732 frame: 1

QVNDTKQSYSLRKYKFGLASVILGSFIMVTSFVFADQTTSVQVNNQTGTSVDANNSSNET  
SASSVITSNNDVQASDKVNSQNTATKDITPLVETKPMVEKTLPEQGNVYVSKETEVK  
NTPSKSAFVAFYAKKGDVFDQVFNKDNVWISYKSFVGVRRYAAIESLDPSGGSE  
TKAPTPVINSNGSNNQEKIATQGNVTFSHKVEVKNEAKVASPTQFTLDKGDRIFYDQILTI  
EGNQWLSYKSFNGVRRFVLLGKASSVEKTEDKEKVSFPQARITKTGRLTISNETTTGFD  
ILITNIKDDNGIAAVKVPVWTEQGGQDDIKWYTAVTITGDNVYKAVSFADHKNEKGLYNI  
HLYYQASGTLVGVGTGKVTVAGTNSSQEP IENGLAKTG VYNI IGSTE VKNEAKI SSQTQ  
FTLEKGDKIN YDQVLTADGYQWISYKSYSGVRRYI PVKKLTTSSEKAKDEATKPTSYPNL  
PKTGYTFTKTVDVKSQPKVSSPVFNFQKGEKIHYDQVLVVDGHWISYKSYSGIRRYI  
EI

## SEQ ID NO. 8918

STRAIN COH1 frame: 1

KKGQVNDTKQSYSLRKYKFGLASVILGSFIMVTSFVFADQTTSVQVNNQTGTSVDANNSS  
NETSASSVITSNNDVQASDKVNSQNTATKDITPLVETKPMVEKTLPEQGNVYVSKET  
EVKNTPSKSAFVAFYAKKGDVFDQVFNKDNVWISYKSFVGVRRYAAIESLDPSGGSE  
TKAPTPVINSNGSNNQEKIATQGNVTFSHKVEVKNEAKVASPTQFTLDKGDRIFYDQILTI  
EGNQWLSYKSFNGVRRFVLLGKASSVEKTEDKEKVSFPQARITKTGRLTISNETTTGFD  
ILITNIKDDNGIAAVKVPVWTEQGGQDDIKWYTAVTITGDNVYKAVSFADHKNEKGLYNI  
HLYYQASGTLVGVGTGKVTVAGTNSSQEP IENGLAKTG VYNI IGSTE VKNEAKI SSQTQ  
FTLEKGDKIN YDQVLTADGYQWISYKSYSGVRRYI PVKKLTTSSEKAKDEATKPTSYPNL  
PKTGYTFTKTVDVKSQPKVSSPVFNFQKGEKIHYDQVLVVDGHWISYKSYSGIRRYI  
EI

## SEQ ID NO. 8919

STRAIN M781 frame: 1

KKGQVNDTKQSYSLRKYKFGLASVILGSFIMVTSFVFADQTTSVQVNNQTGTSVDANNSS  
NETSASSVITSNNDVQASDKVNSQNTATKDITPLVETKPMVEKTLPEQGNVYVSKET  
EVKNTPSKSAFVAFYAKKGDVFDQVFNKDNVWISYKSFVGVRRYAAIESLDPSGGSE  
TKAPTPVINSNGSNNQEKIATQGNVTFSHKVEVKNEAKVASPTQFTLDKGDRIFYDQILTI  
EGNQWLSYKSFNGVRRFVLLGKASSVEKTEDKEKVSFPQARITKTGRLTISNETTTGFD  
ILITNIKDDNGIAAVKVPVWTEQGGQDDIKWYTAVTITGDNVYKAVSFADHKNEKGLYNI  
HLYYQASGTLVGVGTGKVTVAGTNSSQEP IENGLAKTG VYNI IGSTE VKNEAKI SSQTQ  
FTLEKGDKIN YDQVLTADGYQWISYKSYSGVRRYI PVKKLTTSSEKAKDEATKPTSYPNL  
PKTGYTFTKTVDVKSQPKVSSPVFNFQKGEKIHYDQVLVVDGHWISYKSYSGIRRYI  
EI

## SEQ ID NO. 8920

STRAIN CJB110 frame: 1

KKGQVNDTKQSYSLRKYKFGLASVILGSFIMVTSFVFADQTTSVQVNNQTGTSVDANNSS  
NETSASSVITSNNDVQASDKVNSQNTATKDITPLVETKPMVEKTLPEQGNVYVSKET  
EVKNTPSKSAFVAFYAKKGDVFDQVFNKDNVWISYKSFVGVRRYAAIESLDPSGGSE  
TKAPTPVINSNGSNNQEKIATQGNVTFSHKVEVKNEAKVASPTQFTLDKGDRIFYDQILTI  
EGNQWLSYKSFNGVRRFVLLGKASSVEKTEDKEKVSFPQARITKTGRLTISNETTTGFD  
ILITNIKDDNGIAAVKVPVWTEQGGQDDIKWYTAVTITGDNVYKAVSFADHKNEKGLYNI  
HLYYQASGTLVGVGTGKVTVAGTNSSQEP IENGLAKTG VYNI IGSTE VKNEAKI SSQTQ  
FTLEKGDKIN YDQVLTADGYQWISYKSYSGVRRYI PVKKLTTSSEKAKDEATKPTSYPNL  
PKTGYTFTKTVDVKSQPKVSSPVFNFQKGEKIHYDQVLVVDGHWISYKSYSGIRRYI  
EI

## SEQ ID NO. 8921

STRAIN 1169NT frame: 1

KKGQVNDTKQSYSLRKYKFGLASVILGSFIMVTSFVFADQTTSVQVNNQTGTSVDANNSS  
NETSASSVITSNNDVQASDKVNSQNTATKDITPLVETKPMVEKTLPEQGNVYVSKET  
EVKNTPSKSAFVAFYAKKGDVFDQVFNKDNVWISYKSFVGVRRYAAIESLDPSGGSE  
TKAPTPVINSNGSNNQEKIATQGNVTFSHKVEVKNEAKVASPTQFTLDKGDRIFYDQILTI  
EGNQWLSYKSFNGVRRFVLLGKASSVEKTEDKEKVSFPQARITKTGRLTISNETTTGFD  
ILITNIKDDNGIAAVKVPVWTEQGGQDDIKWYTAVTITGDNVYKAVSFADHKNEKGLYNI  
HLYYQASGTLVGVGTGKVTVAGTNSSQEP IENGLAKTG VYNI IGSTE VKNEAKI SSQTQ  
FTLEKGDKIN YDQVLTADGYQWISYKSYSGVRRYI PVKKLTTSSEKAKDEATKPTSYPNL  
PKTGYTFTKTVDVKSQPKVSSPVFNFQKGEKIHYDQVLVVDGHWISYKSYSGIRRYI  
EI

## SEQ ID NO. 8922

STRAIN JM9130013 frame: 1

KKGQVNDTKQSYSLRKYKFGLASVILGSFIMVTSFVFADQTTSVQVNNQTGTSVDANNSS  
NETSASSVITSNNDVQASDKVNSQNTATKDITPLVETKPMVEKTLPEQGNVYVSKET  
EVKNTPSKSAFVAFYAKKGDVFDQVFNKDNVWISYKSFVGVRRYAAIESLDPSGGSE  
TKAPTPVINSNGSNNQEKIATQGNVTFSHKVEVKNEAKVASPTQFTLDKGDRIFYDQILTI  
EGNQWLSYKSFNGVRRFVLLGKASSVEKTEDKEKVSFPQARITKTGRLTISNETTTGFD  
ILITNIKDDNGIAAVKVPVWTEQGGQDDIKWYTAVTITGDNVYKAVSFADHKNEKGLYNI  
HLYYQASGTLVGVGTGKVTVAGTNSSQEP IENGLAKTG VYNI IGSTE VKNEAKI SSQTQ



Table 89: Comparative Sequences relating to SAG1350

FTLEKGDKINYDQVLTADGYQWISYKSYSGVRRYIPVKKLITSSEKAKDEATKPTSYPNL  
PKTGTYYTFTKTVDVKSQPKVSSPVBFNFQKGEKIHYDQVLVDGHWISYKSYSGIRRYI  
EI

PRETTY of: /biotmp/msa255178.2(\*) February 11, 2003 08:51 ..

	1				50
msa255178.2(91_090)	-kkgQVNDTK	QSYSLRKYKF	GLASVILGSF	IMVTSVPFAD	QITTSVQVNNQ
msa255178.2(91_18RS21)	-kkgQVNDTK	QSYSLRKYKF	GLASVILGSF	IMVTSVPFAD	QITTSVQVNNQ
msa255178.2(91_2603)	mkkgQVNDTK	QSYSLRKYKF	GLASVILGSF	IMVTSVPFAD	QITTSVQVNNQ
msa255178.2(91_A909)	-kkgQVNDTK	QSYSLRKYKF	GLASVILGSF	IMVTSVPFAD	QITTSVQVNNQ
msa255178.2(91_CJB110)	-kkgQVNDTK	QSYSLRKYKF	GLASVILGSF	IMVTSVPFAD	QITTSVQVNNQ
msa255178.2(91_H36B)	-kkgQVNDTK	QSYSLRKYKF	GLASVILGSF	IMVTSVPFAD	QITTSVQVNNQ
msa255178.2(91_JM9130013)	-kkgQVNDTK	QSYSLRKYKF	GLASVILGSF	IMVTSVPFAD	QITTSVQVNNQ
msa255178.2(91_COH1)	-kkgQVNDTK	QSYSLRKYKF	GLASVILGSF	IMVTSVPFAD	QITTSVQVNNQ
msa255178.2(91_M781)	-kkgQVNDTK	QSYSLRKYKF	GLASVILGSF	IMVTSVPFAD	QITTSVQVNNQ
msa255178.2(91_M732)	----QVNDTK	QSYSLRKYKF	GLASVILGSF	IMVTSVPFAD	QITTSVQVNNQ
msa255178.2(91_1169NT)	-kkgQVNDTK	QSYSLRKYKF	GLASVILGSF	IMVTSVPFAD	QITTSVQVNNQ
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
	51				100
msa255178.2(91_090)	TGTSVDAaNS	SNETSASSVI	TSNNDSVQAS	DKVVNSQNTA	TKDITTPLVE
msa255178.2(91_18RS21)	TGTSVDAaNS	SNETSASSVI	TSNNDSVQAS	DKVVNSQNTA	TKDITTPLVE
msa255178.2(91_2603)	TGTSVDAaNS	SNETSASSVI	TSNNDSVQAS	DKVVNSQNTA	TKDITTPLVE
msa255178.2(91_A909)	TGTSVDAaNS	SNETSASSVI	TSNNDSVQAS	DKVVNSQNTA	TKDITTPLVE
msa255178.2(91_CJB110)	TGTSVDAaNS	SNETSASSVI	TSNNDSVQAS	DKVVNSQNTA	TKDITTPLVE
msa255178.2(91_H36B)	TGTSVDAaNS	SNETSASSVI	TSNNDSVQAS	DKVVNSQNTA	TKDITTPLVE
msa255178.2(91_JM9130013)	TGTSVDAaNS	SNETSASSVI	TSNNDSVQAS	DKVVNSQNTA	TKDITTPLVE
msa255178.2(91_COH1)	TGTSVDAaNS	SNETSASSVI	TSNNDSVQAS	DKVVNSQNTA	TKDITTPLVE
msa255178.2(91_M781)	TGTSVDAaNS	SNETSASSVI	TSNNDSVQAS	DKVVNSQNTA	TKDITTPLVE
msa255178.2(91_M732)	TGTSVDAaNS	SNETSASSVI	TSNNDSVQAS	DKVVNSQNTA	TKDITTPLVE
msa255178.2(91_1169NT)	TGTSVDAaNS	SNETSASSVI	TSNNDSVQAS	DKVVNSQNTA	TKDITTPLVE
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
	101				150
msa255178.2(91_090)	TKPMVEKTLF	EQGNVYYSKE	TEVKNTPSKS	APVAFYAKKG	DKVFDQVFN
msa255178.2(91_18RS21)	TKPMVEKTLF	EQGNVYYSKE	TEVKNTPSKS	APVAFYAKKG	DKVFDQVFN
msa255178.2(91_2603)	TKPMVEKTLF	EQGNVYYSKE	TEVKNTPSKS	APVAFYAKKG	DKVFDQVFN
msa255178.2(91_A909)	TKPMVEKTLF	EQGNVYYSKE	TEVKNTPSKS	APVAFYAKKG	DKVFDQVFN
msa255178.2(91_CJB110)	TKPMVEKTLF	EQGNVYYSKE	TEVKNTPSKS	APVAFYAKKG	DKVFDQVFN
msa255178.2(91_H36B)	TKPMVEKTLF	EQGNVYYSKE	TEVKNTPSKS	APVAFYAKKG	DKVFDQVFN
msa255178.2(91_JM9130013)	TKPMVEKTLF	EQGNVYYSKE	TEVKNTPSKS	APVAFYAKKG	DKVFDQVFN
msa255178.2(91_COH1)	TKPMVEKTLF	EQGNVYYSKE	TEVKNTPSKS	APVAFYAKKG	DKVFDQVFN
msa255178.2(91_M781)	TKPMVEKTLF	EQGNVYYSKE	TEVKNTPSKS	APVAFYAKKG	DKVFDQVFN
msa255178.2(91_M732)	TKPMVEKTLF	EQGNVYYSKE	TEVKNTPSKS	APVAFYAKKG	DKVFDQVFN
msa255178.2(91_1169NT)	TKPMVEKTLF	EQGNVYYSKE	TEVKNTPSKS	APVAFYAKKG	DKVFDQVFN
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
	151				200
msa255178.2(91_090)	KDNVKWISYK	SFCGVRRYAA	IESLDPSGGS	ETKAPTPTVN	SGSNNQEKIA
msa255178.2(91_18RS21)	KDNVKWISYK	SFCGVRRYAA	IESLDPSGGS	ETKAPTPTVN	SGSNNQEKIA
msa255178.2(91_2603)	KDNVKWISYK	SFCGVRRYAA	IESLDPSGGS	ETKAPTPTVN	SGSNNQEKIA
msa255178.2(91_A909)	KDNVKWISYK	SFCGVRRYAA	IESLDPSGGS	ETKAPTPTVN	SGSNNQEKIA
msa255178.2(91_CJB110)	KDNVKWISYK	SFCGVRRYAA	IESLDPSGGS	ETKAPTPTVN	SGSNNQEKIA
msa255178.2(91_H36B)	KDNVKWISYK	SFCGVRRYAA	IESLDPSGGS	ETKAPTPTVN	SGSNNQEKIA
msa255178.2(91_JM9130013)	KDNVKWISYK	SFCGVRRYAA	IESLDPSGGS	ETKAPTPTVN	SGSNNQEKIA
msa255178.2(91_COH1)	KDNVKWISYK	SFCGVRRYAA	IESLDPSGGS	ETKAPTPTVN	SGSNNQEKIA
msa255178.2(91_M781)	KDNVKWISYK	SFCGVRRYAA	IESLDPSGGS	ETKAPTPTVN	SGSNNQEKIA
msa255178.2(91_M732)	KDNVKWISYK	SFCGVRRYAA	IESLDPSGGS	ETKAPTPTVN	SGSNNQEKIA
msa255178.2(91_1169NT)	KDNVKWISYK	SFCGVRRYAA	IESLDPSGGS	ETKAPTPTVN	SGSNNQEKIA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
	201				250
msa255178.2(91_090)	TQGNVTFSHK	VEVKNEAKVA	SPTQFTLDKG	DRIFDQILT	IEGNQWLSYK
msa255178.2(91_18RS21)	TQGNVTFSHK	VEVKNEAKVA	SPTQFTLDKG	DRIFDQILT	IEGNQWLSYK
msa255178.2(91_2603)	TQGNVTFSHK	VEVKNEAKVA	SPTQFTLDKG	DRIFDQILT	IEGNQWLSYK
msa255178.2(91_A909)	TQGNVTFSHK	VEVKNEAKVA	SPTQFTLDKG	DRIFDQILT	IEGNQWLSYK
msa255178.2(91_CJB110)	TQGNVTFSHK	VEVKNEAKVA	SPTQFTLDKG	DRIFDQILT	IEGNQWLSYK
msa255178.2(91_H36B)	TQGNVTFSHK	VEVKNEAKVA	SPTQFTLDKG	DRIFDQILT	IEGNQWLSYK
msa255178.2(91_JM9130013)	TQGNVTFSHK	VEVKNEAKVA	SPTQFTLDKG	DRIFDQILT	IEGNQWLSYK
msa255178.2(91_COH1)	TQGNVTFSHK	VEVKNEAKVA	SPTQFTLDKG	DRIFDQILT	IEGNQWLSYK
msa255178.2(91_M781)	TQGNVTFSHK	VEVKNEAKVA	SPTQFTLDKG	DRIFDQILT	IEGNQWLSYK
msa255178.2(91_M732)	TQGNVTFSHK	VEVKNEAKVA	SPTQFTLDKG	DRIFDQILT	IEGNQWLSYK
msa255178.2(91_1169NT)	TQGNVTFSHK	VEVKNEAKVA	SPTQFTLDKG	DRIFDQILT	IEGNQWLSYK
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
	251				300
msa255178.2(91_090)	SFNGVRRFVL	LKASSVEKT	EDKEKVSQPQ	QARITKTGRL	TISNETTTGF
msa255178.2(91_18RS21)	SFNGVRRFVL	LKASSVEKT	EDKEKVSQPQ	QARITKTGRL	TISNETTTGF
msa255178.2(91_2603)	SFNGVRRFVL	LKASSVEKT	EDKEKVSQPQ	QARITKTGRL	TISNETTTGF
msa255178.2(91_A909)	SFNGVRRFVL	LKASSVEKT	EDKEKVSQPQ	QARITKTGRL	TISNETTTGF
msa255178.2(91_CJB110)	SFNGVRRFVL	LKASSVEKT	EDKEKVSQPQ	QARITKTGRL	TISNETTTGF

Table 89: Comparative Sequences relating to SAG1350

msa255178.2{91_H36B}	SFNGVRRFVL	LKASSVEKT	EDKEKVSPQP	QARITKTGRL	TiNETTTGTF
msa255178.2{91_JM9130013}	SFNGVRRFVL	LKASSVEKT	EDKEKVSPQP	QARITKTGRL	TiNETTTGTF
msa255178.2{91_COH1}	SFNGVRRFVL	LKASSVEKT	EDKEKVSPQP	QARITKTGRL	TiNETTTGTF
msa255178.2{91_M781}	SFNGVRRFVL	LKASSVEKT	EDKEKVSPQP	QARITKTGRL	TiNETTTGTF
msa255178.2{91_M732}	SFNGVRRFVL	LKASSVEKT	EDKEKVSPQP	QARITKTGRL	TiNETTTGTF
msa255178.2{91_1169NT}	SFNGVRRFVL	LKASSVEKT	EDKEKVSPQP	QARITKTGRL	TiNETTTGTF
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa255178.2{91_090}	DILITNIKDD	NGIAAVKVPV	WTEQGGQDDI	KWYTAVTGTD	GNYKVAVSFA
msa255178.2{91_18RS21}	DILITNIKDD	NGIAAVKVPV	WTEQGGQDDI	KWYTAVTGTD	GNYKVAVSFA
msa255178.2{91_2603}	DILITNIKDD	NGIAAVKVPV	WTEQGGQDDI	KWYTAVTGTD	GNYKVAVSFA
msa255178.2{91_A909}	DILITNIKDD	NGIAAVKVPV	WTEQGGQDDI	KWYTAVTGTD	GNYKVAVSFA
msa255178.2{91_CJB110}	DILITNIKDD	NGIAAVKVPV	WTEQGGQDDI	KWYTAVTGTD	GNYKVAVSFA
msa255178.2{91_H36B}	DILITNIKDD	NGIAAVKVPV	WTEQGGQDDI	KWYTAVTGTD	GNYKVAVSFA
msa255178.2{91_JM9130013}	DILITNIKDD	NGIAAVKVPV	WTEQGGQDDI	KWYTAVTGTD	GNYKVAVSFA
msa255178.2{91_COH1}	DILITNIKDD	NGIAAVKVPV	WTEQGGQDDI	KWYTAVTGTD	GNYKVAVSFA
msa255178.2{91_M781}	DILITNIKDD	NGIAAVKVPV	WTEQGGQDDI	KWYTAVTGTD	GNYKVAVSFA
msa255178.2{91_M732}	DILITNIKDD	NGIAAVKVPV	WTEQGGQDDI	KWYTAVTGTD	GNYKVAVSFA
msa255178.2{91_1169NT}	DILITNIKDD	NGIAAVKVPV	WTEQGGQDDI	KWYTAVTGTD	GNYKVAVSFA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa255178.2{91_090}	DKHNEKGLYN	IHLYYQEASG	TLVGVTGTVK	TVAGTNSSQE	PIENGLAKTG
msa255178.2{91_18RS21}	DKHNEKGLYN	IHLYYQEASG	TLVGVTGTVK	TVAGTNSSQE	PIENGLAKTG
msa255178.2{91_2603}	DKHNEKGLYN	IHLYYQEASG	TLVGVTGTVK	TVAGTNSSQE	PIENGLAKTG
msa255178.2{91_A909}	DKHNEKGLYN	IHLYYQEASG	TLVGVTGTVK	TVAGTNSSQE	PIENGLAKTG
msa255178.2{91_CJB110}	DKHNEKGLYN	IHLYYQEASG	TLVGVTGTVK	TVAGTNSSQE	PIENGLAKTG
msa255178.2{91_H36B}	DKHNEKGLYN	IHLYYQEASG	TLVGVTGTVK	TVAGTNSSQE	PIENGLAKTG
msa255178.2{91_JM9130013}	DKHNEKGLYN	IHLYYQEASG	TLVGVTGTVK	TVAGTNSSQE	PIENGLAKTG
msa255178.2{91_COH1}	DKHNEKGLYN	IHLYYQEASG	TLVGVTGTVK	TVAGTNSSQE	PIENGLAKTG
msa255178.2{91_M781}	DKHNEKGLYN	IHLYYQEASG	TLVGVTGTVK	TVAGTNSSQE	PIENGLAKTG
msa255178.2{91_M732}	DKHNEKGLYN	IHLYYQEASG	TLVGVTGTVK	TVAGTNSSQE	PIENGLAKTG
msa255178.2{91_1169NT}	DKHNEKGLYN	IHLYYQEASG	TLVGVTGTVK	TVAGTNSSQE	PIENGLAKTG
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa255178.2{91_090}	VYNIIGSTEV	KNEAKISSQT	OFTLEKGDKI	NYDQVLTADG	YQWISYKSYS
msa255178.2{91_18RS21}	VYNIIGSTEV	KNEAKISSQT	OFTLEKGDKI	NYDQVLTADG	YQWISYKSYS
msa255178.2{91_2603}	VYNIIGSTEV	KNEAKISSQT	OFTLEKGDKI	NYDQVLTADG	YQWISYKSYS
msa255178.2{91_A909}	VYNIIGSTEV	KNEAKISSQT	OFTLEKGDKI	NYDQVLTADG	YQWISYKSYS
msa255178.2{91_CJB110}	VYNIIGSTEV	KNEAKISSQT	OFTLEKGDKI	NYDQVLTADG	YQWISYKSYS
msa255178.2{91_H36B}	VYNIIGSTEV	KNEAKISSQT	OFTLEKGDKI	NYDQVLTADG	YQWISYKSYS
msa255178.2{91_JM9130013}	VYNIIGSTEV	KNEAKISSQT	OFTLEKGDKI	NYDQVLTADG	YQWISYKSYS
msa255178.2{91_COH1}	VYNIIGSTEV	KNEAKISSQT	OFTLEKGDKI	NYDQVLTADG	YQWISYKSYS
msa255178.2{91_M781}	VYNIIGSTEV	KNEAKISSQT	OFTLEKGDKI	NYDQVLTADG	YQWISYKSYS
msa255178.2{91_M732}	VYNIIGSTEV	KNEAKISSQT	OFTLEKGDKI	NYDQVLTADG	YQWISYKSYS
msa255178.2{91_1169NT}	VYNIIGSTEV	KNEAKISSQT	OFTLEKGDKI	NYDQVLTADG	YQWISYKSYS
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa255178.2{91_090}	GVRRIIPVKK	LTTSSSEKAKD	EATKPTSYPN	LPKTGTYTFT	KTVDVKSQPK
msa255178.2{91_18RS21}	GVRRIIPVKK	LTTSSSEKAKD	EATKPTSYPN	LPKTGTYTFT	KTVDVKSQPK
msa255178.2{91_2603}	GVRRIIPVKK	LTTSSSEKAKD	EATKPTSYPN	LPKTGTYTFT	KTVDVKSQPK
msa255178.2{91_A909}	GVRRIIPVKK	LTTSSSEKAKD	EATKPTSYPN	LPKTGTYTFT	KTVDVKSQPK
msa255178.2{91_CJB110}	GVRRIIPVKK	LTTSSSEKAKD	EATKPTSYPN	LPKTGTYTFT	KTVDVKSQPK
msa255178.2{91_H36B}	GVRRIIPVKK	LTTSSSEKAKD	EATKPTSYPN	LPKTGTYTFT	KTVDVKSQPK
msa255178.2{91_JM9130013}	GVRRIIPVKK	LTTSSSEKAKD	EATKPTSYPN	LPKTGTYTFT	KTVDVKSQPK
msa255178.2{91_COH1}	GVRRIIPVKK	LTTSSSEKAKD	EATKPTSYPN	LPKTGTYTFT	KTVDVKSQPK
msa255178.2{91_M781}	GVRRIIPVKK	LTTSSSEKAKD	EATKPTSYPN	LPKTGTYTFT	KTVDVKSQPK
msa255178.2{91_M732}	GVRRIIPVKK	LTTSSSEKAKD	EATKPTSYPN	LPKTGTYTFT	KTVDVKSQPK
msa255178.2{91_1169NT}	GVRRIIPVKK	LTTSSSEKAKD	EATKPTSYPN	LPKTGTYTFT	KTVDVKSQPK
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****
msa255178.2{91_090}	VSSPVVFNFO	KGEKIHYDQV	LVVDGHQWIS	YKSYSGIRRY	IEI
msa255178.2{91_18RS21}	VSSPVVFNFO	KGEKIHYDQV	LVVDGHQWIS	YKSYSGIRRY	IEI
msa255178.2{91_2603}	VSSPVVFNFO	KGEKIHYDQV	LVVDGHQWIS	YKSYSGIRRY	IEI
msa255178.2{91_A909}	VSSPVVFNFO	KGEKIHYDQV	LVVDGHQWIS	YKSYSGIRRY	IEI
msa255178.2{91_CJB110}	VSSPVVFNFO	KGEKIHYDQV	LVVDGHQWIS	YKSYSGIRRY	IEI
msa255178.2{91_H36B}	VSSPVVFNFO	KGEKIHYDQV	LVVDGHQWIS	YKSYSGIRRY	IEI
msa255178.2{91_JM9130013}	VSSPVVFNFO	KGEKIHYDQV	LVVDGHQWIS	YKSYSGIRRY	IEI
msa255178.2{91_COH1}	VSSPVVFNFO	KGEKIHYDQV	LVVDGHQWIS	YKSYSGIRRY	IEI
msa255178.2{91_M781}	VSSPVVFNFO	KGEKIHYDQV	LVVDGHQWIS	YKSYSGIRRY	IEI
msa255178.2{91_M732}	VSSPVVFNFO	KGEKIHYDQV	LVVDGHQWIS	YKSYSGIRRY	IEI
msa255178.2{91_1169NT}	VSSPVVFNFO	KGEKIHYDQV	LVVDGHQWIS	YKSYSGIRRY	IEI
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****